

POPULARNONAUKOWE STRESZCZENIE PROJEKTU

Emu (*Dromaius novaehollandiae*) jest drugim co do wielkości ptakiem na świecie i największym rodzimym ptakiem Australii, którego komercyjna hodowla prowadzona jest od 1970 roku. Ptaki te odznaczają się dużą zdolnością przystosowawczą do zróżnicowanych warunków klimatycznych, o czym świadczy zasięg ich występowania, obejmujący niemal wszystkie kontynenty. Znaczenie gospodarcze i rosnąca popularność emu w różnych krajach świata, wiąże się z możliwością wszechstronnego wykorzystania tych ptaków. Początkowo jednak emu utrzymywano głównie dla skóry i tłuszczu z którego ekstrahowano wartościowy olej. Mięso traktowano jako produkt uboczny, bowiem uważano niesłusznie, że jest bardzo tłuste. Dopiero w późniejszym czasie odkryto, że mięso tego ptaka przypomina w smaku młodą wołowinę i posiada wiele walorów odżywczych.

Celem projektu badawczego jest 1) określenie wpływu wieku na skład proteomu mięśni emu oraz 2) określenie przemian zachodzących w procesie dojrzewania mięsa emu poprzez analizę zmian proteomu mięsa. Badania wykonane zostaną na mięśniach uda (*m. iliotibialis lateralis*) pozyskanych poubojowo od młodych ptaków rzeźnych (1-letnich) i dorosłych (3-letnich) po okresie użytkowania reprodukcyjnego. Planowane badania mają na celu potwierdzenie dwóch hipotez zakładających, że: 1) wraz z rozwojem zwierząt zmiane ulegnie ilościowy, jak i jakościowy skład proteomu mięśni emu, manifestowany poprzez zmiany ekspresji białek aparatu kurczliwego mięśni, jako efekt hipertroficznego oraz zmiany aktywności metabolicznej związane np. z depozycją tłuszczu śródmięśniowego oraz zwiększającym się zapotrzebowaniem energetycznym, związanym z wyższą masą mięśniową oraz, że 2) proces dojrzewania mięsa wpływa na zmiany składu białkowego (proteomu) mięsa emu. Zmiany te będą wynikiem intensywnej degradacji proteolitycznej białek cytoszkieletarnych oraz efektem wyczerpania substancji energetycznych jako efekt utraty aprowizacji tkanki w składniki odżywcze i tlen skutkujących zmianami ekspresji białek związanych z metabolizmem energetycznym mięśni oraz białek związanych z odpowiedzią na stres niedotlenienia i stres oksydacyjny. Hipotezy badawcze zostaną zweryfikowane poprzez analizę profili białkowych mięsa emu.

Emu jest gatunkiem mało poznanym i stanowi cenny z punktu widzenia dociekań naukowych materiał badawczy. Dotychczasowe badania przeprowadzone na mięsie tych ptaków są ogólne i jest ich niewiele w porównaniu do innych gatunków ptaków użytkowych. Utworzenie map białkowych tkanki mięśniowej jest ważne z uwagi na fakt, że genom emu nie został w pełni zsekwencjonowany, a w dostępnych bazach danych (ncbi; uniprot) scharakteryzowano 269 oraz 211 białkowych produktów genów, skład aminokwasowy większości z nich przewidziano na podstawie sekwencji cDNA lub mRNA, występowanie jedynie 18 z nich zostało potwierdzonych na poziomie białek. Stworzenie map białkowych umożliwi scharakteryzowanie zarówno składu białkowego mięśni emu, jak i określenie relatywnej akumulacji białek tworzących ich strukturę oraz stanowiących podstawę zachodzących w nich procesów biochemicznych. W projekcie wykonane zostanie także porównanie profili białkowych mięśni pomiędzy zwierzętami o różnym wieku, w celu analizy różnic w metabolizmie tej tkanki wynikających m.in. z przyrostów masy mięśniowej. Ponadto przeprowadzone zostanie porównanie proteomu mięśni emu bezpośrednio po uboju oraz w 24h i 48h po nim w celu określenia przemian zachodzących w tkance mięśniowej post mortem, obrazujące metabolizm związany z przejściem tkanki mięśniowej w mięso.