

## WYKORZYSTANIE GENETYKI MOLEKULARNEJ W DOSKONALENIU CECH JAKOŚCI TUSZY I MIĘSA ŚWIŃ

Anna Antonyk<sup>1</sup>, Thierry Van De Wetering<sup>2</sup>, Arkadiusz Terman<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie, Katedra Genetyki,  
Al. Piastów 45, 70-311 Szczecin

<sup>2</sup>Pomorski Uniwersytet Medyczny w Szczecinie, Zakład Genomiki i Genetyki Sądowej,  
ul. Powstańców Wielkopolskich 72, 70-111 Szczecin



Anna Antonyk: 0000-0001-8936-2953

Thierry Van De Wetering: 0000-0002-3910-649X

Arkadiusz Terman: 0000-0003-0724-2128

### Abstrakt

*Wieprzowina jest częstym wyborem konsumentów w asortymencie mięsnym. Według najnowszych doniesień, popyt na mięso wieprzowe wciąż wzrasta, a w Polsce jego spożycie osiąga nawet 45 kg/os. rocznie. Obecnie konsumenci preferują produkty mięsne wysokiej jakości, które charakteryzują się przede wszystkim tzw. prozdrowotnością. Na jakość wieprzowiny wpływa nie tylko prowadzona praca hodowlana, lecz także założenia genetyczne związane z planowym doбором zwierząt i zarządzaniem ich rozrodem, ukierunkowane na uzyskanie potomstwa o pożądanym cechach produkcyjnych, zdrowotnych i użytkowych, a także czynniki środowiskowe. Należą do nich metody produkcji trzody chlewnej, które stanowią jeden z kluczowych czynników determinujących jakość świeżego mięsa wieprzowego. Obejmują one zarówno systemy utrzymania zwierząt, jak i strategie żywieniowe, które wpływają na właściwości technologiczne, sensoryczne oraz wartość odżywczą mięsa. Systemy utrzymania świń, w tym intensywne i ekstensywne, różnią się istotnie pod względem wpływu na jakość mięsa. Produkcja intensywna zapewnia wysoką wydajność, jednak może wiązać się z większym ryzykiem stresu i pogorszenia jakości mięsa. Z kolei systemy ekstensywne oraz wykorzystanie ras lokalnych często prowadzą do uzyskania mięsa o wyższej zawartości tłuszczu śródmięśniowego (IMF), wyższym pH oraz lepszych cechach sensorycznych. Dostęp do wybiegów, większa przestrzeń bytowa oraz naturalne warunki środowiskowe wpływają na aktywność zwierząt, co przekłada się na strukturę mięśni i jakość mięsa. Jednocześnie podkreśla się, że efekty te nie są jednoznaczne i zależą od wielu czynników środowiskowych i genetycznych. Badania wskazują również, że lokalne rasy świń, mimo niższej wydajności produkcyjnej, mogą dostarczać surowca o wysokiej jakości technologicznej i sensorycznej. Poprzez zastosowanie rygorystycznej selekcji i odpowiedniego kojarzenia osobników produkcja wieprzowiny znacznie wzrosła. Badania genetyczne znacząco przyczyniają się do doskonalenia jakości mięsa wieprzowego, a w szczególności składu chemicznego. Wykrywanie genów, które mogą stać się markerami genetycznymi oraz znajomość wpływu czynników zewnętrznych poszerzają wiedzę na temat wzrostu i rozwoju mięśni. Stanowi to wsparcie dla hodowców w zaspokajaniu aktualnych potrzeb konsumentów na produkcję wysokiej jakości mięsa wieprzowego.*

*Słowa kluczowe: wieprzowina, jakość mięsa, SNP, QTL*

## Wstęp

Mięso wieprzowe stanowi jedno z podstawowych źródeł białka zwierzęcego w diecie człowieka, charakteryzując się wysoką wartością biologiczną oraz korzystnym profilem aminokwasowym. Zawartość białka w świeżym mięsie wieprzowym wynosi przeciętnie 25–27 g/100 g produktu, co potwierdzają dane żywieniowe USDA (USDA, 2023). W aspekcie mineralnym mięso wieprzowe dostarcza istotnych ilości makro- i mikroelementów. Zawartość potasu wynosi około 350–550 mg/100 g, fosforu 200–240 mg/100 g, magnezu 20–30 mg/100 g oraz wapnia 7–20 mg/100 g, przy czym wartości te zależą od rodzaju elementu tuszy oraz stopnia odtłuszczenia (USDA, 2023; Lawrie i Ledward, 2006).

Mięso wieprzowe jest również istotnym źródłem tiaminy (witamina B1), której zawartość wynosi około 0,5–0,7 mg/100 g, co czyni je jednym z najbogatszych źródeł tej witaminy wśród mięs czerwonych (Toldrá, 2022). Tiamina pełni kluczową rolę w metabolizmie węglowodanów oraz funkcjonowaniu układu nerwowego. Zawartość cholesterolu w mięsie wieprzowym wynosi średnio 60–90 mg/100 g, w zależności od części tuszy i zawartości tłuszczu śródmięśniowego (Wood i in, 2008; USDA, 2023). Współczesne badania wskazują, że umiarkowane spożycie chudego mięsa wieprzowego nie wiąże się jednoznacznie z negatywnym wpływem na profil lipidowy u zdrowych osób (Wyness, 2016). Mięso wieprzowe dostarcza także żelaza hemowego, cynku oraz seleny, które charakteryzują się wysoką biodostępnością w porównaniu z produktami roślinnymi (FAO, 2022). Składniki te odgrywają istotną rolę w procesach odpornościowych oraz funkcjonowaniu enzymów antyoksydacyjnych.

Ze względu na cechy użytkowe istotne z punktu widzenia hodowli, takie jak wysoka plenność oraz duża wydajność mięsa uzyskiwana z jednego osobnika, mięso wieprzowe stanowi istotny składnik światowego zaopatrzenia w mięso (Vicente i Pereira, 2024). Globalna produkcja trzody chlewnej stanowi istotny element światowego łańcucha dostaw mięsa, obejmującego hodowlę, tuczenie, ubój oraz przetwórstwo. Wieprzowina stanowi około 33% całkowitego spożycia mięsa na świecie, przy czym jej konsumpcja wykazuje zróżnicowanie regionalne. W ostatnich latach obserwuje się wzrost zainteresowania konsumentów jakością mięsa, co wiąże się z poprawą standardu życia oraz rosnącą świadomością prozdrowotną.

W procesie wyboru wieprzowiny kluczowe znaczenie mają cechy sensoryczne, takie jak wygląd, smak i zapach, które determinują decyzje zakupowe konsumentów. Poprawa jakości mięsa wieprzowego może wpływać na wzrost jego atrakcyjności rynkowej oraz poziomu spożycia. W konsekwencji stanowi to istotny czynnik determinujący kierunki doskonalenia produkcji trzody chlewnej ukierunkowane na uzyskanie surowca o wysokiej jakości (Lebret i Čandek-Potokar, 2022).

Od wielu lat naukowcy zmagają się z identyfikacją loci cech ilościowych (ang. QTL – *quantitative trait loci*) i markerów genetycznych, wykorzystując badania asocjacji całego genomu (GWAS). Zmagania te umożliwiły rozróżnienie genetycznych podstaw takich cech jak pH i kolor mięsa. Szeroko stosowane badania asocjacji całego genomu umożliwiają wykrywanie powiązań genotypów z fenotypami poprzez testowanie różnic w częstości alleli polimorfizmów pojedynczego nukleotydu (SNP) występującymi pomiędzy badanymi osobnikami. Badania genetyczne odgrywają istotną rolę w doskonaleniu jakości mięsa wieprzowego, szczególnie w zakresie jego składu chemicznego. Identyfikacja genów kandydackich oraz markerów genetycznych, a także analiza wpływu czynników środowiskowych, pozwala na lepsze poznanie mechanizmów regulujących wzrost i rozwój tkanki mięśniowej. Uzyskana wiedza stanowi istotne wsparcie dla hodowców w dostosowywaniu produkcji do zmieniających się wymagań konsumentów w skali globalnej (Zhuang i in., 2022).

Wyniki aktualnych badań wskazują również na zróżnicowaną odpowiedź organizmu na źródło białka w diecie. Spożycie białek roślinnych, takich jak soja czy pszenica, może wiązać się ze słabszą stymulacją syntezy białek mięśniowych w porównaniu z białkami pocho-

dzienia zwierzęcego. W tym kontekście wieprzowina jako źródło pełnowartościowego białka o wysokiej biodostępności stanowi nadal istotny element diety człowieka (Vissamsetti i in., 2023).

## Cechy jakości mięsa

Do wskaźników jakości wieprzowiny należą barwa, kruchość, wartość pH, wyciek naturalny (*drip loss*), smak, marmurkowatość, a także soczystość. Do niezbędnych składników odżywczych i smakowych mięsa zaliczamy aminokwasy. Preferencje konsumentów dotyczące wieprzowiny wynikają przede wszystkim z cech sensorycznych mięsa, takich jak kruchość, soczystość i smak, które są pośrednio związane z jego składem chemicznym, w tym zawartością tłuszczu śródmięśniowego (IMF) oraz charakterystyką włókien mięśniowych. Mięso o wyższej zawartości IMF oraz korzystniejszej strukturze włókien mięśniowych jest zazwyczaj oceniane jako bardziej akceptowalne sensorycznie. Jednocześnie zwiększona gęstość włókien mięśniowych może być związana z obniżeniem barwy mięsa (mniejszym zaczerwienieniem) oraz jego twardości (Chen i in., 2024). Jedną z istotnych cech produkcyjnych świń jest poziom otluszczenia tuszy, który pozostaje w ścisłym związku z jakością mięsa oraz użytkowością tuczną. W literaturze wykazano, że zawartość mięsa chudego jest ujemnie skorelowana z cechami otluszczenia, co oznacza, że wraz ze wzrostem umięśnienia obserwuje się spadek udziału tłuszczu w tuszy (Ropka-Molik i in., 2020). Zbyt niska zawartość IMF może prowadzić do pogorszenia cech technologicznych i konsumenckiej akceptacji mięsa, natomiast jej odpowiedni poziom jest uznawany za korzystny z punktu widzenia jakości produktu końcowego (Hussain i Khan, 2017).

Współczesne programy hodowlane świń są w dużym stopniu ukierunkowane na zwiększenie mięsności tusz, co może prowadzić do zmian w strukturze populacji genetycznej, w tym do wzrostu udziału określonych linii hodowlanych oraz ograniczenia zmienności genetycznej w obrębie wybranych cech produkcyjnych. Zjawiska te są konsekwencją długotrwałej selekcji fenotypowej i genetycznej, jednak ich zakres oraz wpływ na różnorodność genetyczną zależą od stosowanego programu hodowlanego i jego założeń (Ropka-Molik i in., 2020).

Barwa mięsa jest jedną z podstawowych cech jakościowych ocenianych przez konsumentów i stanowi istotny czynnik wpływający na akceptację oraz ocenę świeżego mięsa wieprzowego. Zmienność barwy mięsa wynika głównie z procesów biochemicznych zachodzących po uboju, w tym tempa spadku pH, stopnia utlenienia mioglobiny oraz warunków przechowywania. W związku z tym podejmowane są działania ukierunkowane na stabilizację barwy oraz ograniczenie występowania niepożądanych zmian powierzchniowych, takich jak odbarwienia, które mogą obniżać atrakcyjność handlową mięsa wieprzowego (Nery da Silva i in., 2021; Gagaoua i in., 2023a).

Ocena barwy mięsa w badaniach naukowych oraz praktyce technologicznej najczęściej prowadzona jest w systemie CIE  $L^*a^*b^*$ , który umożliwia obiektywny opis barwy w przestrzeni trójwymiarowej. System ten obejmuje trzy parametry:  $L^*$ ,  $a^*$  oraz  $b^*$ , z których każdy opisuje inny aspekt percepcji barwy mięsa.

Parametr  $L^*$  (jasność) określa stopień jasności mięsa i jest silnie powiązany z jego właściwościami fizykochemicznymi, w tym końcowym pH oraz zdolnością utrzymywania wody. Wyższe wartości  $L^*$  wskazują na mięso jaśniejsze, natomiast niższe na ciemniejsze. Parametr ten jest często wykorzystywany jako wskaźnik odchyleń jakościowych mięsa wieprzowego (np. PSE lub DFD) (Gagaoua i in., 2023b).

Parametr  $a^*$  opisuje udział składowej czerwono-zielonej, przy czym wyższe wartości  $a^*$  odpowiadają bardziej intensywnej czerwieni mięsa. Wartość ta jest ściśle związana z zawartością mioglobiny oraz jej stanem chemicznym, w tym proporcją oksy- i metmioglobiny, które determinują ostateczną barwę mięsa (Gagaoua i in., 2023b; Poveda-Arteaga i in., 2023).

Parametr  $b^*$  odnosi się do składowej żółto-niebieskiej i może być modyfikowany przez skład lipidowy mięsa, procesy oksydacyjne oraz warunki przechowywania i obróbki technologicznej. Wzrost wartości  $b^*$  wskazuje na przesunięcie barwy w kierunku żółci, co może być związane z postępującą oksydacją lipidów i białek mięśniowych (Gagaoua i in., 2023a, b). W związku z tym system  $L^*a^*b^*$  stanowi jedno z podstawowych narzędzi obiektywnej oceny barwy mięsa, umożliwiając jej powiązanie z procesami biochemicznymi zachodzącymi w tkance mięśniowej po uboju.

Jedną z istotnych cech jakości mięsa jest jego wodochłonność, określana jako zdolność do zatrzymywania wody (WHC, *water-holding capacity*). W przypadku mięsa wieprzowego parametr ten odnosi się do zdolności tkanki mięśniowej do utrzymywania wody w warunkach oddziaływania czynników technologicznych, takich jak cięcie, mielenie czy obróbka termiczna. WHC stanowi jeden z kluczowych wskaźników jakości mięsa, ponieważ wpływa na jego wygląd, soczystość, teksturę oraz wydajność technologiczną przetwarzania mięsa, rozumianą jako ilość produktu końcowego uzyskanego z określonej masy surowca (Kim i in., 1995; de Sousa Reis i in., 2023). Wysoka wartość WHC jest pożądana, gdyż ogranicza straty masy związane z wyciekami wody oraz poprawia soczystość i akceptację sensoryczną mięsa (Kim i in., 1995). Do czynników wpływających na wodochłonność zaliczamy kwasowość. Wyższe pH po uboju jest dodatnio skorelowane z wodochłonnością, co oznacza, że mięso o wyższym pH zawiera więcej wody (Xiao-ling i in., 2009). Niskie pH może powodować denaturację białek, w konsekwencji zmniejszając wodochłonność (Joo, 2018). W trakcie procesu dojrzewania mięsa jego wodochłonność zwykle spada bezpośrednio po uboju, ale może wzrosnąć wraz ze dojrzewaniem mięsa w wyniku rozkładu białek cytoszkieletu, co pozwala na ponowne wchłanianie wody do włókien mięśniowych (Kristensen i in., 2001). Struktura mięśni, a za tym idąca degradacja białek cytoszkieletu w miarę upływu czasu po uboju poprawia wodochłonność mięsa, ponieważ połączenia utrzymujące wodę poza włóknami mięśniowymi ulegają rozpadowi, co sprzyja ponownemu wchłanianiu (Kristensen i in., 2001). Obniżona wodochłonność mięsa wiąże się z występowaniem mięsa typu PSE (pale, soft, exudative), które charakteryzuje się niskim pH, jasną barwą oraz zwiększonym wyciekami, co skutkuje pogorszeniem jego jakości technologicznej i sensorycznej. W odniesieniu do zależności między parametrami jakości mięsa, wykazano, że w obrębie pojedynczej tuszy wieprzowej wodochłonność (WHC) może nie wykazywać istotnych zmian wraz z barwą mięsa. Jednak w porównaniach między różnymi tuszami obserwuje się tendencję do ujemnej korelacji pomiędzy WHC a jasnością mięsa (wartość  $L^*$ ), gdzie jaśniejsze mięso charakteryzuje się niższą zdolnością utrzymywania wody (Xiao-ling i in., 2009).

Istotnym determinantem jakości mięsa wieprzowego jest zawartość tłuszczu śródmięśniowego (IMF, *intramuscular fat*), który wpływa na cechy sensoryczne, takie jak kruchość, soczystość, smakowitość oraz ogólna akceptacja konsumencka. IMF oddziałuje również na właściwości technologiczne mięsa, w tym zdolność utrzymywania wody oraz strukturę tkanki mięśniowej (Lebret i Čandek-Potokar, 2022; Listrat i in., 2020). Z punktu widzenia jakości sensorycznej mięsa wieprzowego za zakres optymalny IMF najczęściej uznaje się 2,5–3,5%, przy czym wartości poniżej 2% mogą prowadzić do pogorszenia kruchości i suchości mięsa, natomiast poziomy powyżej 4% mogą być postrzegane negatywnie przez część konsumentów ze względu na nadmierną tłustość produktu (Fernandez i in., 2021; FAO, 2022). Poziom IMF wykazuje istotne zróżnicowanie pomiędzy rasami i typami użytkowymi świń. W nowoczesnych liniach hodowlanych typu mięsnego, takich jak rasy pietrain czy duroc  $\times$  linie terminalne, zawartość IMF zazwyczaj mieści się w zakresie 1,0–2,5%, co wynika z intensywnej selekcji ukierunkowanej na wysoką mięsność tuszy (Wood i in., 2008). Rasy takie jak landrace i large white charakteryzują się umiarkowanym poziomem IMF (około 1,5–3,0%), przy jednoczesnej wysokiej wydajności rzeźnej. Z kolei rasy lokalne i tradycyjne, np. rasy czyste lub autochtoniczne populacje europejskie, mogą wykazywać znacznie wyższy poziom IMF, się-

gający 3–7%, a nawet powyżej 8%, co wiąże się z lepszymi cechami sensorycznymi mięsa, ale niższą efektywnością produkcyjną (Čandek-Potokar i in., 2022; Pugliese i Sirtori, 2021). Wykazano, że IMF jest cechą o złożonej determinacji genetycznej, silnie powiązaną z metabolizmem lipidów oraz genami regulującymi adipogenezę. Jednocześnie korelacje genetyczne pomiędzy cechami otluszczenia a składem kwasów tłuszczowych wskazują, że selekcja ukierunkowana wyłącznie na zwiększenie mięsności może prowadzić do obniżenia IMF i pogorszenia jakości sensorycznej mięsa (Zhang i in., 2021; Listrat i in., 2020). Dlatego też IMF stanowi jeden z kluczowych parametrów uwzględnianych w nowoczesnych programach hodowlanych, które coraz częściej dążą do kompromisu pomiędzy wydajnością produkcyjną a jakością sensoryczną mięsa wieprzowego.

Tabela 1. Zależność między typem/rasą świń, a zawartością tłuszczu śródmięśniowego (IMF) oraz cechami jakości mięsa  
Table 1. Relationship between pig type/breed, intramuscular fat (IMF) content and meat quality traits

| Typ/rasa świń<br>Pig type/breed                                                      | Przykłady<br>Examples                                                                   | Zawartość IMF (%)<br>IMF content (%) | Charakterystyka jakości mięsa<br>Meat quality characteristics                                                                                                                     | Piśmiennictwo<br>References                          |
|--------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------|
| Linie mięsne – intensywna selekcja<br>Meat lines – intensive selection               | pietrain, linie terminalne*<br>Pietrain, terminal lines*                                | 1,0–2,0                              | wysoka mięsność, niższa kruchość i soczystość, ryzyko występowania mięsa suchego<br>high lean meat content, lower tenderness and juiciness, risk of dry meat                      | Wood i in., 2008; Lebreton i Čandek-Potokar, 2022    |
| Rasy komercyjne – średnia mięsność<br>Commercial breeds – moderate lean meat content | landrace, large white                                                                   | 1,5–3,0                              | zrównoważona jakość technologiczna i sensoryczna<br>balanced technological and sensory quality                                                                                    | Fernandez i in., 2021                                |
| Rasy typu duroc<br>Duroc-type breeds                                                 | Duroc                                                                                   | 2,5–4,0                              | wyższa marmurkowatość, lepsza kruchość i smakowitość<br>higher marbling, improved tenderness and palatability                                                                     | Listrat i in., 2020; Wood i in., 2008                |
| Rasy lokalne i tradycyjne<br>Local and traditional breeds                            | mangalica, iberian, rasy autochtoniczne**<br>Mangalica, Iberian, autochthonous breeds** | 3,0–7,0 (>8,0)                       | wysoka jakość sensoryczna, intensywna marmurkowatość, niższe tempo wzrostu i wydajność tuczna<br>high sensory quality, intensive marbling, lower growth and fattening performance | Čandek-Potokar i in., 2022; Pugliese i Sirtori, 2021 |

\* Linie terminalne – linie hodowlane wykorzystywane głównie do produkcji tuczników o wysokiej mięsności.

\* Terminal lines – breeding lines used mainly for the production of high-lean fattening pigs.

\*\* Rasy autochtoniczne – lokalne, rodzime rasy świń objęte programami ochrony zasobów genetycznych.

\*\* Autochthonous breeds – local native pig breeds included in genetic resource conservation programmes.

Współczesne programy hodowlane trzody chlewnej opierają się na intensywnym wykorzystaniu krzyżowania towarowego, którego celem jest uzyskanie tuczników o wysokiej mięsności, szybkim tempie wzrostu oraz korzystnych parametrach jakości mięsa. W systemach tych szczególną rolę pełnią linie terminalne, określane jako komponent ojcowski, wykorzystywane do poprawy cech tucznych i rzeźnych potomstwa (Lujka i in., 2021).

W polskich programach hodowlanych funkcję komponentu matecznego pełnią głównie wielka biała polska oraz polska biała zwisłoucha, natomiast jako rasy terminalne najczęściej wykorzystuje się pietrain i duroc. Rasy te odznaczają się wysoką wartością użytkową rzeźną oraz dobrą efektywnością wykorzystania paszy (Radko i in., 2023). Badania przeprowadzone przez Lujkę i in. (2021) wykazały, że zastosowanie knurów ras duroc i pietrain istotnie wpływało na masę ciała prosiąt oraz tempo ich wzrostu już we wczesnym okresie odchowu. Autorzy podkreślili, że komponent ojcowski może w znaczący sposób determinować efektywność produkcyjną potomstwa. W badaniach dotyczących jakości tusz tuczników wykazano, że mieszańce po knurach pietrain osiągały najwyższą mięsność tuszy, natomiast

wykorzystanie rasy duroc poprawiało cechy jakości mięsa, zwłaszcza zawartość tłuszczu śródmięśniowego i parametry sensoryczne (Polovinski-Horvatić i in., 2023).

Coraz większe znaczenie we współczesnej hodowli świń przypisuje się również selekcji genomicznej i analizie markerów genetycznych. Badania Babicza i in. (2022) wskazują, że polimorfizm genu hormonu wzrostu (*GH/HaeII*) może wpływać na stopień umięśnienia oraz cechy jakości mięsa u mieszańców z udziałem ras świń: wielkiej białej polskiej, polskiej białej zwisłouchej, duroc i pietrain.

Zachowanie zmienności genetycznej ras rodzimych stanowi istotny element współczesnych programów ochrony zasobów genetycznych zwierząt gospodarskich. Badania Radko i in. (2023) wykazały wyraźną odrębność genetyczną rasy puławskiej względem ras komercyjnych, co może wskazywać na jej znaczenie w utrzymaniu cennych cech adaptacyjnych. Współczesne kierunki doskonalenia linii terminalnych obejmują nie tylko poprawę mięsności i tempa wzrostu, lecz również zwiększenie odporności zwierząt, ograniczenie podatności na stres oraz poprawę jakości technologicznej mięsa. Szczególne znaczenie przypisuje się eliminacji genu *RYR1* odpowiedzialnego za występowanie wad mięsa typu PSE, zwłaszcza w populacjach rasy pietrain (Djurkin Kušec i in., 2021).

## Czynniki wpływające na jakość mięsa świń

Początkowo selekcja świń opierała się głównie na ocenie fenotypu, obejmującej analizę cech pokrojowych oraz użytkowych poszczególnych osobników. Na podstawie tych obserwacji dokonywano wyboru zwierząt o pożądanых cechach produkcyjnych i rozplodowych, co prowadziło do stopniowego zwiększania częstości korzystnych alleli w populacji. Metoda ta charakteryzowała się jednak ograniczoną efektywnością, wynikającą przede wszystkim z niskiej dokładności oceny wartości hodowlanej młodych zwierząt oraz istotnego wpływu czynników środowiskowych na ekspresję cech ilościowych (Dekkers, 2012; Goddard i Hayes, 2009). Wraz z rozwojem genetyki molekularnej selekcja fenotypowa została uzupełniona, a następnie w dużej mierze zastąpiona przez selekcję genomową, opartą na informacjach o markerach DNA rozmieszczonych w całym genomie. Umożliwiło to wyznaczanie genomowej wartości hodowlanej (GEBV – *genomic estimated breeding value*) z wykorzystaniem modeli statystycznych, takich jak BLUP (best linear unbiased prediction) i jego rozszerzenia genomiczne. Wprowadzenie selekcji genomowej istotnie zwiększyło dokładność oceny wartości hodowlanej, szczególnie u osobników w młodym wieku oraz przyczyniło się do przyspieszenia postępu genetycznego w populacjach świń (Meuwissen i in., 2001; Knol i in., 2016).

Współczesne programy hodowlane trzody chlewnej wykorzystują metody oparte na danych genomowych, w tym modele wielocechowe oraz analizy wielopopulacyjne, co pozwala na zwiększenie dokładności predykcji wartości hodowlanej oraz efektywniejsze zarządzanie zmiennością genetyczną w stadach hodowlanych (Wang i in., 2024; Yin i in., 2024). Zastosowanie selekcji genomowej umożliwia również bardziej precyzyjną kontrolę poziomu inbrodu oraz optymalizację doboru osobników rodzicielskich w liniach komercyjnych (Su i in., 2025). Szczególne znaczenie selekcja genomowa odgrywa w doskonaleniu linii terminalnych świń, w których główny nacisk kładzie się na poprawę cech tucznych, mięsności oraz parametrów jakości tuszy, przy jednoczesnym zachowaniu wysokiej efektywności produkcyjnej (Sharif-Islam i in., 2024). W ostatnich latach o wiele bardziej zwiększył się dobrostan zwierząt, które w rezultacie ma pozytywny wpływ na jakość produktu, bezpieczeństwo żywności i zdrowie konsumentów (Casal i in., 2019). Coraz więcej danych pokazuje, że składniki odżywcze i składniki bioaktywne w diecie wpływają na metabolizm energetyczny mięśni, brązowienie białej tkanki tłuszczowej i dystrybucję tłuszczu oraz skład typu włókien mięśniowych u ludzi i gryzoni. Niedawno niektóre badania wykazały, że modulacja metabolizmu

energetycznego mięśni i akumulacji lipidów poprzez podejście żywieniowe może skutecznie poprawić jakość mięsa (Yan i in., 2023). Dzięki połączeniu systemu identyfikacji radiowej (RFID) ze stacjami żywienia elektronicznego (EFS) hodowcy są w stanie monitorować zachowania żywieniowe poszczególnych tuczników, które można mierzyć na przykład w zakresie dziennego pobrania paszy (kg), czy dziennego czasu trwania karmienia (s). System ten pomaga tworzyć zmienne odzwierciedlające dobowe wzorce zachowania żywieniowego zwierząt, w tym proporcję spożycia uzyskanego w nocy oraz rytm dobowy (Bus i in., 2024). Do najważniejszych cech ekonomicznych świń zalicza się rozwój masy mięśni szkieletowych, który w istotny sposób determinuje wydajność rzeźną oraz ilość uzyskiwanego mięsa wieprzowego z tuszy. Intensywność wzrostu i rozwoju tkanki mięśniowej stanowi jeden z kluczowych czynników warunkujących efektywność produkcji żywca wieprzowego, a tym samym wpływa na wielkość podaży mięsa wieprzowego na rynku. W literaturze podkreśla się, że cechy związane z umięśnieniem są silnie uwarunkowane genetycznie i stanowią podstawowy cel selekcji w kierunku poprawy wartości użytkowej świń rzeźnych (Mohammadabadi i in., 2021).

Wraz z rozwojem genetyki i dostępnością technik biologii molekularnej selekcja zwierząt gospodarskich została rozszerzona z podejścia opartego wyłącznie na ocenie fenotypowej na selekcję uwzględniającą informacje genotypowe. Selekcja fenotypowa opierała się na ocenie cech użytkowych, takich jak umięśnienie, tempo wzrostu oraz wydajność rzeźna. Obecnie stosowane podejście obejmuje analizę markerów DNA oraz wariantów genetycznych związanych z cechami produkcyjnymi, co umożliwia dokładniejszą ocenę potencjału hodowlanego zwierząt. Integracja danych fenotypowych i genotypowych stanowi podstawę współczesnych metod oceny wartości hodowlanej i selekcji zwierząt (Rexroad i in., 2019).

W identyfikacji genetycznych uwarunkowań cech jakości mięsa istotną rolę odgrywają geny kandydujące, które są bezpośrednio lub pośrednio związane z fenotypową ekspresją cech produkcyjnych. W podejściu bezpośrednim analizuje się geny o znanej funkcji biologicznej, wynikającej z ich udziału w procesach fizjologicznych i biochemicznych, takich jak rozwój tkanki mięśniowej czy metabolizm lipidów.

Z kolei podejście pośrednie opiera się na identyfikacji pozycyjnych genów kandydujących, zlokalizowanych w obrębie loci cech ilościowych (QTL). W tym przypadku wykorzystuje się mapowanie genetyczne w celu wyznaczenia regionów genomu powiązanych z określonymi cechami, a następnie identyfikuje się potencjalne geny odpowiedzialne za ich zmienność (Wang i in., 2013). Rozwój wysokoprzepustowych metod analizy genomu, takich jak sekwencjonowanie nowej generacji (NGS) oraz badania asocjacyjne całego genomu (GWAS), umożliwia bardziej efektywną identyfikację zmienności genetycznej leżącej u podstaw cech fenotypowych (Ropka-Molik i in., 2020).

Polimorfizmy pojedynczych nukleotydów (SNP) stanowią jedne z najczęściej wykorzystywanych markerów molekularnych w analizach asocjacyjnych całego genomu oraz w badaniach genów kandydujących. Wynika to z ich wysokiej liczebności w genomie oraz stosunkowo łatwego i wysokoprzepustowego genotypowania. W badaniach tych wykorzystuje się analizy asocjacyjne genotyp–fenotyp, których celem jest estymacja efektów wariantów allelicznych oraz identyfikacja zależności pomiędzy określonymi polimorfizmami SNP a cechami użytkowymi, takimi jak wydajność rzeźna, tempo wzrostu czy jakość mięsa. Integracja podejścia opartego na genach kandydujących z technikami genotypowania wysokoprzepustowego umożliwia identyfikację wariantów genetycznych istotnie związanych z cechami produkcyjnymi. Zastosowanie tych metod przyczynia się do zwiększenia dokładności selekcji oraz przyspieszenia postępu genetycznego w hodowli zwierząt gospodarskich (Karisa i in., 2013; Antonyk i in., 2025).

## Markery genetyczne

Przez wiele lat jednym z najistotniejszych markerów genetycznych w hodowli świń był recesywny allel genu *RYR1*, związany z wrażliwością na stres. Osobniki posiadające ten allel wykazują zaburzoną odpowiedź fizjologiczną na czynniki stresowe, obejmującą m.in. zmiany w regulacji hormonalnej oraz reakcjach immunologicznych, takich jak aktywność komórek NK i produkcja cytokin (Fujii i in., 1991; Ciepielewski i in., 2016).

Istotne znaczenie w doskonaleniu cech użytkowych świń ma również polimorfizm genu *IGF2*, zlokalizowany w intronie 3, który jest silnie związany z rozwojem tkanki mięśniowej. Wykorzystywany jest on w programach hodowlanych jako marker selekcyjny cech tuszy, takich jak udział mięsa chudego oraz tempo wzrostu masy mięśniowej (Burgos i in., 2012; Wang i in., 2023). Inne ważne dla hodowli świń polimorfizmy genetyczne zlokalizowano w genach *CAST*, *PRKAG3*, *LEPR*, *MC4R* oraz *IGF2*. Wskazane geny wykazują udokumentowany wpływ na cechy związane z zawartością i dystrybucją tłuszczu w tuszy wieprzowej oraz jakości mięsa wieprzowego (Rohrer i in., 2012; López-Buesa i in., 2014). Ekspresja genów takich jak *CAST*, *COL1A1*, *ADIPOQ* odpowiada za cechy jakościowe, jak utrata wody, zawartość tłuszczu czy tekstura, a różnice między liniami genetycznymi wpływają na te parametry (Gomes i in., 2025).

Cechy jakości mięsa u świń są determinowane przez złożone interakcje wielu loci obejmujących metabolizm lipidów, przemiany energetyczne mięśni oraz procesy proteolityczne zachodzące w okresie poubojowym. Wyniki niniejszej pracy potwierdzają poligeniczny charakter tych cech oraz dominujący udział sygnałów asocjacyjnych identyfikowanych w badaniach GWAS.

W zakresie metabolizmu lipidów kluczową rolę odgrywa *SCD* kodujący enzym katalizujący przekształcanie kwasów tłuszczowych nasyconych w jednonienasycone (MUFA). Zgodnie z wynikami Kim i in. (2024) zmienność tego genu wpływa na profil kwasów tłuszczowych mięsa poprzez modulację udziału jednonienasyconych kwasów tłuszczowych, co przekłada się na właściwości jakościowe lipidów mięśniowych.

Cechy związane z zawartością tłuszczu śródmięśniowego (IMF) oraz otłuszczeniem tuszy są regulowane przez regiony genomowe powiązane z adipogenezą i metabolizmem energetycznym. Wyniki GWAS (Wang i in., 2023; Gomes i in., 2025) wskazują, że zmienność tych regionów może istotnie wpływać na akumulację lipidów w tkance mięśniowej, jednak obserwowane efekty mają charakter asocjacyjny.

Kruchość mięsa pozostaje cechą silnie zależną od aktywności układu proteolitycznego. Gen *CAST* pełni funkcję kluczowego inhibitora kalpain, regulując tempo degradacji białek miofibrilarnych w okresie dojrzewania mięsa (Ciobanu i in., 2004). Wpływa to bezpośrednio na końcową kruchość produktu.

Cechy poubojowe związane z wartością pH mięsa są determinowane przez geny uczestniczące w metabolizmie glikogenu oraz regulacji energetycznej mięśni. W szczególności regiony obejmujące *PRKAG3* zostały powiązane ze zmianami tempa spadku pH oraz podatnością mięsa na defekty jakościowe (Milan i in., 2000; Verardo i in., 2017).

Barwa mięsa stanowi cechę złożoną, determinowaną przez interakcje wielu procesów metabolicznych i strukturalnych. Analizy GWAS wskazują na udział regionów genomowych związanych z metabolizmem mięśniowym oraz odpowiedzią na stres oksydacyjny (Liu i in., 2024; Wang i in., 2023). Jednak brak jednoznacznej walidacji funkcjonalnej ogranicza możliwość przypisania bezpośrednich efektów biologicznych poszczególnym wariantom.

Wyciek naturalny jest cechą wielogenową, wynikającą z zaburzeń homeostazy wodno-elektrolitowej oraz zmian strukturalnych włókien mięśniowych w okresie poubojowym (Yu i in., 2025; Kamiński i in., 2024). Zidentyfikowane loci mają charakter asocjacyjny i wymagają dalszej walidacji funkcjonalnej.

Większość analizowanych loci stanowi sygnały asocjacyjne, które mogą odzwierciedlać sprzężenie z wariantami funkcjonalnymi o rzeczywistym znaczeniu biologicznym. Interpretacja wyników powinna uwzględniać ograniczenia metod GWAS oraz konieczność dalszych badań eksperymentalnych.

Tabela 2. Wpływ poszczególnych markerów genetycznych na cechy mięsa wieprzowego  
Table 2. Influence of individual genetic markers on pork meat characteristics

| Gen/marker<br>Gene/marker | Typ<br>Type | Funkcja<br>Function                                                                        | Wpływ na cechy mięsa<br>Impact on meat characteristics                                             | Piśmiennictwo<br>Literature                                                                                 |
|---------------------------|-------------|--------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <i>AACS</i>               | gen<br>gene | metabolizm lipidów i ciał ketonowych (lipid and ketone body metabolism)                    | ↓ WHC                                                                                              | Kamiński i in., 2024; McBryan i in., 2010; Yu i in., 2025; Wang i in., 2023                                 |
| <i>ABCA4</i>              | gen<br>gene | transport lipidów błonowych (membrane lipid transport)                                     | ↓ WHC                                                                                              | Kamiński i in., 2024; McBryan i in., 2010; Yu i in., 2025; Wang i in., 2023                                 |
| <i>ABCG1</i>              | gen<br>gene | transport cholesterolu i lipidów (cholesterol and lipid transport)                         | ↑ IMF                                                                                              | Gomes i in., 2025; Wang i in., 2023                                                                         |
| <i>ADIPOQ</i>             | gen<br>gene | regulacja adipogenezy i metabolizmu lipidów (adipogenesis and lipid metabolism regulation) | ↑ IMF, ↑ marmurkowatość (↑ marbling)                                                               | Gomes i in., 2025; Malagwi i in., 2022; Dall'Olio i in., 2009; Wang i in., 2023                             |
| <i>AGPAT5</i>             | gen<br>gene | biosynteza fosfolipidów (phospholipid biosynthesis)                                        | ↑ IMF                                                                                              | Molinero i in., 2025                                                                                        |
| <i>ALDH5A1</i>            | gen<br>gene | metabolizm aldehydów i aminokwasów (aldehyde and amino acid metabolism)                    | zmiany barwy mięsa (meat color changes), ↑ kruchość mięsa (↑ meat tenderness)                      | Liu i in., 2024; Kamiński i in., 2024; Wang i in., 2023                                                     |
| <i>ANKRD6</i>             | gen<br>gene | regulacja sygnalizacji komórkowej (cell signaling regulation)                              | zmiany barwy mięsa (meat color variation)                                                          | Liu i in., 2024; Kamiński i in., 2024; Wang i in., 2023                                                     |
| <i>CAPN1</i>              | gen<br>gene | proteoliza białek mięśniowych (muscle protein proteolysis)                                 | ↑ kruchość mięsa (↑ meat tenderness)                                                               | Chaosap i in., 2025                                                                                         |
| <i>CAPN10</i>             | gen<br>gene | obrót białek mięśniowych (muscle protein turnover)                                         | ↑ kruchość mięsa (↑ meat tenderness), ↓ WHC                                                        | Liu i in., 2024; Kamiński i in., 2024; Gomes i in., 2025; Wang i in., 2023                                  |
| <i>CAST</i>               | gen<br>gene | inhibitor kalpain (calpain inhibition)                                                     | ↑ kruchość mięsa (↑ meat tenderness), regulacja dojrzewania mięsa (postmortem aging), ↑ WHC, ↑ IMF | Chen i in., 2025; Ciobanu i in., 2004; Ropka-Molik i in., 2014; Djurkin Kušec i in., 2015; Wang i in., 2023 |
| <i>CBR4</i>               | gen<br>gene | metabolizm lipidów (lipid metabolism)                                                      | ↓ WHC                                                                                              | McBryan i in., 2010; Yu i in., 2025; Wang i in., 2023                                                       |
| <i>CHL1</i>               | gen<br>gene | adhezja komórkowa (cell adhesion)                                                          | ↓ WHC                                                                                              | McBryan i in., 2010; Yu i in., 2025; Wang i in., 2023                                                       |
| <i>CLCN3</i>              | gen<br>gene | transport jonów chlorkowych (chloride ion transport)                                       | ↓ WHC                                                                                              | McBryan i in., 2010; Yu i in., 2025; Wang i in., 2023                                                       |
| <i>COL1A1</i>             | gen<br>gene | biosynteza kolagenu typu I (type I collagen biosynthesis)                                  | ↑ kruchość mięsa (↑ meat tenderness), ↓ WHC, ↑ IMF                                                 | Li i in., 2022; Li i in., 2023; Cho i in., 2020; Wang i in., 2023                                           |
| <i>DGAT2</i>              | gen<br>gene | synteza triglicerydów (triacylglycerol biosynthesis)                                       | ↑ marmurkowatość (↑ marbling)                                                                      | Molinero i in., 2025                                                                                        |
| <i>FABP4</i>              | gen<br>gene | transport kwasów tłuszczowych (fatty acid transport)                                       | ↑ IMF                                                                                              | Li i in., 2023                                                                                              |
| <i>FARP2</i>              | gen<br>gene | organizacja cytoszkieletu (cytoskeleton organization)                                      | ↓ WHC                                                                                              | Kamiński i in., 2024; McBryan i in., 2010; Yu i in., 2025; Wang i in., 2023                                 |
| <i>GALNT15</i>            | gen<br>gene | glikozylacja białek (protein glycosylation)                                                | ↓ WHC                                                                                              | McBryan i in., 2010; Yu i in., 2025; Wang i in., 2023                                                       |
| <i>GIN1</i>               | gen<br>gene | regulacja procesów komórkowych (cellular process regulation)                               | zmiany barwy mięsa (meat color variation)                                                          | Liu i in., 2024; Kamiński i in., 2024; Wang i in., 2023                                                     |
| <i>HDLBP</i>              | gen<br>gene | wiązanie lipoprotein (lipoprotein binding)                                                 | ↓ WHC                                                                                              | Kamiński i in., 2024; McBryan i in., 2010; Yu i in., 2025; Wang i in., 2023                                 |
| <i>HPF1</i>               | gen<br>gene | regulacja naprawy DNA (DNA repair regulation)                                              | ↓ WHC                                                                                              | Kamiński i in., 2024; McBryan i in., 2010; Yu i in., 2025; Wang i in., 2023                                 |

|                 |             |                                                                                           |                                                                                                                               |                                                                                |
|-----------------|-------------|-------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------|
| <b>IGF2</b>     | gen<br>gene | regulacja wzrostu mięśni<br>(muscle growth regulation)                                    | ↑ masa mięśni (↑ muscle weight), ↑ udział mięsa chudego w tuszy (↑ lean meat yield), ↓ otluszczenie tuszy (↓ carcass fatness) | Clark i in., 2014; Clark i in., 2015; Fontanesi i in., 2010                    |
| <b>LEPR</b>     | SNP         | sygnalizacja leptynowa (leptin signaling)                                                 | ↑ IMF, ↑ grubość słoniny (↑ backfat thickness)                                                                                | Wang i in., 2023; Balatsky i in., 2016; Suárez-Mesa i in., 2024                |
| <b>MACROD2</b>  | gen<br>gene | regulacja epigenetyczna (epigenetic regulation)                                           | ↑ IMF                                                                                                                         | Gomes i in., 2025; Wang i in., 2023                                            |
| <b>MC4R</b>     | SNP         | regulacja apetytu i homeostazy energetycznej (appetite and energy homeostasis regulation) | ↑ otluszczenie tuszy (↑ carcass fatness), ↑ tempo wzrostu (↑ growth rate)                                                     | Zhang i in., 2020; Houston i in., 2004; Piórkowska i in., 2010                 |
| <b>MTERF4</b>   | gen<br>gene | regulacja transkrypcji mitochondrialnej (mitochondrial transcription regulation)          | ↓ WHC                                                                                                                         | Kamiński i in., 2024; McBryan i in., 2010; Yu i in., 2025; Wang i in., 2023    |
| <b>MYH7B</b>    | gen<br>gene | organizacja włókien mięśniowych (muscle fiber organization)                               | ↑ kruchość mięsa (↑ meat tenderness)                                                                                          | Liu i in., 2024                                                                |
| <b>NCOA2</b>    | gen<br>gene | regulacja transkrypcji (transcription regulation)                                         | ↓ WHC                                                                                                                         | McBryan i in., 2010; Yu i in., 2025; Wang i in., 2023                          |
| <b>OXSM</b>     | gen<br>gene | biosynteza kwasów tłuszczowych (fatty acid biosynthesis)                                  | ↓ WHC                                                                                                                         | McBryan i in., 2010; Yu i in., 2025; Wang i in., 2023                          |
| <b>PASK</b>     | gen<br>gene | regulacja metabolizmu glukozy (glucose metabolism regulation)                             | ↓ WHC, cechy jakości technologiczne mięsa (meat technological quality traits)                                                 | Kamiński i in., 2024                                                           |
| <b>PDE4B</b>    | gen<br>gene | szlak sygnałowy cAMP (cAMP signaling pathway)                                             | ↑ kruchość mięsa (↑ meat tenderness)                                                                                          | Liu i in., 2024                                                                |
| <b>PIP4K2A</b>  | gen<br>gene | metabolizm fosfatydyloinozitolu (phosphatidylinositol metabolism)                         | ↑ kruchość mięsa (↑ meat tenderness)                                                                                          | Kamiński i in., 2024; Gomes i in., 2025; Wang i in., 2023                      |
| <b>PPARGC1A</b> | gen<br>gene | regulacja metabolizmu energetycznego (energy metabolism regulation)                       | ↓ WHC, ↑ IMF                                                                                                                  | Kamiński i in., 2024; McBryan i in., 2010; Yu i in., 2025; Wang i in., 2023    |
| <b>PPIP5K2</b>  | gen<br>gene | regulacja sygnalizacji komórkowej (cell signaling regulation)                             | zmiany barwy mięsa (meat color variation)                                                                                     | Liu i in., 2024; Kamiński i in., 2024; Wang i in., 2023                        |
| <b>PRKAG3</b>   | SNP         | metabolizm glikogenu mięśniowego (muscle glycogen metabolism)                             | ↑ pH, ↑ WHC, ↓ PSE                                                                                                            | Kamiński i in., 2024; Milan i in., 2000; Liu i in., 2019; Molinero i in., 2024 |
| <b>PRKAR2A</b>  | gen<br>gene | regulacja kinazy białkowej A (protein kinase A regulation)                                | ↑ kruchość mięsa (↑ meat tenderness), ↑ IMF                                                                                   | Gomes i in., 2025; Wang i in., 2023                                            |
| <b>RYR1</b>     | SNP         | homeostaza wapnia (calcium homeostasis)                                                   | podatność na PSE (PSE susceptibility), ↓ pH                                                                                   | Scerra i in., 2024                                                             |
| <b>SCD</b>      | gen<br>gene | desaturacja kwasów tłuszczowych (fatty acid desaturation)                                 | ↑ MUFA w profilu kwasów tłuszczowych (↑ MUFA in fatty acid profile)                                                           | Kim i in., 2024                                                                |
| <b>SLC1A2</b>   | gen<br>gene | transport aminokwasów (amino acid transport)                                              | ↓ WHC                                                                                                                         | McBryan i in., 2010; Yu i in., 2025; Wang i in., 2023                          |
| <b>TBC1D1</b>   | gen<br>gene | transport glukozy (glucose transport regulation)                                          | ↓ WHC                                                                                                                         | McBryan i in., 2010; Yu i in., 2025; Wang i in., 2023                          |
| <b>ZAG</b>      | gen<br>gene | mobilizacja lipidów (lipid mobilization)                                                  | ↓ WHC                                                                                                                         | McBryan i in., 2010; Yu i in., 2025; Wang i in., 2023                          |

↑ = zwiększa, ↓ = zmniejsza

↑ = increases, ↓ = decreases

## Epigenetyka

Ważnym elementem prowadzonych badań nad jakością mięsa wieprzowego staje się rozumienie powiązań pomiędzy czynnikami genetycznymi a samą epigenetyką zajmującą się zmianami ekspresji genów, które nie wynikają ze zmian w sekwencji DNA, ale z modyfikacji tego, jak geny są odczytywane przez komórkę (Jain i Epstein, 2024). Epigenetyka obejmuje mechanizmy regulujące ekspresję genów bez zmian w sekwencji DNA, działające głównie na poziomie modyfikacji chromatyny, metylacji DNA oraz modyfikacji histonów. Procesy te wpływają na aktywność genów i mogą prowadzić do zmian fenotypowych w odpowiedzi na

czynniki środowiskowe (Jain i Epstein, 2024; Radford, 2018). Epigenetyka wykorzystuje kilka podstawowych mechanizmów molekularnych, do których m.in. należy metylacja DNA. Opiera się ona na dodawaniu małych grup chemicznych (metylowych) do zasad DNA, które zwykle hamują aktywność genów (Jain i Epstein, 2024). Kolejnym znanym mechanizmem są modyfikacje histonów, które poprzez swoje chemiczne zmiany mogą ułatwiać dostęp do genów poprzez jego aktywację albo go utrudniać poprzez wyciszenie. Wyjaśnia również, dlaczego komórki zawierające takie same DNA zachowują się inaczej. Określa także specyfikację i różnicowanie się komórek w rozwoju embrionalnym, utrzymanie tożsamości komórkowej w dojrzałym organizmie, zmiany we wrażliwości na sygnały środowiskowe (Radford, 2018). Autorzy publikacji naukowych podkreślają, że epigenetyczne zmiany charakteryzują się dynamicznością oraz częściową odwracalnością, co stanowi jedną z kluczowych różnic w stosunku do trwałych zmian sekwencji DNA. Ponadto komórki mogą modyfikować znaczniki epigenetyczne w odpowiedzi na bodźce środowiskowe takie jak stres, warunki środowiskowe czy ekspozycja na toksyny (Handel i in., 2010).

W genomie występuje liczna grupa niekodujących elementów regulacyjnych DNA i RNA, wśród których istotną rolę pełnią wzmacniacze (enhancery). Są to niekodujące sekwencje DNA zlokalizowane głównie w regionach międzygenowych oraz intronowych, które uczestniczą w regulacji ekspresji genów poprzez zwiększanie aktywności transkrypcyjnej genów docelowych (Wang i in., 2023). Wraz z rozwojem badań genomowych oraz dostępem do coraz większych zbiorów danych wykazano, że liczba wzmacniaczy w genomie jest znacznie większa niż liczba genów kodujących białka.

Wzmacniacz transkrypcji (enhancer) stanowi krótką niekodującą sekwencję DNA pełniącą funkcję regulatorową w kontroli ekspresji genów. Elementy te mogą być zlokalizowane w znacznej odległości od promotorów genów docelowych, zarówno w kierunku zgodnym, jak i przeciwnym do orientacji transkrypcji, często występując w regionach międzygenowych lub intronowych. Regulacja działania enhancerów odbywa się poprzez specyficzne dla tkanek czynniki transkrypcyjne oraz kofaktory, które umożliwiają tworzenie kontaktów przestrzennych z promotorami genów docelowych. W efekcie wzmacniacze umożliwiają precyzyjną kontrolę ekspresji genów w sposób zależny od typu komórki oraz etapu rozwoju organizmu (Blayney i in., 2023; Yang i in., 2025). Wzmacniacze istotne dla choroby zazwyczaj wykazują aktywność specyficzną dla typu komórki, co komplikuje proste przyporządkowanie SNP (a także mutacji *de novo*) znalezionych w potencjalnych wzmacniaczach (Friedman i in., 2024). Niekodujące warianty genetyczne mogą zmieniać normalne procesy rozwojowe poprzez zakłócanie funkcji wzmacniaczy. W swojej pracy autorzy (Vashisht i in., 2025) podają, że liczba wariantów związanych z chorobami, wpływających na funkcję wzmacniaczy, znacznie przekracza liczbę wpływających na geny kodujące białka. W doniesieniach naukowych można znaleźć coraz więcej informacji dotyczących wzmacniaczy w genomie świni. Zidentyfikowano kilkanaście wzmacniaczy tkankowo-specyficznych, które występują m.in. w sercu, wątrobie i mięśniach szkieletowych. Kontrolują one ekspresję genów związanych przede wszystkim ze wzrostem mięśni, metabolizmem i odpornością (Bai i in., 2023; Wang i in., 2024; Zhao i in., 2021).

## Podsumowanie

Selekcja genomowa stanowi znaczący postęp w hodowli świń, umożliwiając bardziej precyzyjną i szybszą ocenę wartości hodowlanej oraz selekcję zwierząt pod kątem cech produkcyjnych i reprodukcyjnych. Obejmuje ona przede wszystkim poprawę cech takich jak tempo wzrostu, wydajność rzeźna, jakość mięsa oraz efektywność wykorzystania paszy. Równolegle rozwój technik wysokoprzepustowych, takich jak *STARR-seq*, *ChIP-Seq* (markery *H3K27ac* i *H3K4me1*) oraz *ATAC-Seq* umożliwia identyfikację enhancerów i innych elementów regula-

cyjnych genomu (Salavati i in., 2022; Wu i in., 2022). Integracja danych genomowych i epigenomicznych pozwala hodowcom i badaczom na bardziej precyzyjne podejmowanie decyzji selekcyjnych, ukierunkowanych na poprawę efektywności produkcji, jakości mięsa, dobrostanu zwierząt oraz zrównoważonego rozwoju produkcji trzody chlewnej (Sharif-Islam i in., 2024; Li i in., 2024). Zhuang i in. (2022) przeprowadzili mapowanie loci cech ilościowych (QTL) dla cech jakości mięsa u świń z populacji krzyżówkowej, co potwierdziło poligeniczny charakter ich determinacji genetycznej. Podejście oparte wyłącznie na analizie QTL i asocjacji SNP nie zawsze pozwalają na jednoznaczne określenie zależności przyczynowo skutkowych pomiędzy wariantami genetycznymi a cechami fenotypowymi. W tym kontekście rozwój zasobów epigenomicznych, takich jak baza *Pig-eRNAdb*, stanowi istotne uzupełnienie analiz genomowych, umożliwiając identyfikację ponad 100 000 wzmacniaczy (enhancerów) genomie świń, z których część pokrywa się z wcześniej opisanymi regionom QTL i wykazuje aktywność specyficzną dla tkanek, w tym tkanki mięśniowej (Wang i in., 2024). Integracja danych epigenomicznych z wynikami badań QTL i analiz SNP może ułatwiać identyfikację wariantów funkcjonalnych, co potencjalnie zwiększa efektywność selekcji genomowej i pozwala wyjść poza proste asocjacje marker–cecha. Jednocześnie należy podkreślić, że dane epigenomiczne dla *Sus scrofa* pozostają ograniczone i obejmują głównie wybrane tkanki, takie jak tkanka mięśniowa, wątroba oraz tkanka tłuszczowa. Kompleksowe mapy metylacji DNA oraz atlasy wzmacniaczy dla kluczowych tkanek o znaczeniu produkcyjnym w szczególności tkanki mięśniowej (np. mięsień *longissimus dorsi*), nadal nie są w pełni dostępne. Brak epigenomowych profili dla polskich ras zachowawczych, takich jak świnia puławska oraz złotnicka biała, ogranicza możliwość pełnego zrozumienia mechanizmów adaptacyjnych na poziomie epigenetycznym w warunkach krajowych systemów hodowli i utrzymania. Dotyczy to szczególnie populacji utrzymywanych w odmiennych warunkach środowiskowych i systemach produkcji w Polsce, mimo dostępności danych fenotypowych i genetycznych (Antonyk i in., 2025). Identyfikowane wzmacniacze i QTL wymagają walidacji funkcjonalnej poprzez edycję genów (*CRISPR/Cas9*), której brakuje w badaniach świń – w przeciwieństwie do modeli mysich – co ogranicza przejście od korelacji statystycznych do praktycznych markerów hodowlanych. Wzmacniacze często pokrywają się z regionami QTL związanymi z cechami produkcyjnymi, co może pomóc zidentyfikować funkcjonalne mutacje regulatorowe (Wu i in., 2022). Wiele wzmacniaczy działa w sposób zależny od typu tkanki przez co wykazują unikalną aktywność i powiązania z regulacją ekspresji genów (Zhang i in., 2023). Ponadto w ubiegłych latach zrealizowano projekty ENCODE, FANTOM5 oraz Roadmap Epigenomics, których celem była identyfikacja elementów regulacyjnych genomu, w tym wzmacniaczy, u ludzi i zwierząt (Wang i in., 2024). Integracja wiedzy epigenomicznej z odpowiednim zarządzaniem systemem hodowli obejmującym żywienie, warunki utrzymania oraz strategię selekcji, w połączeniu z czynnikami środowiskowymi, takimi jak stres, jakość paszy i warunki mikroklimatyczne, umożliwia lepsze dostosowanie produkcji do zmieniających się wymagań konsumentów (Zhuang i in., 2022).

## Piśmiennictwo

- Antonyk A., Terman A., Tyra M., Żak G., Polasik D., Szyndler-Nęcza M., Kulig H., Dybus A. (2025). The effect of rs80860411 polymorphism on fattening, slaughter, and pork quality traits in Polish Large White and Puławska breeds. *Animals*, 15, 2090.
- Babicz M., Witkowski P., Kropiwek-Domańska K., Zarajczyk D., Skalski K., Wacko M. (2022). Analiza asocjacji pomiędzy polimorfizmem genu hormonu wzrostu (GH/HaeII) a cechami jakości tuszy wieprzowej i mięsa. *J. Anim. Sci. Biol. Bioecon.*, 40(2): 1–12; <https://doi.org/10.24326/jasbb.2022.2.1>

- Bai J., Lin Y., Zhang J., Chen Z., Wang Y., Li M., Li J. (2023). Profiling of chromatin accessibility in pigs across multiple tissues and developmental stages. *Int. J. Mol. Sci.*, 24(13): 11076; <https://doi.org/10.3390/ijms241311076>
- Balatsky V., Bankovska I., Saienko A. (2016). Association between leptin receptor gene polymorphism and quality of both meat and back fat in Large White pigs of Ukrainian breeding. *Agric. Sci. and Pract.*, 3(2): 42–48; <https://doi.org/10.15407/agrisp3.02.042>
- Blayney J.W., Francis H., Rampasekova A., Camellato B., Mitchell L., Stolper R., Cornell L., Babbs C., Boeke J.D., Higgs D.R., Kassouf M. (2023). Super-enhancers include classical enhancers and facilitators to fully activate gene expression. *Cell*, 186(26): 5826–5839.e18; <https://doi.org/10.1016/j.cell.2023.11.030>
- Burgos C., Galve A., Moreno C., Altarriba J., Reina R., García C., López-Buesa P. (2012). The effects of two alleles of IGF2 on fat content in pig carcasses and pork. *Meat Science*, 90(2): 309–313.
- Bus J.D., Boumans I.J.M.M., Te Beest D.E., Webb L.E., Bokkers E.A.M. (2024). Exploring individual responses to welfare issues in growing-finishing pig feeding behaviour. *Animal*, 18(6), 101192; <https://doi.org/10.1016/j.animal.2024.101192>
- Casal N., Font-I-Furnols M., Gispert M., Manteca X., Fàbrega E. (2018). Effect of environmental enrichment and herbal compounds-supplemented diet on pig carcass, meat quality traits, and consumers' acceptability and preference. *Animals (Basel)*, 8(7): 118; <https://doi.org/10.3390/ani8070118>
- Chaosap C., Buajoom W., Pothising N., Kongtasorn C., Adeyemi K.D. (2025). Effects of Genotype and Sex on Carcass Traits, Myosin Heavy Chain Isoforms and Meat Characteristics of Pigs. *Animals*, 15: 2535.
- Chen Q., Chen Z., Sun Q., Zhang W., Wu F., Liu G., Wang T., Wang Z., Wang Q., Zhang J. (2024). Transcriptomic analysis of the longissimus thoracis muscle in pigs has identified molecular regulatory patterns associated with meat quality. *Genomics*, 110779; <https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2023.110779>
- Cho E.S., Bang W.Y., Jung W.Y., Kwon E.J., Park D.H., Chung K.H., Kim C.W. (2020). The expression analysis of COL1A1, COL1A2 and procollagen type I in pig tissues. *Swine Science and Technology Center*.
- Ciepielewski Z., Stojek W., Borman A., Myślińska D., Pałczyńska P., Kamyczek M. (2016). The effects of ryanodine receptor (RYR1) mutation on natural killer cell cytotoxicity, plasma cytokines and stress hormones during acute intermittent exercise in pigs. *Res. Vet. Sci.*, 105: 77–86; <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2016.01.012>
- Ciobanu D.C., Bastiaansen J.W.M., Lonergan S.M., Thomsen H., Dekkers J.C.M., Plastow G.S., Rothschild M.F. (2004). New alleles in calpastatin gene are associated with meat quality traits in pigs. *J. Anim. Sci.*, 82(10): 2829–2839; <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/15484933/>
- Clark D.L., Bohrer B.M., Tavárez M.A., Boler D.D., Beever J.E., Dilger A.C. (2014). Effects of the porcine IGF2 intron 3-G3072A mutation on carcass cutability, meat quality, and bacon processing. *J. Anim. Sci.*, 92(12): 5778–5788; <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/25367517/>
- Clark D.L., Clark D.I., Beever J.E., Dilger A.C. (2015). Increased prenatal IGF2 expression due to the porcine IGF2 intron3-G3072A mutation may be responsible for increased muscle mass. *J. Anim. Sci.*, 93(5): 2546–2558; <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/26020349/>
- Dall'Olio S., Davoli R., Buttazzoni L., Russo V. (2009). Study of porcine adiponectin (ADIPOQ) gene and association of a missense mutation with estimated breeding values for production and carcass traits in Italian Duroc heavy pigs. *Livest. Sci.*, 125(1): 101–104; <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2009.03.003>

- de Sousa Reis V.C., Ferreira I.M., Durval C.M., Antunes R.C., Backes A.R. (2023). Measuring water holding capacity in pork meat images using deep learning. *Meat Sci.*, 200, 109159.
- Dekkers J.C.M. (2012). Application of genomics tools to animal breeding. *Current Genomics*, 13(3): 207–212; <https://doi.org/10.2174/138920212800543057>
- Djurkin Kušec I., Reiner G., Knap P. W. (2015). Effect of CAST gene polymorphism on meat quality traits in pigs. *Anim. Sci. J.*, 86(3): 301–308; <https://doi.org/10.1111/asj.12345>
- Djurkin Kušec I., Cimerman E., Škrlep M., Karolyi D., Gvozdanović K., Komlenić M., Radišić Ž., Kušec G. (2021). Influence of immunocastration on slaughter traits and boar taint compounds in pigs originating from three different terminal sire lines. *Animals*, 11(1): 228; <https://doi.org/10.3390/ani11010228>
- FAO (2022). Meat and meat products in human nutrition. Food and Agriculture Organization of the United Nations. (07.05.2026)
- FAO (2022). Meat market review: Emerging trends in meat consumption and quality attributes. Food and Agriculture Organization of the United Nations.(07.05.2026)
- Fernandez X., Monin G., Talmant A., Mourout J., Lebret B. (2021). Influence of intramuscular fat content on pork quality traits. *Meat Sci.*, 175, 108417.
- Fontanesi L., Speroni C., Buttazzoni L., Scotti E., Dall'Olio S., Costa L.N., Russo V. (2010). The IGF2 gene intron3-g.3072G>A polymorphism and its effects on lean cuts and production traits in pigs. *J. Anim. Sci.*, 88(7): 2235–2245; <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/20382874/>
- Friedman M.J., Wagner T., Lee H., Rosenfeld M.G., Oh S. (2024). Enhancer-promoter specificity in gene transcription: Molecular mechanisms and disease associations. *Exp. Mol. Med.*, 56(4): 772–787; <https://doi.org/10.1038/s12276-024-01233-y>
- Fujii J., Otsu K., Zorzato F., De Leon S., Khanna V.K., Weiler J.E., O'Brien P.J., MacLennan D. H. (1991). Identification of a mutation in porcine ryanodine receptor associated with malignant hyperthermia. *Science*, 253(5018): 448–451; <https://doi.org/10.1126/science.1862346>
- Gagaoua M., Picard B., Jurie C. (2023a). Relationships between muscle fiber characteristics and meat quality traits in pigs: A review. *Meat Sci.*, 206, 109340.
- Gagaoua M., Suman S.P., Purslow P.P., Lebret B. (2023b). The color of fresh pork: Consumers expectations, underlying farm to fork factors, myoglobin chemistry and contribution of proteomics to decipher the biochemical mechanisms. *Meat Sci.*, 206, 109340; <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2023.109340>
- Goddard M.E., Hayes B.J. (2009). Mapping genes for complex traits in domestic animals and their use in breeding programmes. *Nat. Rev. Genet.*, 10(6): 381–391; <https://doi.org/10.1038/nrg2575>
- Gomes J.D., Silva B.P.M.d., Duarte S.F.P., Ferreira S.V., Ciconello F.N., Almeida V.V.d., Pian L.W., Moncau-Gadbem C.T., Ledur M.C., Malaquias M.E., Balieiro J.C.d.C., Cesar A.S.M. (2025). Pork quality and expression of genes involved in muscularity and fat deposition in different commercial lines and sexes of pigs. *Animals*, 15(23), 3363; <https://doi.org/10.3390/ani15233363>
- Handel A.E., Ebers G.C., Ramagopalan S.V. (2010). Epigenetics: Molecular mechanisms and implications for disease. *Trends Mol. Med.*, 16(1): 7–16; <https://doi.org/10.1016/j.molmed.2009.11.003>
- Houston R. , Cameron N.D., Rance K A. (2004). A melanocortin 4 receptor (MC4R) polymorphism is associated with performance traits in divergently selected Large White pig populations. *Anim. Genet.*, 35(5): 386–390; <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/15373742/>
- Hussain Z., Khan J. A. (2017). Food intake regulation by leptin: Mechanisms mediating gluconeogenesis and energy expenditure. *Asian Pac. J. Trop. Med.*, 10: 940–944.
- Jain R., Epstein J.A. (2024). Epigenetics. In: *Advances in Experimental Medicine and Biology*, 1441: 341–364; [https://doi.org/10.1007/978-3-031-44087-8\\_18](https://doi.org/10.1007/978-3-031-44087-8_18)
- Joo S.T. (2018). Determinants of water-holding capacity of meat. A review. *Meat Science*, 146: 1–8; DOI: 10.1016/j.meatsci.2018.08.013.

- Kamiński S., Tarczyński K., Oleński K., Zybert A., Sieczkowska H., Krzęcio-Nieczyporuk E., Antosik K., Szwaczkowski T. (2024). Genome-wide association study for meat quality traits in a multi-breed pig population. *Ann. Anim. Sci.*, 24: 767–777; <https://doi.org/10.2478/aoas-2024-0013>
- Karisa B.K., Thomson J., Wang Z., Bruce H.L., Plastow G.S., Moore S.S. (2013). Candidate genes and biological pathways associated with carcass quality traits in beef cattle. *Canad. J. Anim. Sci.*, 93(3): 295–306.
- Kim B.C., Kauffman R.G., Norman J.M., Joo S.T. (1995). Measuring water-holding capacity in pork musculature with a tensiometer. *Meat Sci.*, 39(3): 363–374.
- Kim H.A., Kang Y.J., Kim N.Y., Kim D.K., Song D.H., Choi J.Y., Cho I.C. (2024). Effects of single nucleotide polymorphisms of the Stearoyl-CoA Desaturase (SCD) gene on fatty acid composition and adipose tissue texture in pigs. *J. Korean Soc. Ind. Appl. Technol.*, 25: 559–568.
- Knol E.F., Nielsen B., Knap P.W. (2016). Genomic selection in commercial pig breeding. *Animal Frontiers*, 6(1): 50–55; <https://doi.org/10.2527/af.2016-0007>
- Kristensen L., Purslow P.P. (2001). The effect of ageing on the water-holding capacity of pork: Role of cytoskeletal proteins. *Meat Sci.*, 58(1): 17–23; [https://doi.org/10.1016/s0309-1740\(00\)00125-x](https://doi.org/10.1016/s0309-1740(00)00125-x)
- Lawrie R.A., Ledward D.A. (2006). *Lawrie's Meat Science* (7th ed.). Woodhead Publishing.
- Lebret B., Čandek-Potokar M. (2022). Review: Pork quality attributes from farm to fork. Part I. Carcass and fresh meat. *Animal*, 16(Suppl 1), 100402. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2021.100402>
- Li J.Y., Chen M.Y. (2024). Genomic selection in livestock breeding: Advances and applications. *Anim. Mol. Breed.*, 14(3): 239–251.
- Li X., Ha M., Warner R.D., Dunshea F.R. (2022). Collagen characteristics affect the texture of pork *Longissimus* and *Biceps femoris*. *Transl. Anim. Sci.*, 6(4); <https://doi.org/10.1093/tas/txac129>
- Li X., Ha M., Warner R.D., Hewitt R.J.E., D'Souza D.N., Dunshea F.R. (2023). Genetic lines influenced the texture, collagen and intramuscular fat of pork longissimus and semi-membranosus. *Meat Sci.*, 207, 109376; <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2023.109376>
- Listrat A., Lebret B., Louveau I., Astruc T., Bonnet M., Lefaucheur L. (2020). How muscle structure and composition influence meat quality. *Animal Frontiers*, 10(4): 34–42.
- Liu C., Chen Z., Zhang Z., Wang Z., Guo X., Pan Y., Wang Q. (2024). Unveiling the genetic mechanism of meat color in pigs through GWAS, multi-tissue, and single-cell transcriptome signatures exploration. *Int. J. Mol. Sci.*, 25(7), 3682; <https://doi.org/10.3390/ijms25073682>
- Lujka J., Nevrlka P., Hadaš Z. (2021). The effect of Duroc and Pietrain boars on growth ability of piglets. *Acta Universitatis Agriculturae et Silviculturae Mendelianae Brunensis*, 69(5): 563–568; <https://doi.org/10.11118/actaun.2021.050>
- Malagwi I.H., Halas V., Grünvald P., Schiavon S., 2022 – Genes related to fat metabolism in pigs and intramuscular fat content of pork: A focus on nutrigenetics and nutrigenomics. *Animals*, 12(2): 150. DOI: 10.3390/ani12020150
- McBryan J., Hamill R.M., Davey G., Lawlor, P., Mullen A.M. (2010). Identification of suitable reference genes for gene expression analysis of pork meat quality and analysis of candidate genes associated with the trait drip loss. *Meat Sci.*, 86(2): 436–439; <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2010.05.030>
- Meuwissen T.H.E., Hayes B.J., Goddard M.E. (2001). Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*, 157(4): 1819–1829; <https://doi.org/10.1093/genetics/157.4.1819>
- Milan D., Jeon J.T., Looft C., Amarger V., Robic A., Thelander M., Rogel-Gaillard C., Paul S., Iannuccelli N., Rask L., Ronne H. (2000). A mutation in *PRKAG3* associated with excess glycogen content in pig skeletal muscle. *Science*, 288(5469): 1248–1251; <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/10818001/>

- Mohammadabadi M., Bordbar F., Jensen J., Du M., Guo W. (2021). Key genes regulating skeletal muscle development and growth in farm animals. *Animals (Basel)*, 11(3), 835; <https://doi.org/10.3390/ani11030835>
- Molinero E., Pena i Subirà R.N., Estany J., Ros-Freixedes R. (2024). A novel QTL region for pH and meat color in Duroc pigs. *Animal Genetics*, 55(3): 465–470; <https://doi.org/10.1111/age.13426>
- Molinero E., Pena R.N., Estany J., Ros-Freixedes R. (2025). Unravelling novel and closely linked association signals for fat-related traits in pigs using prioritised variants from whole-genome sequence data. *Animal*, 19: 101496.
- Nery da Silva A., Silva Araujo M., Pértille F., Zanella A. J. (2021). How epigenetics can enhance pig welfare? *Animals (Basel)*, 12(1), 32; <https://doi.org/10.3390/ani12010032>
- Piorkowska K., Tyra M., Rogoż M., Oczkowicz M., Różycki M. (2010). Association of the melanocortin 4 receptor (MC4R) with feed intake, growth, fatness and carcass composition in pigs raised in Poland. *Meat Science*, 85(2): 297–301; <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/20374902/>
- Polovinski-Horvatović M., Radović I., Mirkov M., Beuković D., Ratkov Ž., Malešević S., (2023) Effect of terminal sire genotype on the carcass characteristics of the fattening pigs. *AgroReS*, 12: 255–261; DOI: 10.7251/ZARS2301255P.
- Poveda-Arteaga A., Krell J., Gibis M., Heinz V., Terjung N., Tomasevic I. (2023). Intrinsic and Extrinsic Factors Affecting the Color of Fresh Beef Meat – Comprehensive Review. *Applied Sciences*, 13(7): 4382; DOI: 10.3390/app13074382.
- Pugliese C., Sirtori F. (2021). Quality of pork and pork products from traditional and local breeds. *Animals*, 11(7), 1980.
- Radford E.J. (2018). An introduction to epigenetic mechanisms. *Progress in Molecular Biology and Translational Science*, 158: 29–48; <https://doi.org/10.1016/bs.pmbts.2018.04.002>
- Radko A., Koseniuk A., Smołucha G. (2023). Genetic diversity and population structure of the native Pulawska and three commercial pig breeds based on microsatellite markers. *Genes*, 14(2), 276; <https://doi.org/10.3390/genes14020276>
- Rexroad C., Vallet J., Matukumalli L.K., Reecy J., Bickhart D., Blackburn H., Boggess M., Cheng H., Clutter A., Cockett N., Ernst C., Fulton J.E., Liu J., Lunney J., Neiberghs H., Purcell C., Smith T.P.L., Sonstegard T., Taylor J., Telugu B., Van Eenennaam A., Tassell C.P. (2019). Genome to phenome: Improving animal health, production, and well-being – A new USDA blueprint for animal genome research 2018–2027. *Front. Genet.*, 10, 327; <https://doi.org/10.3389/fgene.2019.00327>
- Rohrer G.A., Nonneman D.J., Miller R.K., Zerby H., Moeller S.J. (2012). Association of single nucleotide polymorphism (SNP) markers in candidate genes and QTL regions with pork quality traits in commercial pigs. *Meat Science*, 92(4): 511–518; <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2012.05.020>
- Ropka-Molik K., Tyra M., Piorkowska K., Żukowski K. (2014). Association of calpastatin gene polymorphisms with meat quality traits in pigs. *Meat Sci.*, 97(2): 143–150; <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24583321/>
- Ropka-Molik K., Pawlina-Tyszko K., Żukowski K., Tyra M., Derebecka N., Wesoly J., Szmałtoła T., Piorkowska K. (2020). Identification of molecular mechanisms related to pig fatness at the transcriptome and miRNAome levels. *Genes (Basel)*, 11(6), 600; <https://doi.org/10.3390/genes11060600>
- Salavati M., Woolley S.A., Cortés Araya Y., Halstead M.M., Stenhouse C., Johnsson M., Ashworth C.J., Archibald A.L., Donadeu F.X., Hassan M.A. (2022). Profiling of open chromatin in developing pig (*Sus scrofa*) muscle to identify regulatory regions. *G3 (Bethesda)*, 12(2), jkab424; <https://doi.org/10.1093/g3journal/jkab424>

- Sharif-Islam M., van der Werf J.H.J., Wood B.J., Hermes S. (2024). The predicted benefits of genomic selection on pig breeding objectives. *J. Anim. Breed. Genet.*, 141(6): 685–701; <https://doi.org/10.1111/jbg.12873>
- Su R., Lv J., Xue Y., Jiang S., Zhou L., Jiang L., Tan J., Shen Z., Zhong P., Liu J. (2025). Genomic selection in pig breeding: comparative analysis of machine learning algorithms. *Genet. Select. Evol.*, 57, 13; <https://doi.org/10.1186/s12711-025-00957-3>
- Suárez-Mesa R., Ros-Freixedes R., Peña i Subirà R.N., Estany J. (2024). Impact of the leptin receptor gene on pig performance and quality traits. *Scientific Reports*, 14, 10652; <https://doi.org/10.1038/s41598-024-61509-1>
- Toldrá F. (2022). *Pork meat quality and nutrition*. Springer.
- USDA (2023). FoodData Central: Pork, fresh, composite retail cuts. U.S. Department of Agriculture. <https://fdc.nal.usda.gov> (07.05.2026)
- Vashisht S., Parisi C., Winata C.L. (2025). Computational analysis of congenital heart disease associated SNPs: Unveiling their impact on the gene regulatory system. *BMC Genomics*, 26(1), 55; <https://doi.org/10.1186/s12864-025-11232-6>
- Verardo L.L., Sevón-Aimonen M.-L., Serenius T., Hietakangas V., Uimari P. (2017). Whole-genome association analysis of pork meat pH revealed three significant regions and several potential genes in Finnish Yorkshire pigs. *BMC Genetics*, 18(1), 13; <https://doi.org/10.1186/s12863-017-0482-x>
- Vicente F., Pereira P.C. (2024). Pork meat composition and health: A review of the evidence. *Foods*, 13(12), 1905. <https://doi.org/10.3390/foods13121905>
- Vissamsetti N., Simon-Collins M., Lin S., Bandyopadhyay S., Kuriyan R., Sybesma W., Tomé D. (2023). Local sources of protein in low- and middle-income countries: How to improve the protein quality? *Current Developments in Nutrition*, 8(Suppl 1), 102049; <https://doi.org/10.1016/j.cdnut.2023.102049>
- Wang H., Wang X., Li M., Sun H., Chen Q., Yan D., Dong X., Pan Y., Lu S. (2023). Genome-wide association study reveals genetic loci and candidate genes for meat quality traits in a four-way crossbred pig population. *Frontiers in Genetics*, 14, 1001352. <https://doi.org/10.3389/fgene.2023.1001352>
- Wang X., Liu D., Luo J., Kong D., Zhang Y. (2023). Exploring the role of enhancer-mediated transcriptional regulation in precision biology. *Int. J. Mol. Sci.*, 24(13), 10843; <https://doi.org/10.3390/ijms241310843>
- Wang X., Zhang Z., Du H., Pfeiffer C., Mészáros G., Ding X. (2024). Predictive ability of multi-population genomic prediction methods for reproduction traits in pigs. *Genet. Select. Evol.*, 56, 49; <https://doi.org/10.1186/s12711-024-00915-5>
- Wang Y., Jin W., Pan X., Liao W., Shen Q., Cai J., Gong W., Tian Y., Xu D., Li Y., Li J. (2024). Pig-eRNAdb: A comprehensive enhancer and eRNA dataset of pigs. *Scientific Data*, 11, 157; <https://doi.org/10.1038/s41597-024-02960-7>
- Wang Z., Wang C., Zhang Y., Liu S., Cheng Y., Wang S., Xia P., Hao L. (2023). Porcine IGF-1R synonymous mutations in the extracellular domain affect proliferation and differentiation of skeletal muscle cells. *Gene*, 854, 147098; <https://doi.org/10.1016/j.gene.2022.147098>
- Wood J.D., Enser M., Fisher A.V., Nute G.R., Sheard P.R., Richardson R.I., Hughes S.I., Whittington F.M. (2008). Fat deposition, fatty acid composition and meat quality: A review. *Meat Sci.*, 78(4): 343–358.
- Wu Y., Zhang Y., Liu H., Gao Y., Liu Y., Chen L., Liu L., Irwin D.M., Hou C., Zhou Z., Zhang Y. (2022). Genome-wide identification of functional enhancers and their potential roles in pig breeding. *J. Anim. Sci. Biotechnol.*, 13, 75; <https://doi.org/10.1186/s40104-022-00726-y>
- Wyness L. (2016). The role of red meat in the diet: Nutrition and health benefits. *Proceedings of the Nutrition Society*, 75(3): 227–232.

- Xiao-ling Y.U., Xue-bin L.I., Hui C. (2009). Relationship between pork color and water-holding capacity. *Food Sci.*, 30(23): 44–46.
- Yan E., Guo J., Yin J. (2023). Nutritional regulation of skeletal muscle energy metabolism, lipid accumulation and meat quality in pigs. *Animal Nutrition*, 14: 185–192; DOI: 10.1016/j.aninu.2023.04.009.
- Yang J., Zhou F., Luo X., Fang Y., Wang X., Liu X., Xiao R., Jiang D., Tang Y., Yang G., You L., Zhao Y. (2025). Enhancer reprogramming: Critical roles in cancer and promising therapeutic strategies. *Cell Death Discovery*, 11(1), 84; <https://doi.org/10.1038/s41420-025-02366-3>
- Yin C., Zhou P., Wang Y., Yin Z., Liu Y. (2024). Using genomic selection to improve the accuracy of genomic prediction for multi-populations in pigs. *Animal*, 18(2), 101062.
- Yu J., Tao W., Ai X., Liu Q., Ma J., Xu L., Li Q., Wang W., Huang R., Zhao Q., Li P. (2025). Identification of new candidate genes affecting drip loss in pigs based on genomics and transcriptomics data. *J. Anim. Sci.*, 103, skaf177; <https://doi.org/10.1093/jas/skaf177>
- Zhang J., Li J., Wu C., Hu Z., An L., Wan Y., Fang C., Zhang X., Li J., Wang Y. (2020). The Asp298Asn polymorphism of melanocortin-4 receptor (MC4R) in pigs: evidence for its potential effects on MC4R constitutive activity and cell surface expression. *Anim. Genet.*, 51: 694–706; <https://doi.org/10.1111/age.12986>
- Zhang W., Zhang J., Xie X., Chen S. (2021). Genetic parameters and correlations of fat deposition traits and meat quality in pigs. *J. Anim. Sci. Biotechnol.*, 12(1): 1–12.
- Zhang Y., Zhang J., Wang C., Dai H., Du X., Li Q., Pan Z. (2023). The super-enhancer repertoire in porcine liver. *J. Anim. Sci.*, 101, skad056; <https://doi.org/10.1093/jas/skad056>
- Zhao Y., Hou Y., Xu Y., Luan Y., Zhou H., Qi X., Hu M., Wang D., Wang Z., Fu Y., Li J.A. (2021). A compendium and comparative epigenomics analysis of cis-regulatory elements in the pig genome. *Nature Communications*, 12, 2217; <https://doi.org/10.1038/s41467-021-22448-x>
- Zhuang Z., Wu J., Xu C., Ruan D., Qiu Y., Zhou S., Ding R., Quan J., Yang M., Zheng E., Wu Z., Yang J. (2022). The genetic architecture of meat quality traits in a crossbred commercial pig population. *Foods*, 11(19), 3143; <https://doi.org/10.3390/foods11193143>

Zatwierdzono do druku: 1 VI 2026

## **APPLICATION OF MOLECULAR GENETICS IN THE IMPROVEMENT OF CARCASS AND MEAT QUALITY TRAITS IN PIGS**

**Anna Antonyk, Thierry Van De Wetering, Arkadiusz Terman**

### **SUMMARY**

Pork is one of the most frequently chosen types of meat among consumers. According to recent data, the demand for pork continues to increase, with per capita consumption in Poland reaching approximately 45 kg per year. Contemporary consumers increasingly prefer high-quality meat products characterized primarily by their health-promoting properties. The quality of pork is influenced both by breeding factors and genetic aspects related to the planned selection of animals and reproductive management aimed at producing offspring with desirable production, health, and utility traits. Environmental factors also play an important role, including pig production systems, which represent a key determinant of fresh pork quality. These encompass housing systems as well as feeding strategies that affect the technological, sensory, and nutritional properties of meat. Pig production systems, including intensive and extensive systems, differ significantly in their impact on meat quality. Intensive production

ensures high efficiency but may be associated with increased stress levels in animals and a deterioration of certain meat quality traits. In contrast, extensive systems and the use of local breeds often result in meat with higher intramuscular fat (IMF) content, higher pH values, and improved sensory characteristics. Access to outdoor areas, increased space allowance, and more natural environmental conditions affect animal activity, which in turn influences muscle structure and meat quality. At the same time, it is emphasized that these effects are complex and depend on the interaction of multiple genetic and environmental factors. Studies also indicate that local pig breeds, despite lower production efficiency, may provide raw material of high technological and sensory quality. Through the application of rigorous selection and appropriate mating strategies, pork production has increased significantly. Genetic research makes a substantial contribution to improving pork quality, particularly its chemical composition. The identification of candidate genes with potential as genetic markers, together with the analysis of environmental influences, has expanded knowledge on muscle growth and development, supporting breeders in meeting current consumer demands for high-quality pork.

Keywords: pork, meat quality, SNP, QTL