

KINGA KROPIWIEC, MAREK BABICZ, EWA SKRZYPCZAK

## CHARAKTERYSTYKA FIZYKOCHEMICZNA PODROBÓW WIEPRZOWYCH UZYSKANYCH Z TUCZNIKÓW O ZRÓŻNICOWANYM GENOTYPIE *RYRI*

### Streszczenie

Podroby wieprzowe zaliczane są do grupy jadalnych ubocznych surowców rzeźnych. Ze względu na dużą zawartość żelaza, witamin oraz wysokowartościowego białka mogą być cennymi składnikami potraw kulinarnych. Celem pracy było określenie wpływu genetycznie uwarunkowanej podatności/odporności na stres tuczników rasy puławskiej na wybrane parametry fizyczne i chemiczne wybranych podrobów: ozora, nerek, płuc, wątroby oraz serca.

Badania przeprowadzono na grupie 80 tuczników rasy puławskiej (40 osobników o genotypie C/C w locus *RYRI*, 40 osobników o genotypie C/T w locus *RYRI*). Polimorfizm genu *RYRI* określono metodą PCR-RLFP. W podrobach oznaczono: pH ( $pH_{45}$ ,  $pH_{24}$ ), udział wody wolnej oraz zawartość: białka, tłuszczu i związków mineralnych w postaci popiołu.

Najniższym  $pH_{45}$  (6,10) charakteryzowała się wątroba pochodząca z tusz o genotypie C/T, natomiast najwyższym – (6,52) płuca uzyskane z tusz tuczników homozygot niepodatnych na stres (*RYRI* C/C). Po 24 h od uboju pH podrobów uległo obniżeniu i zawierało się w zakresie: 5,68 ÷ 6,10. Zawartość białka w badanych elementach wynosiła od 12,97 % w płucach – genotyp C/C do 19,73 % w wątrobie – genotyp C/T. Wykazano istotne różnice ( $p \leq 0,05$ ) pomiędzy genotypami zwierząt pod względem zawartości tłuszczu w sercu, płucach i nerkach. W wymienionych podrobach tuczników o genotypie C/T stwierdzono istotnie mniej ( $p < 0,05$ ) tłuszczu w porównaniu z genotypem C/C. Różnice zawartości tłuszczu w wątrobie zwierząt o genotypie C/C (8,11 %) oraz C/T (5,62 %) były istotne na poziomie  $p < 0,01$ .

**Słowa kluczowe:** świnie, rasa puławska, genotyp *RYRI*, podroby wieprzowe

---

Mgr inż. K. Kropiwiec, dr hab. M. Babicz, prof. UP, Katedra Hodowli i Technologii Produkcji Trzody Chlewnej, Wydz. Biologii i Hodowli Zwierząt, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ul. Akademicka 13, 20-950 Lublin, dr inż. E. Skrzypczak, Katedra Hodowli i Produkcji Trzody Chlewnej, Wydz. Hodowli i Biologii Zwierząt, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, ul. Wojska Polskiego 28, 60-637 Poznań. Kontakt: kingakropiwiec@gmail.com

## Wprowadzenie

Zgodnie z Polską Normą [18, 20] podroby są to jadalne narządy wewnętrzne oraz inne części ciała zwierząt rzeźnych niewchodzące w skład tusz, półtuszy i ćwierćtuszy. Cechy sensoryczne i fizykochemiczne podrobów są odmienne.

Dużą wartością odżywczą charakteryzuje się wątroba. Jak podają Florek i wsp. [7], wątroba cielęca oraz wołowa zawierają więcej niektórych składników mineralnych, np. żelaza, cynku, magnezu i wapnia niż tkanka mięśniowa. Jest ona również cennym źródłem witaminy A i witamin z grupy B [3]. Podrobami o korzystnym składzie związków mineralnych i witamin są także: mózg, ozór, serce i nerki [16]. Śledziona oraz płuca mają niższą wartość konsumpcyjną i handlową ze względu na budowę histologiczną.

Na jakość surowca wieprzowego wpływają zarówno czynniki środowiskowe (warunki zoohigieniczne, żywienie, czynności związane z ubojem) [24, 28], jak również genetyczne (rasa, płeć, typ użytkowy) [12, 10]. Mięso i tłuszcz o wysokiej jakości technologicznej oraz konsumpcyjnej uzyskuje się ze świń rasy puławskiej [29], dlatego są one wykorzystywane do produkcji wieprzowiny o pożądanym cechach sensorycznych [2]. W odniesieniu do uwarunkowań genetycznych jednym z genów o istotnym oddziaływaniu na jakość mięsa wieprzowego (szczególnie wyglądu ogólnego, kruchości i soczystości) jest gen receptora ryanodiny (*RYRI*) [17]. Gen *RYRI* zlokalizowany jest na 6 chromosomie świni domowej. W przypadku rasy puławskiej występują dwa allele genu *RYRI*: C i T [1]. U świń o genotypie *RYRI* C/T (heterozygotyczne nosiciele mutacji genu) mogą wystąpić klasyczne objawy stresu (PSS) przy silnym działaniu czynników stresogennych, np. w czasie załadunku lub transportu [4]. Uważa się, że indywidualna odpowiedź immunologiczna i neuroendokrynną osobnika na stres może wpływać na homeostazę oraz procesy metaboliczne. Dowiedziono bowiem, że polimorfizm w locus *RYRI* wpływa na zawartość mięsa w tuszy oraz kształtuje jego jakość konsumpcyjną i technologiczną [13]. Pojawienie się u osobników ze zmutowanym allelem genu *RYRI* ujemnie naładowanej cysteiny w miejsce argininy o ładunku dodatnim powoduje przyciąganie jonów  $Ca^{2+}$  w okolicy kanału wapniowego i sprzyja wydostaniu się ich z retikulum sarkoplazmatycznego. Nadmierny wypływ jonów  $Ca^{2+}$  do cytozolu stwarza konieczność przemieszczania ich powrotnie do retikulum metodą tzw. pompy wapniowej. Jest to proces wymagający dostarczenia energii, co powoduje zmniejszenie zasobów ATP w komórce, a to w konsekwencji prowadzi do intensywnego skurczu mięśni [25]. Wyżej wymienione procesy fizjologiczne mają zatem wpływ na jakość tkanki mięśniowej [14]. Brak jest natomiast danych dotyczących asocjacji polimorfizmu genu *RYRI* z parametrami narządów wewnętrznych tuczników.

Celem pracy było określenie wpływu genotypu *RYRI* C/C i *RYRI* C/T tuczników rasy puławskiej na wybrane parametry fizyczne i chemiczne wybranych podrobów, tj. ozora, nerek, płuc, wątroby oraz serca.

### Material i metody badań

Badaniom poddano 80 tuczników rasy puławskiej utrzymywanych w gospodarstwie indywidualnym, realizującym Program Ochrony Zasobów Genetycznych Świń Rasy Puławskiej. Tuczniki (po 10 szt.) utrzymywano zgodnie z wymaganiami dobrostanu w kojcach ściółkowych o powierzchni 1,1 m<sup>2</sup>/szt. Osobniki żywione były mieszanką pełnoporcjową zawierającą 15 % białka, 2,2 % tłuszczu, 5,5 % włókna oraz 12,7 MJ energii metabolicznej. Do badań wytypowano tuczniki o zidentyfikowanych genotypach w locus *RYRI*: C/C – osobniki niepodatne na stres (40 szt.), C/T – osobniki częściowo wykazujące podatność na stres przy działaniu silnych czynników stresogennych (40 szt.). Liczba genotypów *RYRI* C/C i *RYRI* C/T oraz rozkład płci w każdej grupie wynosiły 1 : 1. Materiał biologiczny do izolacji DNA stanowiły cebulki włosowe tuczników. Izolacja DNA została przeprowadzona przy użyciu zestawu Sherlock AX (A&A Biotechnology) zgodnie z procedurą podaną przez producenta. Polimorfizm w locus *RYRI* określano metodą PCR-RLFP [8]. Do reakcji PCR wykorzystano termocykler Engine MJ Research (PTC–200 Peltier Thermal Cycler).

Tuczniki poddano ubojowi w zakładach mięsnych. Masa ciała tuczników wynosiła od 104,6 do 109,3 kg. Do badań laboratoryjnych pobierano: ozory, nerki, płuca, wątroby i serca. Określano masę tych podrobów.

W próbkach podrobów oznaczano: pH<sub>45</sub> i pH<sub>24</sub> – pomiary wykonywano za pomocą aparatu PH-STAR CPU, udział wody wolnej metodą Grau'a i Hamma [9] w modyfikacji Pohji i Niinivaary [23] oraz zawartość składników chemicznych: białka – metodą Kjeldahla w aparacie Kjelttec 2100 Foss Tecator zgodnie z PN-75/A-04018 [19], tłuszczu – metodą Soxhleta według PN-ISO 1444:2000 [22] oraz związków mineralnych w postaci popiołu zgodnie z PN-ISO 936:2000 [21].

Za pomocą analizy statystycznej ustalono asocjację polimorfizmu w locus *RYRI* z wybranymi parametrami narządów wewnętrznych tuczników. Poszczególne genotypy genu *RYRI* odniesiono do wyżej wymienionych cech fizycznych i chemicznych charakteryzujących wybrane narządy wewnętrzne.

Obliczenia w odniesieniu do genotypów i cech wybranych narządów wewnętrznych przeprowadzono, wykorzystując pakiet statystyczny SAS. Poziom analizowanych cech przedstawiono jako średnie najmniejszych kwadratów (LSM), podając jednocześnie wartość błędów standardowych (SE) określających wiarygodność szacunków.

### Wyniki i dyskusja

W badaniach własnych nie zaobserwowano statystycznie istotnego ( $p < 0,05$ ;  $p < 0,01$ ) związku pomiędzy polimorfizmem w locus *RYRI* a masą wybranych podrobów wieprzowych. Jakkolwiek stwierdzono, że średnia masa poszczególnych podro-

bów uzyskanych z osobników o genotypie C/T w locus *RYRI* była mniejsza niż masa analogicznych elementów pozyskanych z tuczników o genotypie C/C (tab. 1).

Tabela 1. Masa podrobów wieprzowych w zależności od genotypu genu *RYRI*  
Table 1. Weight of pork offal depending on the genotype of *RYRI* gene

Podroby wieprzowe Pork offal	Genotyp Genotype	Masa / Weight [g]	
		LSM	SE
Ozór Tongue	C/T	279,8	4,5
	C/C	291,5	5,6
Serce Heart	C/T	391,3	6,3
	C/C	407,2	7,1
Płuca Lungs	C/T	997,4	48
	C/C	1012,7	63
Wątroba Liver	C/T	1830,5	45,1
	C/C	2119,7	51,2
Nerki Kidneys	C/T	200,1	5,9
	C/C	202,9	6,1

Objaśnienia: / Explanatory notes:

LSM – średnia najmniejszych kwadratów / least squares mean; SE – błąd standardowy / standard error.

Babicz i wsp. [2] nie wykazali istotnych różnic w zakresie jakości połówicy oraz szynki uzyskanych z tusz tuczników rasy puławskiej o odmiennej podatności na czynniki stresogenne, chociaż mięso tuczników o genotypie C/T charakteryzowało się niższym pH<sub>45</sub> i pH<sub>24</sub> oraz większą zawartością wody wolnej [2].

W badaniach własnych podjęto próbę określenia wpływu podatności świń na stres, na wartości wyżej wymienionych parametrów wybranych podrobów wieprzowych (tab. 2).

W żadnym z badanych podrobów nie stwierdzono różnic statystycznie istotnych pomiędzy wartościami pH (mierzonymi 45 min i 24 h po uboju). Najniższym pH<sub>45</sub>, równym 6,0 charakteryzowała się wątroba pochodząca z tusz o genotypie C/T, najwyższym zaś (pH = 6,52) – płuca uzyskane z tuczników z grupy homozygot niepodatnych na stres (*RYRI* C/C). Pomiary dokonane dobę po uboju wykazały obniżenie pH. Uzyskane wyniki zawierały się w granicach od 5,68 (ozór tuczników o genotypie C/T) do 6,10 (nerki tuczników o genotypie C/C).

Tabela 2. Cechy fizykochemiczne podrobów wieprzowych w zależności od genotypu genu *RYRI*Table 2. Physicochemical parameters of pork offal depending on genotype of *RYRI* gene

Podroby wieprzowe Pork offal	Genotyp Genotype	pH <sub>45</sub>		pH <sub>24</sub>		Woda wolna [%] Free water [%]	
		LSM	SE	LSM	SE	LSM	SE
Ozór Tongue	C/T	6,31	0,12	5,68	0,11	17,6	0,46
	C/C	6,46	0,17	5,83	0,15	16,7	0,48
Serce Heart	C/T	6,13	0,14	5,71	0,19	17,2 <sup>a</sup>	0,29
	C/C	6,20	0,15	5,83	0,18	15,5 <sup>b</sup>	0,32
Płuca Lungs	C/T	6,31	0,29	5,86	0,25	18,8 <sup>a</sup>	0,31
	C/C	6,52	0,22	5,98	0,30	16,6 <sup>b</sup>	0,34
Wątroba Liver	C/T	6,10	0,19	5,61	0,14	19,5	0,38
	C/C	6,35	0,18	5,89	0,20	17,9	0,47
Nerki Kidneys	C/T	6,30	0,25	5,97	0,16	13,4 <sup>a</sup>	0,21
	C/C	6,41	0,35	6,10	0,21	11,4 <sup>b</sup>	0,19

Objaśnienia: / Explanatory notes:

LSM – średnia najmniejszych kwadratów / least squares mean; SE – błąd standardowy / standard error

a, b – różne litery oznaczają różnice statystycznie istotne w obrębie analizowanego parametru charakteryzującego wybrane podroby ( $p < 0,05$ ) / different letters mean statistically significant differences within the parameter analyzed selected pork offal ( $p < 0.05$ ).

Według Dolatowskiego i wsp. [6] pH wpływa na zdolność wiązania wody przez dany mięsień. Wyniki badań własnych (tab. 2) dowiodły, że zawartość wody wolnej była kształtowana również przez genotyp genu *RYRI*. We wszystkich elementach pochodzących z tuczników rasy puławskiej o genotypie C/C, w porównaniu z podrobami tuczników o układzie alleli C/T stwierdzono zmniejszenie zawartości wody wolnej, co jest zbieżne z wynikami Silveiry i wsp. [27]. Istotne różnice statystyczne ( $p \leq 0,05$ ) stwierdzono w przypadku płuc, nerek oraz serca. Różnice zawartości wody wynosiły odpowiednio [%]: 2,2, 2,0 oraz 1,7, z korzyścią dla podrobów uzyskanych z tusz tuczników homozygotycznych *RYRI* C/C.

Atrakcyjność konsumpcyjna wyrobu kształtowana jest przez udział w nim podstawowych składników chemicznych [26]. Zawartość białka, tłuszczu oraz popiołu wpływa jednocześnie na jakość technologiczną surowców zwierzęcych [5]. Jak wykazali Jankowiak i wsp. [11], mutacja w genie *RYRI* oddziaływała na zawartość tłuszczu w mięsie świń rasy złotnickiej pstrej. Mięso z tusz tuczników o genotypie *RYRI* C/T zawierało ok. 2,31 % tłuszczu, natomiast mięso tuczników o genotypie *RYRI* C/C zawierało mniej tego składnika, tj. ok. 2,17 %. Z badań własnych wynika, że polimorfizm w locus *RYRI* oddziaływał na zawartość tłuszczu w podrobach tuczników rasy

puławskiej (tab. 3). Istotne różnice statystyczne ( $p \leq 0,05$ ) zaobserwowano w odniesieniu do serca, płuc oraz nerek. Pomiedzy genotypami C/T a C/C stwierdzone różnice wynosiły odpowiednio [%]: 0,72, 1,56 i 1,01. Statystyczne różnice ( $p \leq 0,01$ ) pod względem zawartości tłuszczu zaobserwowano w przypadku wątroby. W wątrobie z tuczników o genotypie C/C (8,11 % tłuszczu) stwierdzono o 2,49 % więcej tłuszczu w porównaniu z analogicznym elementem z tuczników o genotypie C/T. W odniesieniu do udziału białka oraz zawartości związków mineralnych w postaci popiołu nie zaobserwowano różnic statystycznie istotnych. Udział białka w badanych elementach wynosił od 12,97 % (płuca – genotyp C/C) do 19,73 % (wątroba – genotyp C/T). Zawartość popiołu wahała się od 0,98 % (ozór z tuczników o genotypie C/T w locus *RYRI*) do 1,67 % (wątroba – genotyp C/C). Należy zaznaczyć, że zawartość białka i popiołu w badanych podrobach była zbliżona do danych literaturowych, podczas gdy zawartość tłuszczu była nieznacznie większa [30].

Tabela 3. Skład chemiczny podrobów wieprzowych w zależności od genotypu genu *RYRI*

Table 3. Chemical composition of pork offal depending on genotype of *RYRI* gene

Podroby wieprzowe Pork offal	Genotyp Genotype	Białko Protein [%]		Tłuszcz Fat [%]		Zw. miner. jako popiół Mineral components in the form of ash [%]	
		LSM	SE	LSM	SE	LSM	SE
Ozór Tongue	C/T	15,13	0,51	11,18	0,29	0,95	0,01
	C/C	14,79	0,46	11,85	0,30	1,01	0,03
Serce Heart	C/T	17,24	0,38	2,69 <sup>a</sup>	0,17	0,98	0,03
	C/C	16,74	0,41	3,41 <sup>b</sup>	0,21	1,02	0,03
Płuca Lungs	C/T	13,48	0,32	4,55 <sup>a</sup>	0,15	1,05	0,04
	C/C	12,97	0,42	6,11 <sup>b</sup>	0,17	1,12	0,07
Wątroba Liver	C/T	19,73	0,47	5,62 <sup>A</sup>	0,21	1,30	0,04
	C/C	19,58	0,45	8,11 <sup>B</sup>	0,25	1,67	0,06
Nerki Kidneys	C/T	16,35	0,41	3,30 <sup>a</sup>	0,12	1,13	0,02
	C/C	16,10	0,38	4,31 <sup>b</sup>	0,16	1,08	0,03

Objaśnienia: / Explanatory notes:

LSM – średnia najmniejszych kwadratów / least squares mean; SE – błąd standardowy / standard error  
a, b, A, B – różne litery oznaczają różnice statystycznie istotne w obrębie analizowanego parametru charakteryzującego wybrane podroby ( $p < 0,05$ ;  $p < 0,01$ ) / different letters mean statistically significant differences within the parameter analyzed selected porc offal ( $p < 0,05$ ;  $p < 0,01$ ).

## Wnioski

1. Nie zaobserwowano zależności pomiędzy genotypem genu *RYR1* a masą wybranych podrobów uzyskanych ze świń rasy puławskiej.
2. Wartości pH<sub>45</sub> i pH<sub>24</sub> w badanych podrobach wieprzowych nie wykazywały istotnych związków z genotypami *RYR1* C/C i *RYR1* C/T.
3. Wykazano istotne asocjacje między polimorfizmem w locus *RYR1* a zawartością wody wolnej w sercu, płucach i nerkach oraz zawartością tłuszczu w sercu, płucach, nerkach ( $p \leq 0,05$ ) i wątrobie ( $p \leq 0,01$ ).
4. Badane podroby tuczników o genotypie C/T charakteryzowały się istotnie większą zawartością wody wolnej oraz mniejszą zawartością tłuszczu.

## Literatura

- [1] Babicz M., Kurył J., Walkiewicz A.: Evaluation of the genetic profile of the Pulawska breed. J. Appl. Genet., 2003, **44** (4), 497-508.
- [2] Babicz M., Kamyk P., Rejduch B., Kozubska-Sobocińska, A., Stasiak A., Lechowski J.: Use of Pulawska breed pig for specific-quality pork production. Med. Weter., 2010, **66** (8), 555-558.
- [3] Biesalski H.: Meat as a component of healthy diet – are there any risk or benefits if meat is avoided in the diet? Meat Sci., 2005, **3** (70), 509-524.
- [4] Ciepielewski Z.M., Stojek W., Glac W., Myślińska D., Kwaczyńska A., Kamyczek M.: The effects of ryanodine receptor 1 (RYR1) mutation on plasma cytokines and catecholamines during prolonged restraint in pigs. Vet. Immunol. Immunop., 2013, **156** (3-4), 176-181.
- [5] Czarniecka-Skubina E., Przybylski W., Jaworska D., Wachowicz I., Urbańska I., Niemyjski S.: Charakterystyka jakości mięsa wieprzowego o zróżnicowanej zawartości tłuszczu śródmięśniowego. Żywność. Nauka. Technologia. Jakość, 2007, **6** (55), 285-294.
- [6] Dolatowski Z.J., Twarda J., Dudek M.: Zmiany uwodnienia mięsa podczas dojrzewania. Annales UMCS, Sec. E., 2004, **LIX** (4), 1595-1606.
- [7] Florek M., Litwińczuk Z., Skąlecki P., Kędzińska-Matysek M., Grodzicki T.: Chemical composition and inherent properties of offal from calves maintained under two production systems. Meat Sci., 2012, **90** (2), 402-409.
- [8] Fujii J., Otsu K., Zorzato F., De Leon S., Khanna V.K., Weiler J.E., O'Brien P.J., MacLennan D.H.: Identification of a mutation in porcine ryanodine receptor associated with malignant hyperthermia. Science, 1991, **253** (5018), 448-451.
- [9] Grau R., Hamm R.: Eine einfache Methode zur Bestimmung der Wasserbindung in Fleisch. Fleischwirtschaft, 1952, **4**, 295-297.
- [10] Grześkowiak E., Borzuta K., Lisiak D., Strzelecki J., Janiszewski P.: Właściwości fizykochemiczne i sensoryczne oraz skład kwasów tłuszczowych mięśnia *longissimus dorsi* mieszańców pbz x wbp oraz pbz x (d x p). Żywność. Nauka. Technologia. Jakość, 2010, **6** (73), 189-198.
- [11] Jankowiak H., Kapelański W., Wilkanowska A., Cebulska A., Biegniowska M.: The effect of CLPS and RYR1 gene polymorphism on meat quality of Złotnicka Spotted Pigs. J. Cent. Eur. Agric., 2010, **11** (1), 93-98.
- [12] Koćwin-Podsiadła M.: Genetyczne i żywieniowe czynniki modyfikujące jakość wieprzowiny. W: Stan aktualny i perspektywy rozwoju wybranych dziedzin produkcji żywności i pasz. Wyd. PTTŻ Oddział Wielkopolski, Poznań 1998, ss. 173-216.

- [13] Koćwin-Podsiadła M., Kurył J., Przybylski W.: Fizjologiczne i genetyczne tło występowania wad wieprzowiny indukowanych stresem. *Prace i Mat. Zoot.*, 1993, **44**, 5-32.
- [14] Koćwin-Podsiadła M., Przybylski W., Kurył J., Talmant A., Monin G.: Muscle glycogen level and meat quality in pigs of different halothane genotypes. *Meat Sci.*, 1995, **40** (1), 121-125.
- [15] Kołożyn-Krajewska D., Sikora T.: *Towaroznawstwo żywności*. WSiP, Warszawa 2004.
- [16] Kunachowicz H., Nadolna I., Iwanow K., Przygoda B.: *Wartość odżywcza wybranych produktów spożywczych i typowych potraw*. Wyd. Lek. PZWL, Warszawa 2010.
- [17] Moelich E.I., Hoffman L.C., Conradie P.J.: Sensory and functional meat quality characteristics of pork derived from three halothane genotypes. *Meat Sci.*, 2003, **63** (3), 333-338.
- [18] PN-A-82000:1965. Mięso i podroby zwierząt rzeźnych. Wspólne wymagania i badania.
- [19] PN-A-04018:1975. Produkty rolniczo-żywnościowe. Oznaczanie azotu metodą Kjeldahla i przeliczanie na białko.
- [20] PN-A-82004:1986. Podroby zwierząt rzeźnych.
- [21] PN-ISO 936:2000. Mięso i przetwory mięsne. Oznaczanie popiołu całkowitego.
- [22] PN-ISO 1444:2000. Mięso i przetwory mięsne. Oznaczanie zawartości tłuszczu wolnego.
- [23] Pohja N.S., Niinivaara F.P.: Die Bestimmung der Wasserbindung im Fleisch mittels der Konstantdrückmethode. *Fleischwirtschaft*, 1957, **43** (9), 193-195.
- [24] Przybylski W., Jaworska D., Boruszewska K., Borejko M., Podsiadły W.: Jakość technologiczna i sensoryczna mięsa wieprzowego. *Żywność. Nauka. Technologia. Jakość*, 2012, **1** (80), 116-127.
- [25] Rossi A.E., Boncompagni S., Dirksen R.T.: Sarcoplasmic reticulum-mitochondrial symbiosis: Bidirectional signalling in skeletal muscle. *Exerc. Sport Sci. Rev.*, 2009, **37** (1), 29-35.
- [26] Sałyga M., Walkiewicz A., Babicz M.: Analiza jakości technologicznej i konsumpcyjnej mięsa świniodzików. *Ann. UMCS, sec. EE*, 2007, **XXV**(2), 127-132.
- [27] Silveira A.C.P., Freitas P.F.A., Cesara.S.M., Antunes R.C., Guimaraes E.C., Batista D.F.A., Torido L.C.: Influence of the halothane gene (HAL) on pork quality in two commercial crossbreeds. *Genet Mol Res.*, 2011, **10** (3), 1479-1489.
- [28] Sobotka W., Pomianowski J. F., Wójcik A.: Wpływ zastosowania genetycznie zmodyfikowanej poekstrakcyjnej śruty sojowej oraz poekstrakcyjnej śruty rzepakowej „00” na efekty tuczu, właściwości technologiczne i sensoryczne mięsa świń. *Żywność. Nauka. Technologia. Jakość*, 2012, **1** (80), 106-115.
- [29] Stasiak A., Kamyk P.: Skład chemiczny i jakość mięsa tuczników ras wbp, pbz i puławskiej pochodzących z Lubelszczyzny. *Ann. UMCS, sec. EE*, 2001, **XIX** (15), 115-119.
- [30] Zin M., Znamierowska A.: *Ocena i przetwórstwo mięsa*. Wyd. Mitel, Rzeszów 2001.

#### PHYSICOCHEMICAL PROFILE OF PORK OFFAL DERIVED FROM FATTENERS WITH DIFFERENT *RYRI* GENOTYPE

##### S u m m a r y

Pork offal are classified as edible by-products of meat derived from slaughtered animals. Owing to a high content of iron, vitamins, and high-valued proteins, pork offal may also be valuable components of food dishes.

The objective of the research study was to determine the effect of genetically determined stress susceptibility/resistance of Pulawska breed fatteners on some physical and chemical parameters of the selected offal: tongue, kidneys, lungs, liver, and heart.

The analyses were conducted on a group of 80 Pulawska breed fatteners (40 fatteners of C/C genotype at *RYRI* locus and 40 fatteners of C/T genotype at *RYRI* locus). The polymorphism of *RYRI* gene was



determined using a PCR-RLFP method. In the offal, the following was determined: pH ( $\text{pH}_{45}$ ,  $\text{pH}_{24}$ ); percent content of free water as well as the contents of protein, fat, and mineral compounds in the form of ash.

The liver derived from the carcasses of fatteners with the C/T genotype was characterized by the lowest value of  $\text{pH}_{45}$  (6, 10) whereas the lungs derived from the fatteners in the group of homozygotes that were not stress-sensitive (RYR1 C/C) were characterized by the highest  $\text{pH}_{45}$  value (6.52). 24 hours after slaughter, pH of offal decreased and ranged from 5.68 to 6.10. The content of protein in the elements analyzed was from 12.97 % in the lungs of fatteners with the C/C genotype to 19.73 % in the liver of the C/T genotype). Statistically significant differences ( $p \leq 0.05$ ) were reported between the genotypes of the animals as regards the content of fat in the heart, lungs, and kidneys. In the above listed offal of the fatteners with the C/T genotype, the content of fat was found to be significantly ( $p < 0.05$ ) lower compared to the fatteners having the C/C genotype. Differences ( $p \leq 0.01$ ) in the fat content in livers of animals with the C/C genotype (8.11 %) and C/T genotype (5.62 %) were significant at ( $p < 0.05$ ).

**Key words:** pigs, Pulawska breed, RYR1 genotype, pork offal ☒