

Tabele

Tabela 1. Analizowane geny kodujące enzymy szlaku metabolicznego kwasów tłuszczowych. W tabeli podano nazwę genu, jego lokalizację w genomie myszy laboratoryjnej (*Mus musculus*), tj. nr chromosomu oraz pozycję genu na chromosomie w centymorganach [cM], liczbę egzonów przypadającą na dany gen, długość nukleotydową [nt] sekwencji DNA (introny i egzony) oraz mRNA (egzony), liczbę aminokwasów [aa], składających się na białko kodowane przez dany gen wraz z powszechnie stosowanym symbolem tego białka.

Gen	Nr chromosomu	Pozycja na chromosomie [cM]	Liczba egzonów	DNA [nt]	mRNA [nt]	Białko [aa]	Symbol białka
<i>Scd1</i>	19	37,98	6	13259	1068	355	SCD-1c
<i>Fads1</i>	19	6,54	12	13983	1344	447	D5D
<i>Fads2</i>	19	6,36	12	37340	1335	444	D6D
<i>Elovl1</i>	4	54,61	6	4821	609	202	ELOVL1
<i>Elovl2</i>	13	20,38	8	38021	879	292	ELOVL2
<i>Elovl3</i>	19	38,75	4	3795	816	271	ELOVL3
<i>Elovl5</i>	9	43,36	7	67154	900	299	ELOVL5
<i>Elovl6</i>	3	58,05	4	106109	804	267	ELOVL6
<i>Srebf1</i>	11	37,81	19	23493	3405	1134	SREBP-1c

Tabela 2. Startery zaprojektowane w celu amplifikacji genów, kodujących enzymy szlaku metabolizmu kwasów tłuszczowych oraz ich charakterystyka. W tabeli podano nazwę genu, rodzaj użytej matrycy w reakcji PCR, zaprojektowane sekwencje starterów, ich długość (n), temperaturę topnienia poszczególnych starterów (Tm), ich jakość (Q) wyznaczoną w programie FastPCR, długość produktu uzyskanego dla danej pary starterów (ps, podana w parach zasad [pz]) oraz produktu końcowego dla danego genu.

Gen	Matryca	Sekwencja	n	Tm [°C]	Q	ps [pz]	Produkt końcowy [pz]	
<i>Scd1</i>	cDNA	F1: TTCGCGAGCCTGGCGTGCGCT	18	54,8	100	1340	1340	
		R: CCTCAAAACGTGATCAAAGCT	21	53,6	84			
	gDNA	F2: TCAGATCACCGAGGACTTCA	20	57,2	73	256		
		R2: TCGAAGGAGTTGCACTGTTCC	20	56,6	85			
<i>Fads1</i>	cDNA	F1: TTCGCGAGCCTGGCGTGCGCT	21	68,0	92	818	1799	
		R1: ACCTTCCCCAGGGCGAAGAAGA	22	62,0	72			
		F2: TCGACATGGAATCACCTGCTA	21	55,2	127			1145
		R2: TCGAAGGAGTTGCACTGTTCC	21	57,1	109			
<i>Fads2</i>	cDNA	F: ATCCGGGTAGACTGGCAGCAT	21	60,0	114	1357	1357	
		R: CTCATGAGAACCCTTCAGAACA	22	54,2	97			
	gDNA	F1: TCAGATCACCGAGGACTTCA	20	54,5	111	306		
		R1: GCCAATGACAACTTGTGGAC	21	55,1	98			
		F2: GGCTTGGGCCATCAGCTACTAT	22	58,9	72			1006
		R2: TGGTGCTCAATCTGGAAAT	19	51,5	68			
<i>Elovl1</i>	cDNA	F: CAGAACTTGCCCCTGAGAAG	20	55,6	85	1043	1043	
		R: TGCTCAGTCCTGACCACAGA	20	57,2	106			
<i>Elovl2</i>	cDNA	F: CTACCCTGGACAGCGCAT	18	56,8	105	1116	1116	
		R: CGGCATGGCTCCAGTTAGTA	20	56,5	85			
<i>Elovl3</i>	cDNA	F: TTCTGTCTGGGTTTCTTCG	20	54,5	61	1150	1150	
		R: TCCTTCCTAGGGCTTGGTTT	20	55,5	69			
<i>Elovl5</i>	cDNA	F: ACAAACGTGCGGGCACTAAG	20	62,7	110	1131	1131	
		R: TCACACTGCAGATAGTAGGGCC	22	58,1	104			
<i>Elovl6</i>	cDNA	F: ACAAACGTGCGGGCACTAAG	20	58,2	84	1030	1030	
		R: GCACCATATGGGATTCTTTG	20	53,6	97			
<i>Srebf1</i>	cDNA	F1: AACGTGGGCCTAGTCCGAA	19	57,9	85	769	3605	
		R1: GCAGTGAGTCTGCCTTGATG	20	56,0	109			
		F2: AAGATGTACCCGTCCGTGTC	20	56,3	63			838
		R2: TGTGCACTTCGTAGGGTCAG	20	56,5	110			
		F3: CCATCTTGCCACAGTACCT	20	56,6	80	1017		
		R3: GGATGAGGTTCCAAAGCAGA	20	54,7	87			
		F4: ACAAGCTGACCTGGATTTGG	20	55,2	101	1121		
		R4: TGCCAGTTGGTGTAGAGGCTAA	22	57,6	91			
		F5: TTCTCTGTGCACTCCAGCAT	20	55,5	68	1037		
R5: ACTAAGGTGCCTACAGAGCA	20	54,9	102					

Tabela 3. Optymalizacja warunków reakcji PCR amplifikowanych genów. Ta – temperatura przyłączania starterów.

Gen	Matryca	Ta (°C)	liczba cykli
<i>Scd1</i>	<i>cDNA</i>	66	35
	<i>gDNA</i>	57	30
<i>Fads1</i>	<i>cDNA</i>	60	37
<i>Fads2</i>	<i>cDNA</i>	58	30
	<i>gDNA</i>	58	30
<i>Elovl1</i>	<i>cDNA</i>	57	37
<i>Elovl2</i>	<i>cDNA</i>	57	35
<i>Elovl3</i>	<i>cDNA</i>	57	37
<i>Elovl5</i>	<i>cDNA</i>	58	37
<i>Elovl6</i>	<i>cDNA</i>	58	37
<i>Srebf1</i>	<i>cDNA</i>	57	35

Tabela 4. Startery wykorzystane w reakcji real-time PCR; ps – wielkość produktu reakcji sekwencjonowania [pz – pary zasad]; n – długość startera [pz – pary zasad]; Tm – temperatura topnienia; Q – jakość startera wyliczona w programie FastPCR.

Gen	Primer	ps [pz]	n [pz]	Tm [°C]	Q
<i>Scd1</i> #	F: CATTCAATCCCGGGAGAATA	139	20	51,7	72
	R: GTCGATGAAGAACGTGGTGA		20	54,5	87
<i>Fads1</i> **	F: TGTGTGGGTGACACAGATGA	115	20	55,6	54
	R: GTTGAAGGCTGATTGGTGAA		20	53,2	63
<i>Fads2</i> #	F: CCACCGACATTTCCAACAC	133	19	54,2	58
	R: GGGCAGGTATTTTCAGCTTCTT		21	55,1	78
<i>Elovl1</i> #	F: CCCTACCTTTGGTGGGAAGAA	137	20	54,1	92
	R: ATCCAGATGAGGTGGATGATGA		22	54,8	67
<i>Elovl2</i> #	F: ACGCTGGTCATCCTGTTCTT	119	20	56,0	75
	R: GCCACAATTAAGTGGGCTTT		20	54,0	89
<i>Elovl3</i> **	F: TTTGCCATCTACACGGATGA	143	20	53,6	97
	R: GTGCTGTGGTGGTACCAGTG		20	58,1	97
<i>Elovl5</i> **	F: CGGGAGAATCCGATATGAAG	118	20	52,3	57
	R: ACGGTGATCTGGTGGTTGTT		20	56,3	104
<i>Elovl6</i> #	F: ACAATGGACCTGTCAGCAAA	119	20	54,4	84
	R: GTACCAGTGCAGGAAGATCAGT		22	56,2	80
<i>Srebf1</i> #	F: TGC GGCTGTTGTCTACCATA	127	20	55,7	85
	R: GATAGCATCTCCTGCGCACT		20	56,7	81
<i>β-Actin</i> *	F: AGGCCAGAGCAAGAGAGGT	81	20	59,9	42
	R: TCTCCATGTCGTCACAGTTG		20	56,4	69

Źródła sekwencji starterów:

* Dobrzyń i in. 2010.

** Wang i in. 2006.

Badania własne.

Tabela 5. Loci mikrosatelitarnego DNA wykorzystane do zgenotypowania analizowanych myszy laboratoryjnej (*Mus musculus*), zestawione w dwóch panelach (MmI i MmII). Startery F (*forward*) zostały wyznakowane od końca 5' jednym ze znaczników fluorescencyjnych: VIC (zielony), FAM (niebieski), PET (czerwony) i NED (żółty).

Panel	Locus	Startery	Znacznik	Stężenie [μM]
MmI	D1Mit322*	F: CAAATTTACACCCATGTTGTGG R: TCAATGGAGGGGAAGATCAG	VIC	2,5
	D5Mit95*	F: TGTTCTTGTCATGTCTGATCC R: AACCAAAGCATGAAACAGCC	VIC	2
	D12Mit4*	F: ACATCCCCAGCTCTTGTTTG R: AAACCAAACCAAAGAAGCTTAGG	FAM	2
	D17Mit51*	F: TCTGCCCTGTAACAGGAGCT R: CTTCTGGAATCAGAGGATCCC	PET	2
MmII	<u>D2Mit295*</u>	F: AAGCCAACCTCAATCCAATG R: GTCCTGACACACAGCAGCAT	NED	1
	D6Mit138*	F: GCTCTTATTAATGAAGAAGAAGAAGG R: CAAAGAAAGCATTTC AAGACTGC	VIC	4
	D10Mit20*	F: CACCCTCACACAGATATGCG R: GCATTGGGAAGTCCATGAGT	NED	1,25
	D15Mit16*	F: AGACTCAGAGGGCAAATAAAGC R: TCGGCTTTTGTCTGTCTGTC	PET	2
	MUSMCKA(D7)**	F: CCAGACCATCTGATCCAGATC R: GGAGGTTGCAGTGAATTC AAG	FAM	1
	MMCY03(D9)**	F: AGTTTTAGGCTAGTATAGGTT R: ACTGGAACCTTAGAGCATGAG	FAM	3
	MMGFAPD(D11)*	F: GTACTAAAACGTCTACAAGTGG R: GCGGATATATATGCAGCAGAG	NED	1
	*			

Źródła sekwencji starterów:

* www.informatics.jax.org

** Hearne i in.1991.

D2Mit295 – locus wykluczone z dalszych analiz z powodu wysokiej frekwencji alleli zerowych.

Tabela 6. Wartości tempa metabolizmu podstawowego (BMR) skorygowanego o masę ciała oraz wartości resztkowe BMR myszy laboratoryjnej (*Mus musculus*) pochodzących z linii selekcjonowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (N=120) oraz myszy z trzech linii nieselekcjonowanych na żadną cechę (US1, US2 i US3; N=36).

Linia	BMR (ml O₂h⁻¹g⁻¹) ± SE	Wartości resztkowe BMR (ml O₂h⁻¹g⁻¹) ± SE
L-BMR	44,90 ± 0,618	-9,01 ± 0,805
H-BMR	66,56 ± 1,469	11,65 ± 1,093
US1	64,26 ± 1,322	-1,67 ± 1,110
US2	64,29 ± 1,822	2,18 ± 0,846
US3	63,52 ± 2,545	-1,64 ± 2,535
US (śr)	64,05 ± 1,078	-0,27 ± 0,936

SE – błąd standardowy (ang. *standard error*)

Tabela 7. Wartości *F* (poniżej przekątnej) i *P* (powyżej przekątnej) w teście jednoczynnikowej ANOVA w porównaniach BMR (ml O₂ h⁻¹ g⁻¹) pomiędzy myszami laboratoryjnymi (*Mus musculus*) pochodzącymi z linii selekcionowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (N=120) oraz pomiędzy myszami z trzech linii niselekcjonowanych na żadną cechę (US1, US2 i US3 oraz próby połączone: USśr.; N=36). Wartości istotne statystycznie pogrubiono.

Linia	L-BMR	H-BMR	US1	US2	US3	USśr.
L-BMR		< 0,001	< 0,001	< 0,001	< 0,001	< 0,001
H-BMR	189,061		0,491	0,488	0,399	0,226
US1	163,853	0,478		0,988	0,794	-
US2	151,462	0,485	0,000		0,803	-
US3	107,172	0,719	0,070	0,063		-
USśr.	275,292	1,486	-	-	-	

Tabela 8. Wartości *F* (poniżej przekątnej) i *P* (powyżej przekątnej) w teście jednoczynnikowej ANOVA w porównaniach wartości resztkowych BMR (ml O₂ h⁻¹ g⁻¹) pomiędzy myszami laboratoryjnymi (*Mus musculus*) pochodzącymi z linii selekcyjowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (N=120) oraz pomiędzy myszami z trzech linii niselekcjonowanych na żadną cechę (US1, US2 i US3 oraz połączone próby: US_{śr.}; N=36). Wartości istotne statystycznie pogrubiono.

Linia	L-BMR	H-BMR	US1	US2	US3	US _{śr.}
L-BMR		< 0,001	< 0,001	< 0,001	0,001	< 0,001
H-BMR	233,659		< 0,001	< 0,001	< 0,001	< 0,001
US1	15,124	28,694		0,010	0,989	-
US2	38,955	15,877	7,790		0,140	-
US3	11,523	23,183	0,0002	2,341		-
US _{śr.}	47,296	56,818	-	-	-	

Tabela 9. Frekwencje alleli i genotypów w genach *Scd1* i *Fads2* u myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcjonowanych w 32 oraz 22 pokoleniu na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego oraz wśród trzech linii myszy nieselekcjonowanych na żadną cechę (US1, US2 i US3).

Linia	<i>Scd1</i>					<i>Fads2</i>				
	Frekwencje alleli		Frekwencje genotypów			Frekwencje alleli		Frekwencje genotypów		
	F_A	F_T	F_{AA}	F_{AT}	F_{TT}	F_A	F_G	F_{AA}	F_{AG}	F_{GG}
F32										
L-BMR	0,06	0,94	0,00	0,11	0,89	0,34	0,66	0,10	0,47	0,43
H-BMR	0,53	0,47	0,30	0,46	0,24	0,10	0,90	0,03	0,14	0,83
F22										
L-BMR	0,31	0,69	0,10	0,43	0,47	0,41	0,59	0,10	0,63	0,27
H-BMR	0,37	0,63	0,13	0,47	0,40	0,07	0,93	0,00	0,13	0,87
USśr.	0,72	0,28	0,67	0,11	0,22	0,28	0,72	0,11	0,33	0,56

Tabela 10. Zróżnicowanie genetyczne między liniami myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcjonowanymi na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w pokoleniu F32 i F22 oraz w liniach nieselekcjonowanych na żadną cechę (US1, US2 i US3) w pokoleniu 16 w genach polimorficznych: *Scd1* i *Fads2* oraz w 10 loci mikrosatelitarnego DNA. F_{ST} – współczynnik zróżnicowania genetycznego (wariancja we frekwencji alleli).

L-BMR vs H-BMR						
Pokolenie	<i>Fads2</i>	zróżnicowanie genetyczne	<i>Scd1</i>	F_{ST}		
				zróżnicowanie genetyczne	mikrosatelitarne DNA	zróżnicowanie genetyczne
F32	0,140	umiarkowane	0,426	bardzo wysokie	0,224	wysokie
F22	0,273	bardzo wysokie	0,000	brak	0,086	umiarkowane
US (US1 vs US2 ... US2 v US3)						
F16	0,045	niskie (ns)	0,458	bardzo wysokie	0,153 (0,148-0,159)	wysokie
F22 vs F32						
L-BMR	0,004	niskie (ns)	0,208	wysokie	0,060	umiarkowane
H-BMR	0,000	brak	0,043	niskie (ns)	0,042	niskie (ns)

Tabela 11. Charakterystyka 10 loci mikrosatelitarnego DNA powielonych u 234 myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcjonowanych na niskie i wysokie tempo metabolizmu podstawowego (L-BMR i H-BMR) w 32 pokoleniu (F32; N=120) i 22 pokoleniu (F22; N=78) oraz myszy, pochodzących z trzech linii nieselekcjonowanych na żadną cechę (US1, US2, US3; N=36) w pokoleniu 16 (F16). N_A – liczba alleli przypadająca na locus; H_o – heterozygotyczność obserwowana; H_e – heterozygotyczność oczekiwana; F_{Null} – frekwencja alleli zerowych.

Locus	N_A	Zakres wielkości	H_o	H_e	F_{Null}
D1Mit322	3	324-332	0,051	0,067	0,123
D5Mit95	4	118-134	0,568	0,635	0,057
D6Mit138	4	126-138	0,248	0,301	0,087
D10Mit20	6	218-238	0,517	0,648	0,119
D12Mit4	3	184-207	0,504	0,598	0,063
D15Mit16	4	119-135	0,295	0,292	-0,002
D17Mit51	4	141-157	0,423	0,485	0,053
MUSMCKA(D7)	2	123-139	0,197	0,224	0,064
MMCY03(D9)	3	188-200	0,547	0,561	0,010
MMGFAPD(D11)	2	96-100	0,043	0,058	0,144

Tabela 12. Charakterystyka 10 loci mikrosatelitarnego DNA powielonych u myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcjonowanych na niskie i wysokie tempo metabolizmu podstawowego w pokoleniu F32 (L-BMR; N=61 i H-BMR; N=59) i F22 (L-BMR; N=40 i H-BMR; N=38) oraz myszy, pochodzących z trzech linii nieselekcjonowanych na żadną cechę (US1; N=12, US2; N=13, US3; N=11) w F16. N_A – średnia liczba alleli przypadająca na locus; H_o – heterozygotyczność obserwowana; H_e – heterozygotyczność oczekiwana.

Linia	N_A	H_o	H_e
F32	2,8	0,311	0,351
L-BMR	2,2	0,285	0,292
H-BMR	2,4	0,337	0,322
F22	2,7	0,353	0,380
L-BMR	2,7	0,340	0,366
H-BMR	2,6	0,366	0,360
US\bar{s}r.	2,8	0,405	0,431
US1	2,3	0,358	0,369
US2	2,3	0,385	0,361
US3	2,3	0,482	0,432

Tabela 13. Allele stwierdzone w 10 loci mikrosatelitarnego DNA występujące u 234 myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcjonowanych na niskie i wysokie tempo metabolizmu podstawowego w pokoleniu F32 (L-BMR; N=61 i H-BMR; N=59) i F22 (L-BMR; N=40 i H-BMR; N=38) oraz myszy pochodzących z trzech linii nieselekcjonowanych na żadną cechę w F16 (US1; N=12, US2; N=13, US3; N=11). Allele prywatne (*Np*) zaznaczone na szaro.

Locus	Allel	F32		F22		US		
		L-BMR	H-BMR	L-BMR	H-BMR	US1	US2	US3
D1Mit322	324	-	-	+	+	-	+	-
	328	+	+	+	+	+	+	+
	332	-	-	-	-	-	-	+
D5Mit95	118	+	+	+	+	+	+	+
	130	+	+	+	+	+	+	+
	132	+	+	+	+	+	+	+
	134	+	-	-	-	-	-	-
D6Mit138	126	-	+	-	-	+	+	+
	130	+	+	+	+	+	+	+
	134	+	+	+	+	+	-	+
	138	-	+	-	-	-	-	-
D10Mit20	218	-	+	-	-	-	-	-
	222	+	+	+	+	+	+	+
	226	-	-	-	-	+	+	+
	230	+	-	+	+	+	+	-
	234	+	-	+	+	+	-	+
	238	+	+	+	+	-	-	-
D12Mit4	184	+	+	+	+	+	+	+
	195	+	-	+	+	-	-	-
	207	-	+	+	+	+	+	+
D15Mit16	119	-	-	-	-	-	+	-
	127	-	-	+	-	-	-	-
	131	+	+	+	+	+	+	+
	135	+	+	+	+	+	+	+
D17Mit51	141	+	+	+	+	-	-	-
	143	+	+	+	+	+	+	+
	150	-	-	-	-	-	+	-
	157	-	+	+	+	+	-	+
MUSMCKA(D7)	123	+	+	+	+	+	+	+
	139	-	+	+	+	-	+	+
MMCY03(D9)	188	+	+	+	+	+	+	+
	196	+	+	+	+	+	+	+
	200	+	+	+	+	+	+	+
MMGFAPD(D11)	96	+	+	+	+	+	+	+
	100	-	-	+	+	+	-	-

Tabela 14. Procentowy udział poszczególnych kwasów tłuszczowych we frakcji lipidów całkowitych (TL) i fosfolipidów (PL), wyizolowanych z fragmentów wątroby myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcyonowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu eksperymentu. Wartości *P* i *F* uzyskano porównując obie linie myszy testem jednoczynnikowej ANOVA. Wartości *P* istotne statystycznie pogrubiono. Graficzne przedstawienie profili lipidowych znajduje się w Suplemencie (Rycina S1 i S2).

Kwasy tłuszczowe	TL (%)				PL (%)			
	L-BMR	H-BMR	F	<i>P</i>	L-BMR	H-BMR	F	<i>P</i>
C14:0	0,33 ± 0,076	0,15 ± 0,007	5,557	0,020	-	-	-	-
C16:0 [#]	34,38 ± 0,324	36,01 ± 0,239	16,520	< 0,001	35,83 ± 0,184	36,90 ± 0,176	17,800	< 0,001
C18:0 [#]	10,07 ± 0,136	10,70 ± 0,176	8,005	0,005	13,51 ± 0,129	13,16 ± 0,168	2,830	0,095
C20:0	0,06 ± 0,003	0,09 ± 0,003	94,944	< 0,001	-	-	-	-
C16:1n-7 ^{##}	2,36 ± 0,072	1,80 ± 0,071	31,205	< 0,001	1,32 ± 0,022	1,21 ± 0,041	5,706	0,018
C18:1n-7	13,27 ± 0,465	3,20 ± 0,484	255,014	< 0,001	1,89 ± 0,029	2,07 ± 0,096	3,397	0,068
C18:1n-9 ^{*##}	2,97 ± 0,433	10,96 ± 0,442	166,522	< 0,001	6,99 ± 0,073	7,76 ± 0,096	41,280	< 0,001
C20:1n-9	0,36 ± 0,009	0,34 ± 0,012	1,689	0,196	-	-	-	-
C18:2n-6 [*]	19,25 ± 0,321	19,31 ± 0,172	0,030	0,867	21,79 ± 0,185	19,90 ± 0,152	62,160	< 0,001
C18:3n-3 [*]	0,07 ± 0,003	0,05 ± 0,002	25,230	< 0,001	-	-	-	-
C18:3n-6 ^{**}	0,08 ± 0,003	0,07 ± 0,003	4,424	0,038	-	-	-	-
C20:4n-6	6,64 ± 0,133	7,34 ± 0,088	19,406	< 0,001	8,24 ± 0,079	8,41 ± 0,084	2,130	0,147
C20:5n-3	1,98 ± 0,037	2,08 ± 0,161	2,159	0,144	2,14 ± 0,041	2,19 ± 0,067	0,376	0,541
C22:6n-3 ^{**}	8,32 ± 0,092	7,86 ± 0,114	9,960	< 0,01	8,28 ± 0,119	8,39 ± 0,069	0,660	0,419
SFA	44,85 ± 0,389	46,96 ± 0,293	18,170	< 0,001	49,35 ± 0,238	50,06 ± 0,162	6,2	< 0,05
MUFA	18,86 ± 0,378	16,30 ± 0,371	24,926	< 0,001	10,20 ± 0,097	11,04 ± 0,198	14,758	< 0,001
PUFA	36,29 ± 0,513	36,74 ± 0,228	0,880	0,350	40,46 ± 0,200	38,90 ± 0,127	42,9	< 0,001
IxA SCD-1c	0,07 ± 0,002	0,05 ± 0,002	38,020	< 0,001	-	-	-	-
IxA D6D	0,0042 ± 0,0002	0,0036 ± 0,0001	5,991	< 0,05	-	-	-	-
IS	0,55 ± 0,043	0,45 ± 0,012	6,047	< 0,05	0,25 ± 0,003	0,28 ± 0,006	27,385	< 0,001
IU	143,72 ± 1,517	142,42 ± 0,827	0,39	0,535	147,14 ± 0,755	145,79 ± 0,331	2,7	0,106
IP	124,31 ± 1,791	124,99 ± 1,152	0,200	0,656	134,11 ± 0,887	134,09 ± 0,498	0,000	0,989

[#] - kwasy tłuszczowe, będące bezpośrednimi substratami $\Delta 9$ -desaturazy (SCD-1c); ^{##} - produkty $\Delta 9$ -desaturazy (SCD-1c); * - kwasy tłuszczowe, będące bezpośrednimi substratami $\Delta 6$ -desaturazy (D6D); ** - produkty $\Delta 6$ -desaturazy (D6D); SFA, nasycone kwasy tłuszczowe; MUFA, jednonienasycone kwasy tłuszczowe; PUFA, wielonienasycone kwasy tłuszczowe; IxA SCD-1c, indeks aktywności $\Delta 9$ -desaturazy (C16:1n-7/16:0); IxA D6D, indeks aktywności $\Delta 6$ -desaturazy (C18:3n-6/18:2n-6); IS, indeks saturacji; IU, indeks nienasyceń; IP, indeks peroksydacji.

Tabela 15. Procentowy udział poszczególnych kwasów tłuszczowych we frakcji lipidów całkowitych (TL) i fosfolipidów (PL), wyizolowanych z fragmentów wątroby myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcjonowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu i posiadających różne allele w genie *Scd1* (AA, AT, TT), kodującym $\Delta 9$ -desaturazę (SCD-1c). Wartości *P* i *F* uzyskano porównując obie linie myszy testem jednoczynnikowej ANOVA. Graficzne przedstawienie profili lipidowych znajduje się w Suplemencie (Rycina S3 i S4).

Kwasy tłuszczowe	TL (%)			PL (%)		
	AA	AT	TT	AA	AT	TT
C14:0	0,15 ± 0,015	0,17 ± 0,015	0,30 ± 0,068	-	-	-
C16:0 [#]	36,65 ^b ± 0,423	35,71 ^c ± 0,318	34,53 ^{bc} ± 0,301	37,09 ^b ± 0,201	36,82 ^c ± 0,316	35,95 ^{bc} ± 0,158
C18:0 [#]	10,74 ^b ± 0,321	10,62 ± 0,260	10,16 ^b ± 0,124	13,41 ± 0,275	13,03 ± 0,240	13,47 ± 0,124
C20:0	0,10 ^b ± 0,005	0,09 ^c ± 0,004	0,06 ^{bc} ± 0,003	-	-	-
C16:1n-7 ^{##}	1,75 ^b ± 0,136	1,93 ^c ± 0,100	2,25 ^{bc} ± 0,073	1,11 ^b ± 0,075	1,30 ± 0,053	1,29 ^b ± 0,025
C18:1n-7	2,61 ^{ab} ± 0,778	5,48 ^{ac} ± 0,928	11,19 ^{bc} ± 0,679	1,83 ± 0,144	2,17 ^c ± 0,133	1,93 ^c ± 0,043
C18:1n-9 ^{##}	11,42 ^b ± 0,722	9,01 ^c ± 0,807	4,69 ^{bc} ± 0,584	7,62 ^b ± 0,194	7,71 ^c ± 0,132	7,13 ^{bc} ± 0,080
C20:1n-9	0,33 ± 0,027	0,35 ± 0,015	0,36 ± 0,008	-	-	-
C18:2n-6	19,41 ± 0,251	18,96 ± 0,248	19,40 ± 0,290	20,18 ^b ± 0,193	19,99 ^c ± 0,293	21,46 ^{bc} ± 0,179
C18:3n-3	0,05 ^b ± 0,004	0,05 ^c ± 0,003	0,06 ^{bc} ± 0,003	-	-	-
C18:3n-6	0,07 ^b ± 0,005	0,07 ± 0,004	0,08 ^b ± 0,003	-	-	-
C20:4n-6	7,10 ± 0,175	7,25 ^c ± 0,115	6,83 ^c ± 0,131	8,20 ± 0,160	8,29 ± 0,095	8,37 ± 0,80
C20:5n-3	2,00 ± 0,104	2,19 ^c ± 0,080	1,95 ^c ± 0,038	2,15 ± 0,103	2,31 ^c ± 0,089	2,11 ^c ± 0,044
C22:6n-3	7,61 ^a ± 0,179	8,12 ^a ± 0,153	8,13 ± 0,130	8,40 ± 0,093	8,38 ± 0,110	8,29 ± 0,106
SFA	47,64 ^b ± 0,580	46,59 ^c ± 0,370	45,06 ^{bc} ± 0,377	50,51 ^b ± 0,304	49,85 ± 0,282	49,41 ^b ± 0,196
MUFA	16,11 ^b ± 0,750	16,77 ^c ± 0,491	18,49 ^{bc} ± 0,382	10,56 ± 0,379	11,18 ^c ± 0,250	10,35 ^c ± 0,117
PUFA	36,24 ± 0,452	36,64 ± 0,282	36,45 ± 0,479	38,93 ^b ± 0,213	38,97 ^c ± 0,234	40,23 ^{bc} ± 0,181
IxA SCD-1c	0,05 ± 0,004 ^b	0,05 ± 0,003 ^c	0,07 ± 0,002 ^{bc}	-	-	-
IS	0,45 ± 0,025	0,46 ± 0,016	0,54 ± 0,040	0,27 ± 0,011	0,29 ^c ± 0,007	0,26 ^c ± 0,003
IU	139,38 ^a ± 1,452	143,72 ^a ± 1,007	143,74 ± 1,385	144,87 ± 0,576	146,13 ± 0,657	147,06 ± 0,631
IP	121,38 ^a ± 1,937	126,72 ^a ± 1,480	124,21 ± 1,684	133,34 ± 0,849	134,30 ± 0,827	134,20 ± 0,767

Jednoczynnikowa ANOVA; *P* < 0,05; różnica pomiędzy genotypami ^a – AA i AT; ^b – AA i TT; ^c – AT i TT; [#] - kwasy tłuszczowe, będące bezpośrednimi substratami $\Delta 9$ -desaturazy (SCD-1c); ^{##} - produkty $\Delta 9$ -desaturazy (SCD-1c); SFA, nasycone kwasy tłuszczowe; MUFA, jednonienasycone kwasy tłuszczowe; PUFA, wielonienasycone kwasy tłuszczowe; IxA SCD-1c, indeks aktywności $\Delta 9$ -desaturazy (C16:1n-7/16:0); IS, indeks saturacji; IU, indeks nienasyceń; IP, indeks peroksydacji.

Tabela 16. Procentowy udział poszczególnych kwasów tłuszczowych we frakcji lipidów całkowitych (TL) i fosfolipidów (PL), wyizolowanych z fragmentów wątroby myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcjonowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu eksperymentu i posiadających różne allele w genie *Fads2* (AA, AG, GG), kodującym $\Delta 6$ -desaturazę (D6D). Wartości *P* i *F* uzyskano porównując obie linie myszy testem jednoczynnikowej ANOVA. Graficzne przedstawienie profili lipidowych znajduje się w Suplemencie (Rycina S5 i S6).

Kwasy tłuszczowe	TL (%)			PL (%)		
	AA	AG	GG	AA	AG	GG
C14:0	0,18 ± 0,013	0,37 ^c ± 0,121	0,18 ^c ± 0,010	-	-	-
C16:0	34,82 ± 0,592	34,50 ^c ± 0,513	35,59 ^c ± 0,211	35,95 ± 0,707	35,54 ^c ± 0,263	36,80 ^c ± 0,137
C18:0	10,64 ± 0,491	10,33 ± 0,222	10,38 ± 0,139	12,96 ± 0,686	13,63 ± 0,203	13,24 ± 0,117
C20:0	0,07 ± 0,006	0,06 ^c ± 0,004	0,08 ^c ± 0,003	-	-	-
C16:1n-7	1,96 ± 0,119	2,23 ± 0,087	2,02 ± 0,078	1,36 ± 0,086	1,28 ± 0,035	1,25 ± 0,033
C18:1n-7	9,41 ± 1,501	11,49 ^c ± 0,912	6,45 ^c ± 0,711	2,10 ± 0,157	1,99 ± 0,098	1,96 ± 0,062
C18:1n-9*	4,98 ± 1,978	4,63 ^c ± 0,796	8,36 ^c ± 0,711	7,63 ± 0,352	7,23 ± 0,111	7,40 ± 0,089
C20:1n-9	0,33 ± 0,026	0,37 ± 0,013	0,35 ± 0,010	-	-	-
C18:2n-6*	18,98 ± 0,579	19,12 ± 0,487	19,39 ± 0,577	20,84 ± 0,666	21,61 ^c ± 0,273	20,50 ^c ± 0,168
C18:3n-3*	0,04 ^a ± 0,004	0,07 ^{ac} ± 0,005	0,05 ^c ± 0,149	-	-	-
C18:3n-6**	0,06 ± 0,007	0,08 ^c ± 0,005	0,07 ^c ± 0,002	-	-	-
C20:4n-6	7,63 ^a ± 0,287	6,70 ^{ac} ± 0,171	7,07 ^c ± 0,099	8,56 ± 0,169	8,27 ± 0,096	8,33 ± 0,077
C20:5n-3	2,15 ± 0,110	1,99 ± 0,068	2,04 ± 0,046	2,21 ± 0,153	2,15 ± 0,068	2,17 ± 0,051
C22:6n-3**	8,7 ^b ± 0,350	8,22 ± 0,187	7,96 ^b ± 0,013	8,39 ± 0,278	8,30 ± 0,118	8,34 ± 0,089
SFA	45,71 ± 0,434	45,27 ± 0,635	46,23 ± 0,280	48,91 ^b ± 0,788	49,17 ^c ± 0,275	50,04 ^{cb} ± 0,165
MUFA	16,68 ± 0,705	18,73 ^c ± 0,498	17,18 ^c ± 0,380	11,09 ± 0,570	10,50 ± 0,178	10,62 ± 0,152
PUFA	37,61 ^{ab} ± 0,624	34,02 ^a ± 0,768	34,55 ^b ± 0,235	40,00 ± 0,732	40,33 ^c ± 0,239	39,34 ^c ± 0,160
IxA D6D	0,0035 ± 0,0005	0,0045 ± 0,0003 ^c	0,0037 ± 0,0001 ^c	-	-	-
IS	0,45 ± 0,025	0,57 ± 0,070	0,47 ± 0,013	0,28 ± 0,017	0,26 ± 0,005	0,27 ± 0,005
IU	148,69 ^b ± 2,035	142,50 ± 2,375	142,77 ^b ± 0,709	148,40 ± 2,192	147,36 ± 0,707	145,84 ± 0,513
IP	132,98 ± 3,391	123,09 ± 2,633	124,29 ± 1,031	135,75 ± 2,351	134,27 ± 0,834	133,85 ± 0,661

Jednoczynnikowa ANOVA; *P* < 0,05; różnica pomiędzy genotypami ^a – AA i AG; ^b – AA i GG; ^c – AG i GG; * - kwasy tłuszczowe, będące bezpośrednimi substratami $\Delta 6$ -desaturazy (D6D); ** - produkty $\Delta 6$ -desaturazy (D6D); SFA, nasycone kwasy tłuszczowe; MUFA, jednonienasycone kwasy tłuszczowe; PUFA, wielonienasycone kwasy tłuszczowe; IxA D6D, indeks aktywności $\Delta 6$ -desaturazy (C18:3n-6/18:2n-6); IS, indeks saturacji; IU, indeks nienasylenia; IP, indeks peroksydacji.

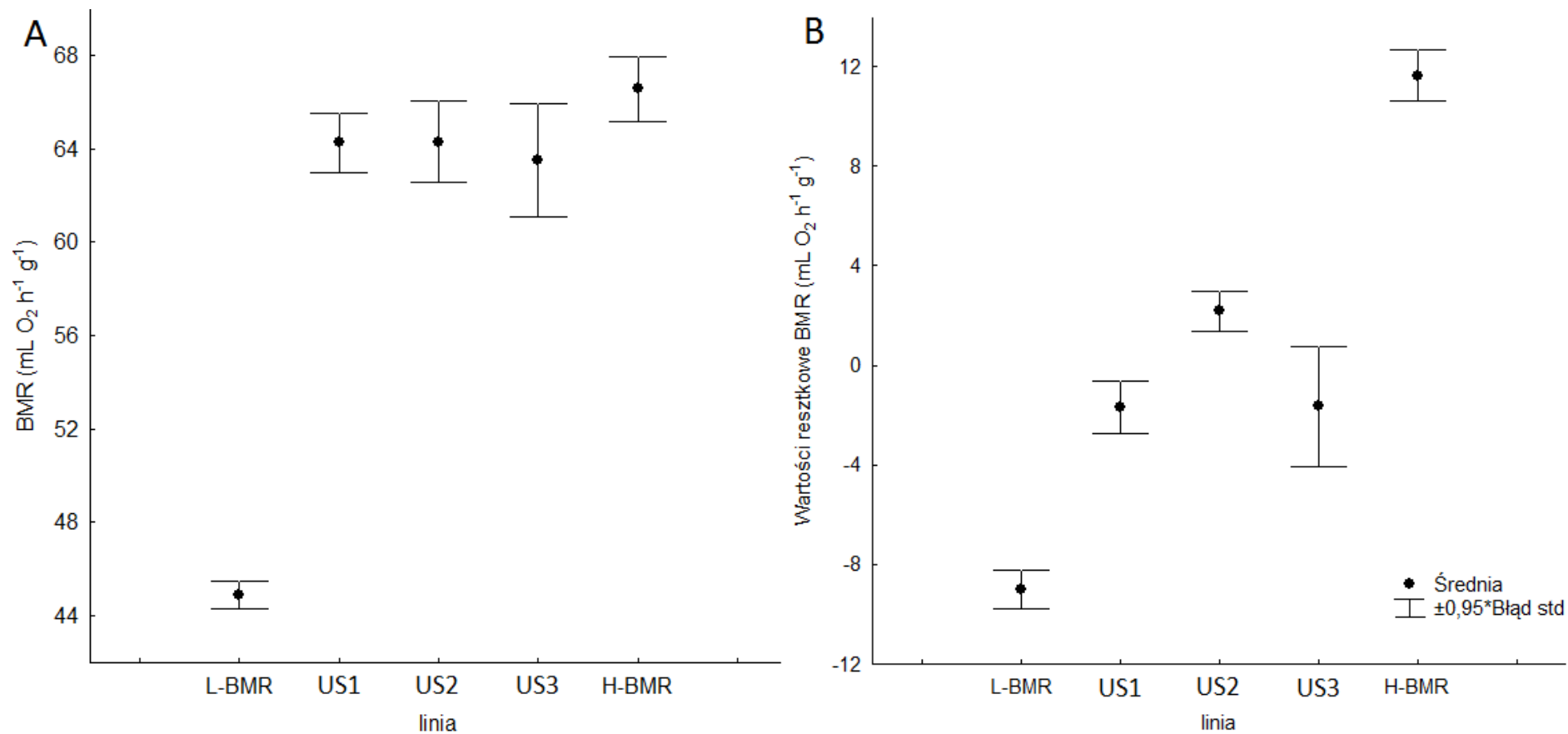
Tabela 17. Wartości F (poniżej przekątnej) i *P* (powyżej przekątnej) w teście jednoczynnikowej ANOVA w porównaniach indeksu aktywności $\Delta 9$ -desaturazy (IxA SCD-1c) pomiędzy myszami laboratoryjnymi (*Mus musculus*) pochodzącymi z linii selekcionowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (F32) oraz pomiędzy myszami z trzech linii niselekcionowanych na żadną cechę (US1, US2 i US3). Wartości istotne statystycznie pogrubiono.

Linia	L-BMR	H-BMR	US1	US2	US3	US \bar{s} r.
L-BMR		< 0,001	< 0,001	< 0,001	< 0,001	< 0,001
H-BMR	38,02		<i>0,689</i>	<i>0,738</i>	<i>0,315</i>	<i>0,996</i>
US1	12,762	0,161		<i>0,888</i>	<i>0,205</i>	-
US2	13,765	0,122	0,020		<i>0,189</i>	-
US3	6,143	1,026	1,709	1,842		-
US \bar{s} r.	34,78	0,000	-	-	-	

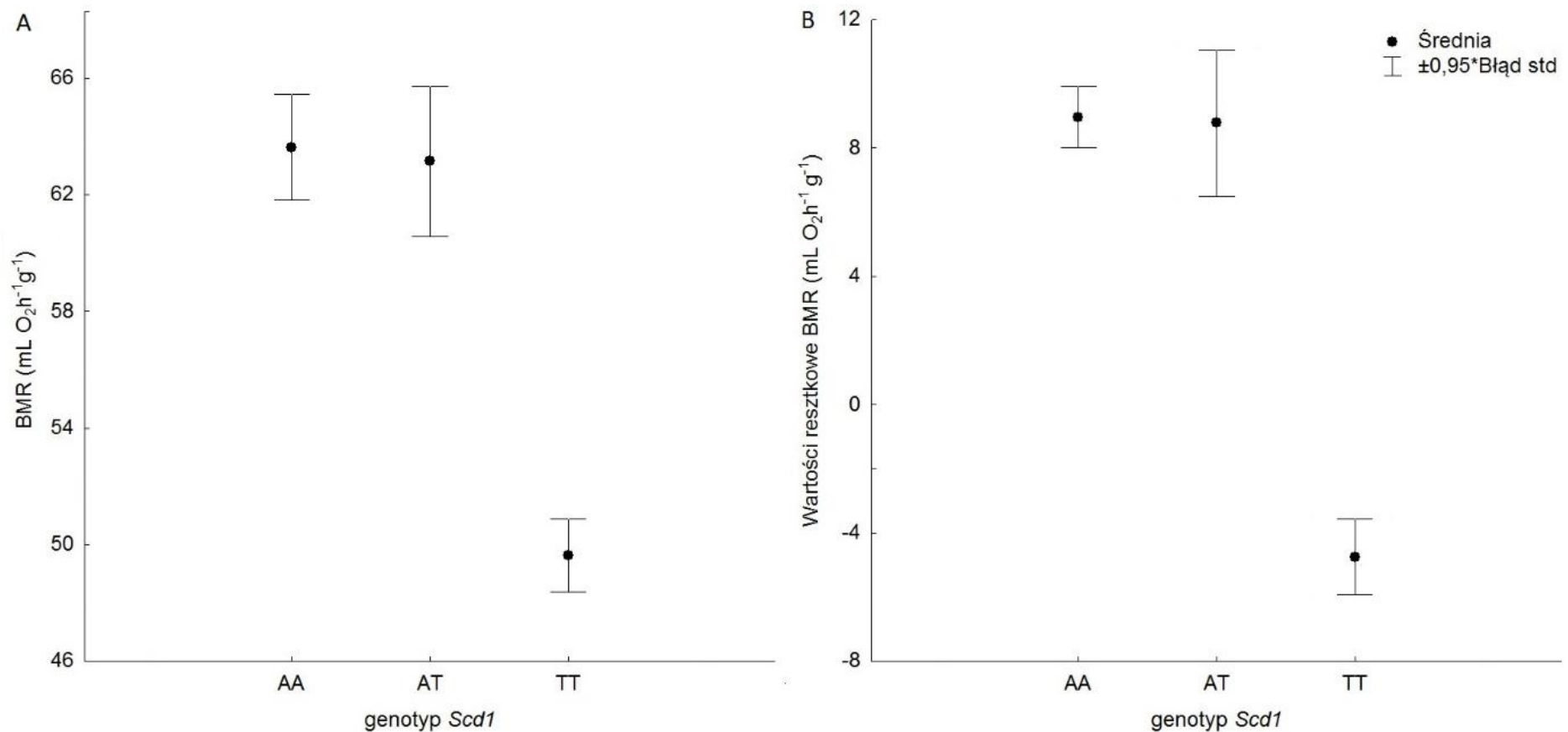
Tabela 18. Wartości F (poniżej przekątnej) i *P* (powyżej przekątnej) w teście jednoczynnikowej ANOVA w porównaniach indeksu aktywności $\Delta 6$ -desaturazy (IxA D6D) pomiędzy myszami laboratoryjnymi (*Mus musculus*) pochodzącymi z linii selekcyonowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (F32) oraz pomiędzy myszami z trzech linii nieselekcyonowanych na żadną cechę (US1, US2 i US3). Wartości istotne statystycznie pogrubiono.

Linia	L-BMR	H-BMR	US1	US2	US3	US \bar{s} r.
L-BMR		0,016	0,001	< 0,001	< 0,001	< 0,001
H-BMR	5,991		0,005	< 0,001	< 0,001	< 0,001
US1	11,242	8,543		0,231	0,009	-
US2	19,422	18,736	1,512		0,103	-
US3	19,474	24,274	8,744	2,954		-
US \bar{s} r.	43,055	37,815	-	-	-	

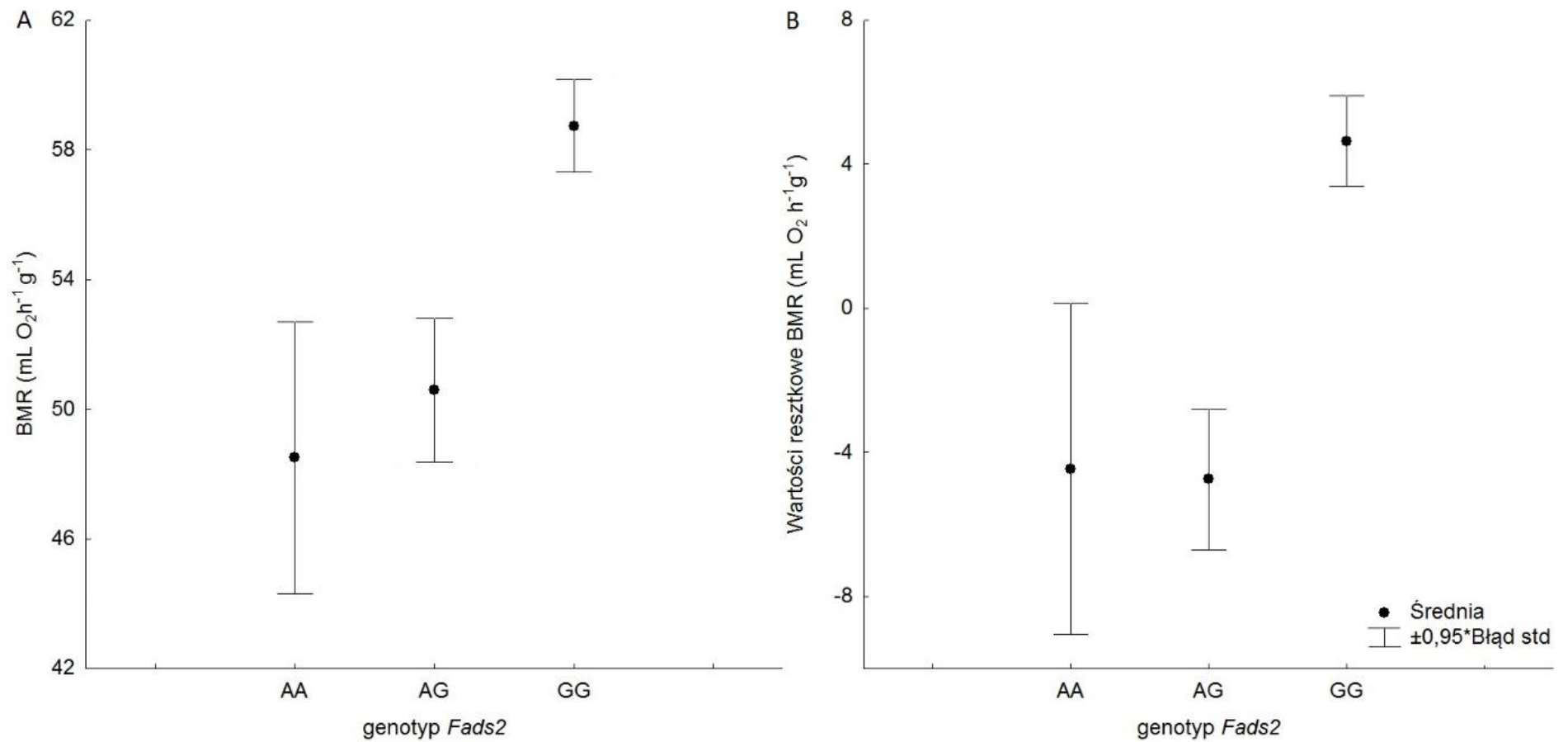
Wykresy



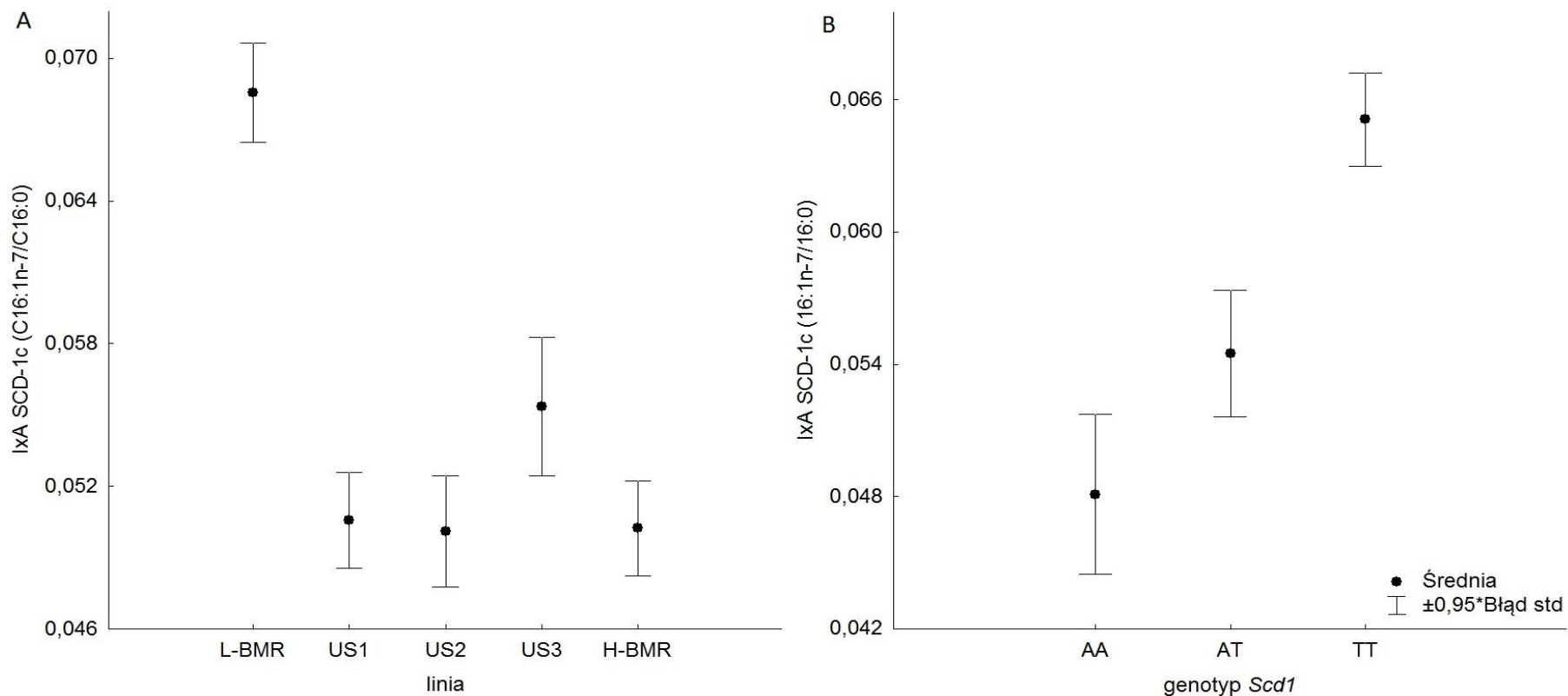
Wykres 1. Skorygowane o masę ciała (**A**) wartości tempa metabolizmu podstawowego (BMR); (**B**) wartości resztkowe tempa metabolizmu podstawowego (BMR) w liniach myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcjonowanych na niskie (L-BMR; N=61) i wysokie (H-BMR; N=59) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (F32) oraz trzech linii myszy nieselekcjonowanych na żadną cechę (US1, US2 i US3; N=36) w 16 pokoleniu (F16).



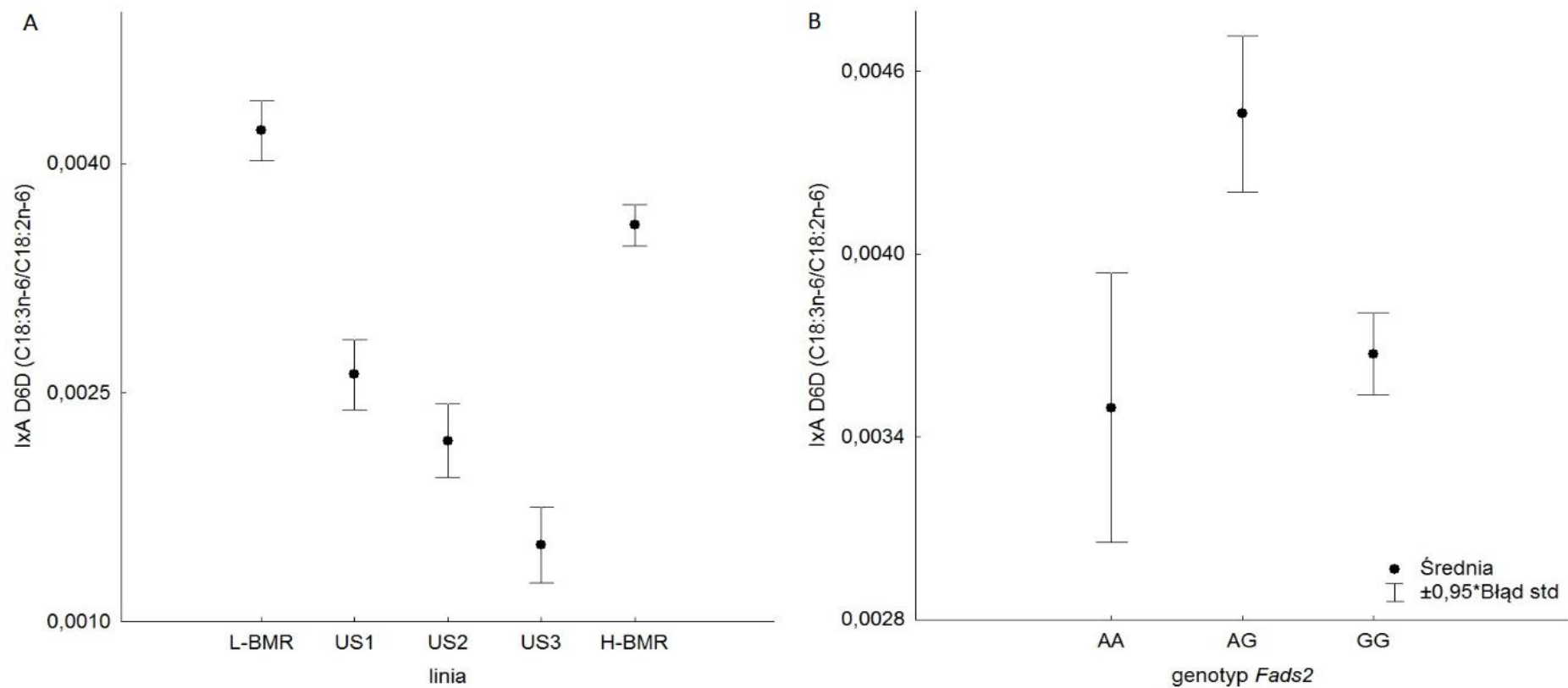
Wykres 2. Skorygowane o masę ciała (A) wartości tempa metabolizmu podstawowego (BMR) oraz (B) wartości resztkowe BMR w liniach myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcjonowanych na niskie i wysokie (L-BMR i H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (F32), posiadających różne allele w genie *Scd1*, kodującym Δ^9 -desaturazę (stearoilo-CoA desaturaza; SCD-1c).



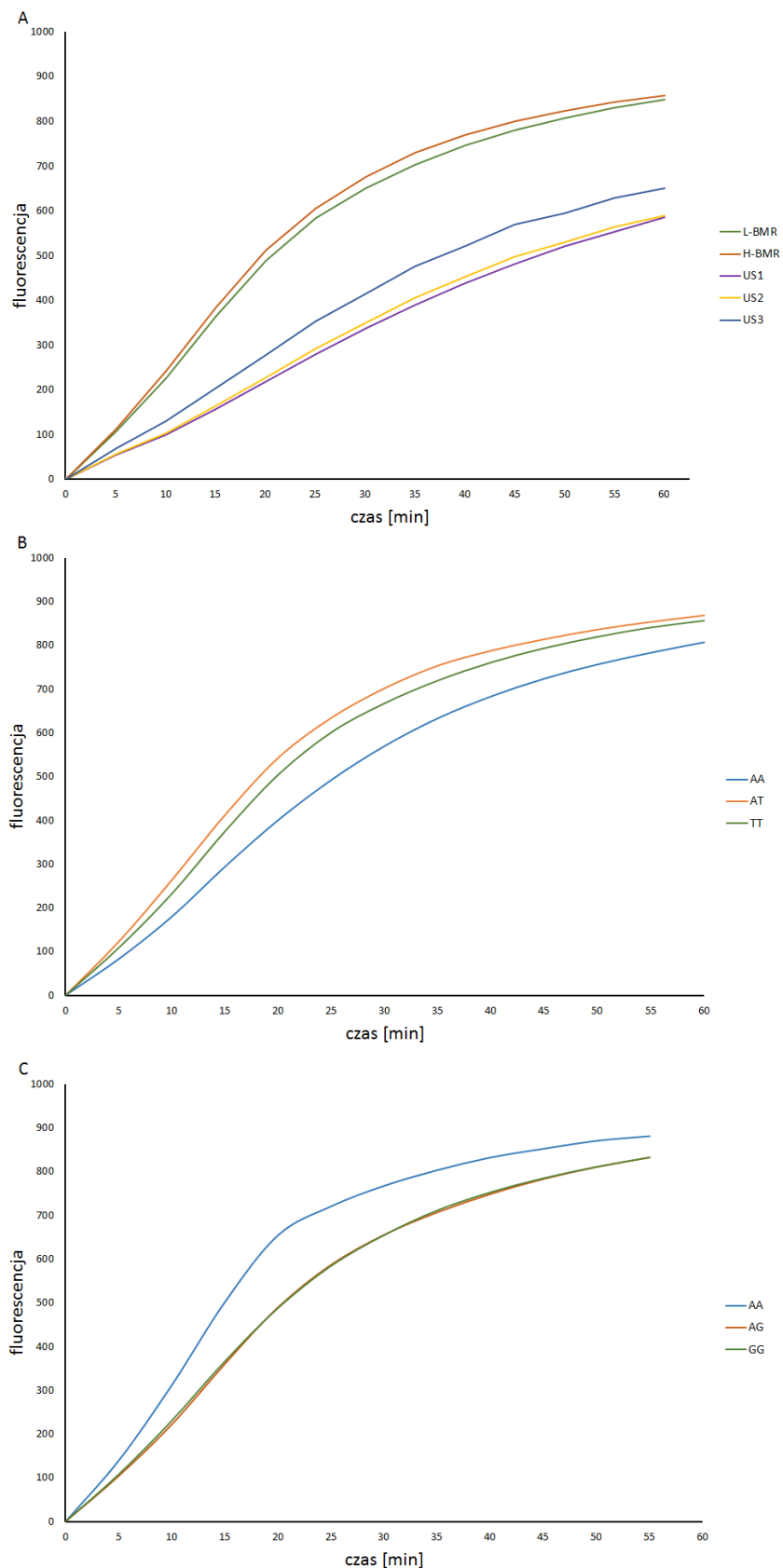
Wykres 3. Skorygowane o masę ciała (**A**) wartości tempa metabolizmu podstawowego (BMR) oraz (**B**) wartości resztkowe BMR w liniach myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcjonowanych na niskie i wysokie (L-BMR i H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (F32), posiadających różne allele w genie *Fads2*, kodującym $\Delta 6$ -desaturazę kwasów tłuszczowych (D6D).



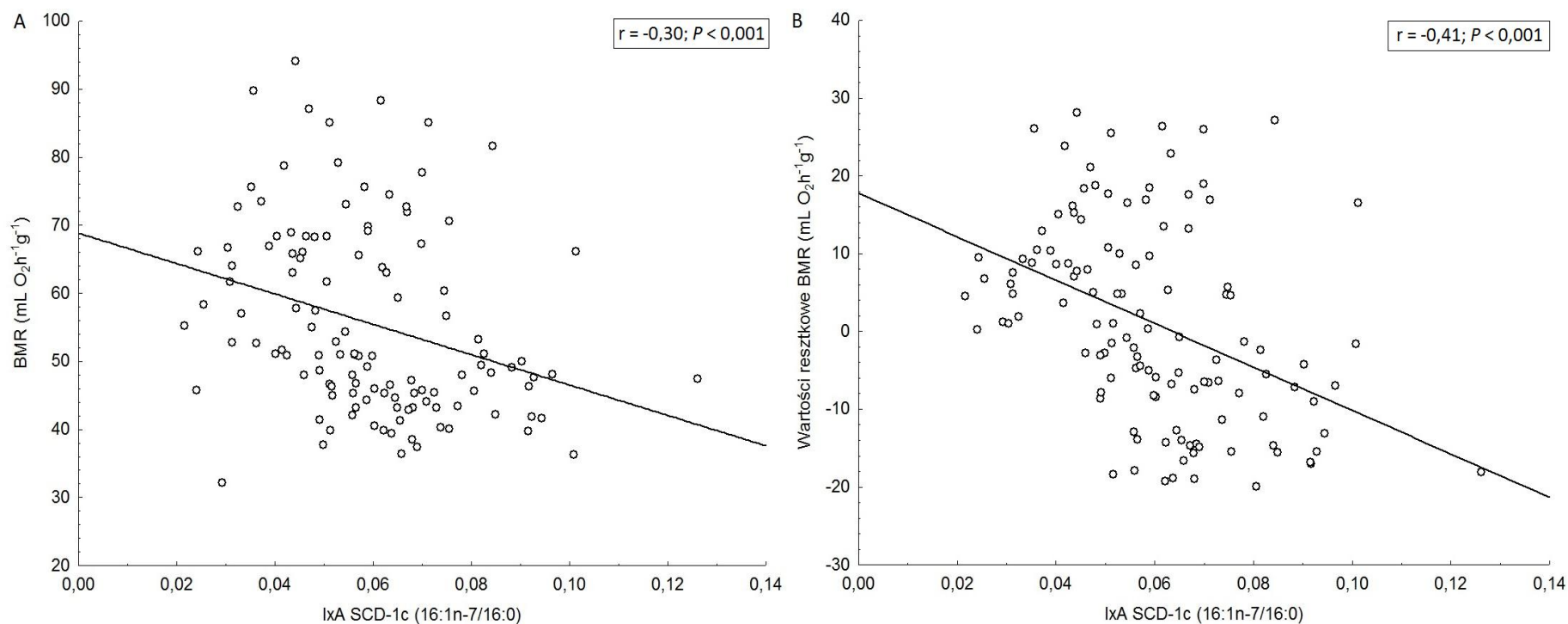
Wykres 4. Indeks aktywności $\Delta 9$ -desaturazy (IxA SCD-1c) wyrażony jako stosunek produktu (kwasu palmitooleinowego; PO, C16:1n-7) do substratu (kwasu palmitynowego; C16:0) we frakcji lipidów całkowitych (TL) wyekstrahowanych z wątrób myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) (**A**) selekcjonowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (F32) oraz z trzech linii myszy nieselekcyjnych (US1, US2 i US3), a także (**B**) z linii L-BMR i H-BMR (F32), posiadających różne warianty genetyczne w genie *Scd1*.



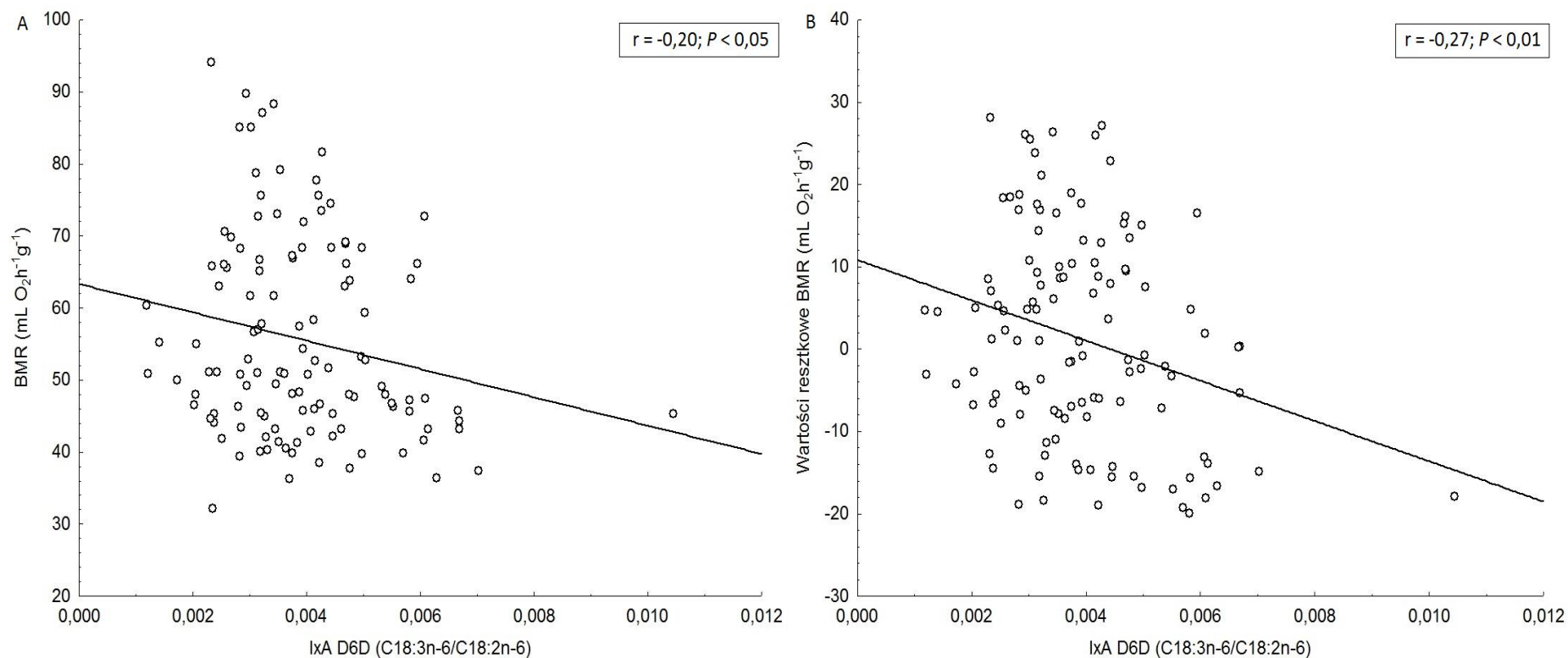
Wykres 5. Indeks aktywności $\Delta 6$ -desaturazy (IxA D6D) wyrażony jako stosunek produktu (kwasu γ -linolenowego; GLA, C18:3n-6) do substratu (kwasu linolowego; LA, 18:2n-6) we frakcji lipidów całkowitych (TL) wyekstrahowanych z wątroby myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) (A) selekcjonowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (F32) oraz z trzech linii myszy nieselekcyjnych (US1, US2 i US3), a także (B) z linii L-BMR i H-BMR (F32), posiadających różne warianty genetyczne w genie *Fads2*.



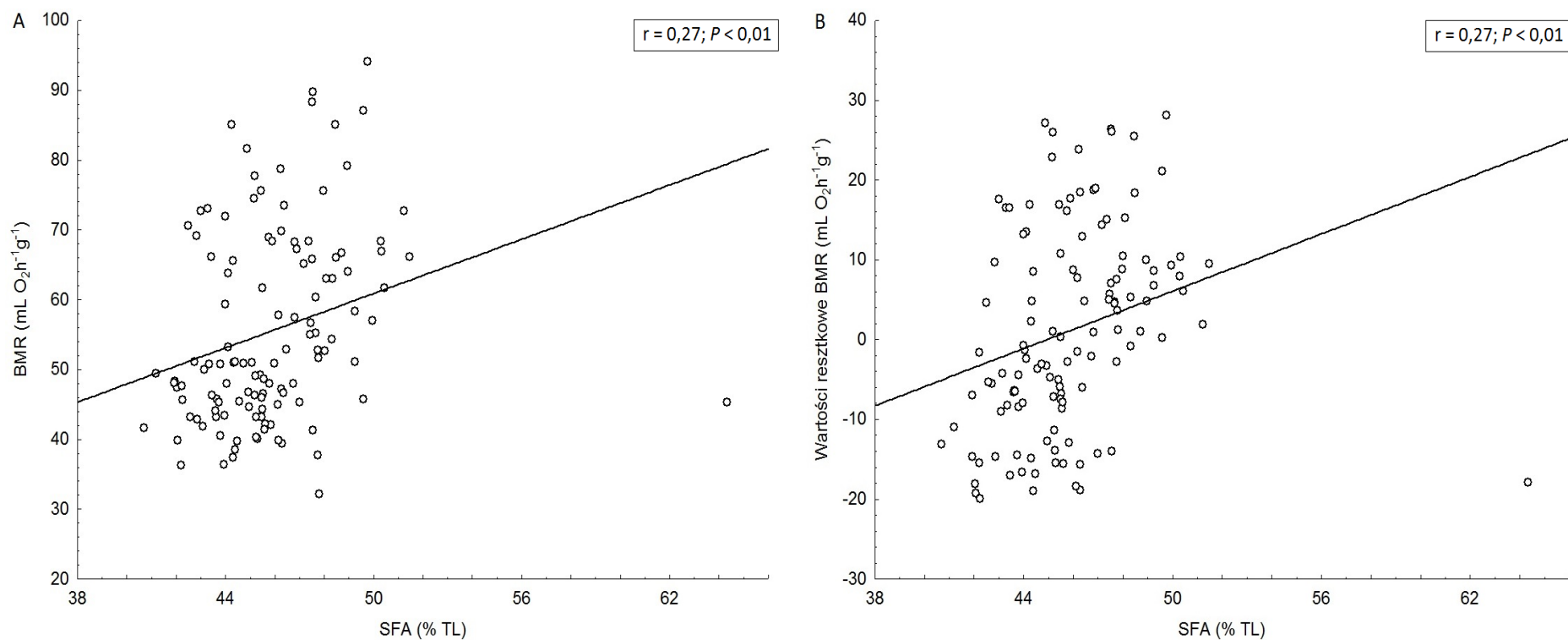
Wykres 6. Aktywność pompy sodowo-potasowej (Na^+/K^+ -ATPazy) myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) (**A**) z linii selekcjonowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu oraz w trzech liniach nieselekcyjnych (US1, US2 i US3), a także (**B**) z linii L-BMR i H-BMR, posiadających różne genotypy w genie *Scd1* (AA, AT, TT) oraz (**C**) w genie *Fads2* (AA, AG i GG).



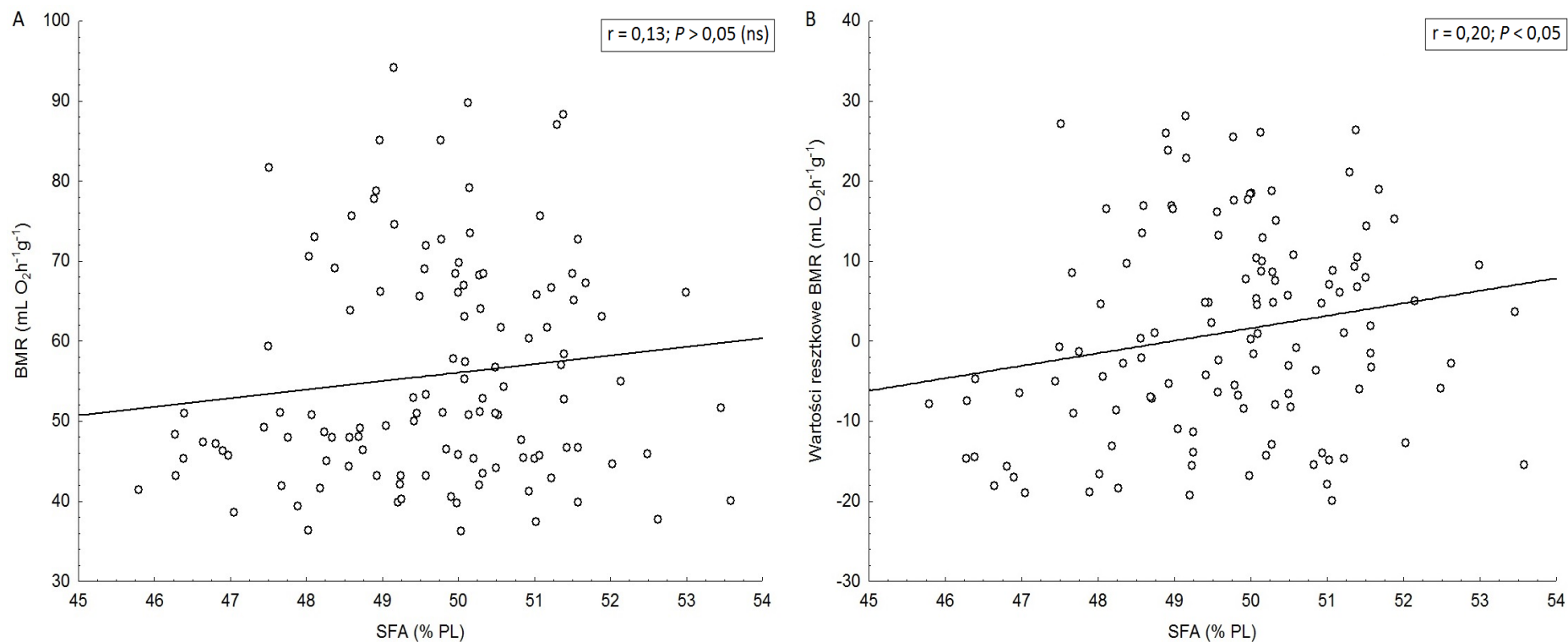
Wykres 7. Zależność pomiędzy skorygowanym o masę ciała (A) tempem metabolizmu podstawowego (BMR) oraz (B) wartościami resztkowymi BMR w liniach myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcjonowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (F32) a indeksem aktywności Δ^9 -desaturazy (IxA SCD-1c) wyznaczonym na podstawie oznaczeń kwasów tłuszczowych we frakcji lipidów całkowitych (TL).



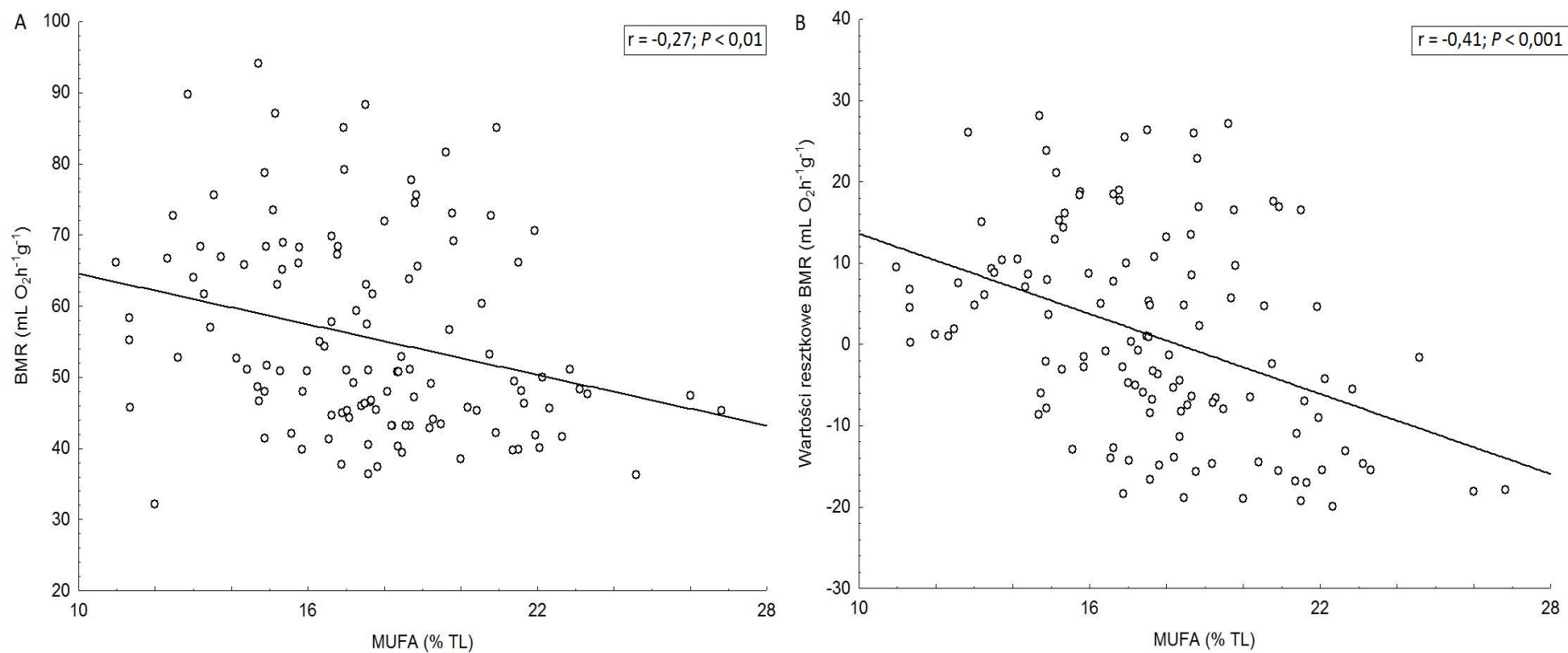
Wykres 8. Zależność pomiędzy skorygowanym o masę ciała (A) tempem metabolizmu podstawowego (BMR) oraz (B) wartościami resztkowymi BMR w liniach myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcjonowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (F32) a indeksem aktywności $\Delta 6$ -desaturazy (IxA D6D) wyznaczonym na podstawie oznaczeń kwasów tłuszczowych we frakcji lipidów całkowitych (TL).



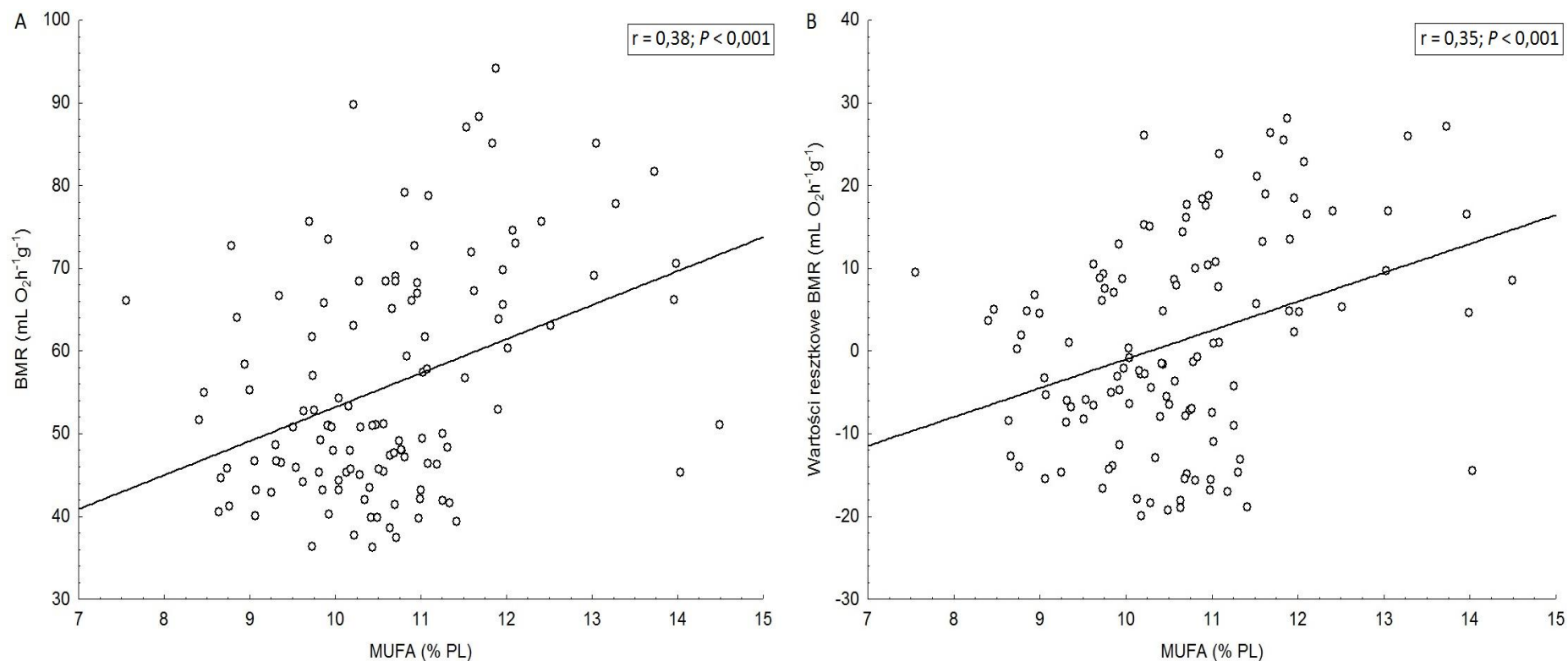
Wykres 9. Zależność pomiędzy skorygowanym o masę ciała (A) tempem metabolizmu podstawowego (BMR) oraz (B) wartościami resztkowymi BMR w liniach myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcjonowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (F32) a procentowym udziałem nasyconych kwasów tłuszczowych (SFA) w ich hepatocytach, wyznaczonym na podstawie oznaczeń kwasów tłuszczowych we frakcji lipidów całkowitych (TL).



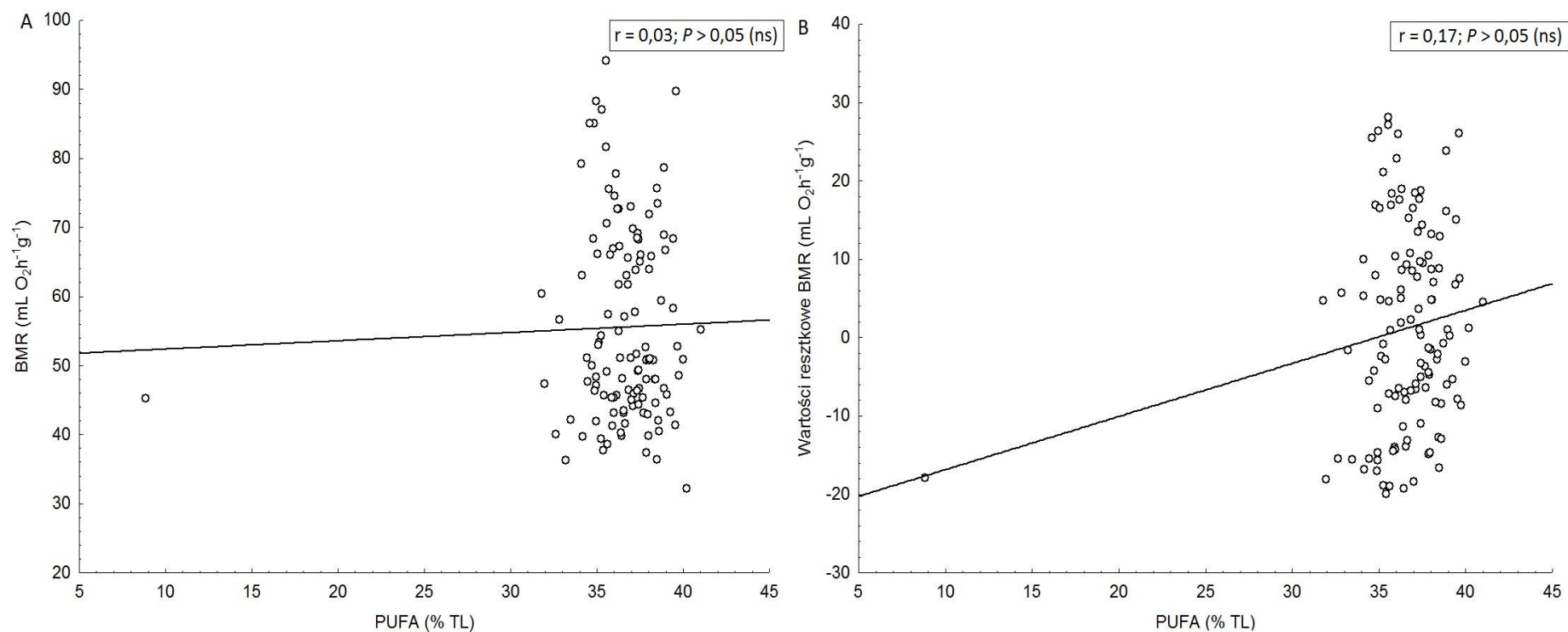
Wykres 10. Zależność pomiędzy skorygowanym o masę ciała (A) tempem metabolizmu podstawowego (BMR) oraz (B) wartościami resztkowymi BMR w liniach myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcjonowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (F32) a procentowym udziałem nasyconych kwasów tłuszczowych (SFA) w ich hepatocytach, wyznaczonym na podstawie oznaczeń kwasów tłuszczowych we frakcji fosfolipidów (PL).



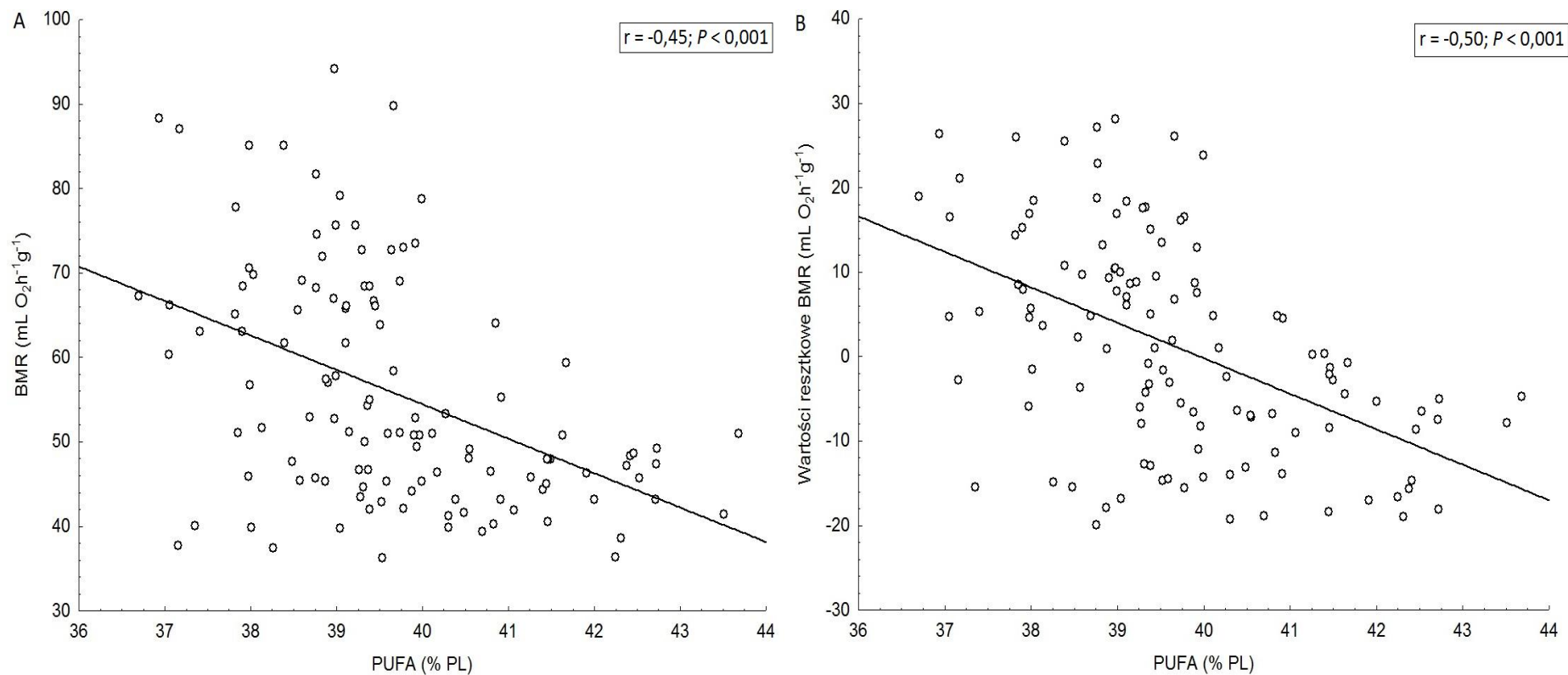
Wykres 11. Zależność pomiędzy skorygowanym o masę ciała (**A**) tempem metabolizmu podstawowego (BMR) oraz (**B**) wartościami resztkowymi BMR w liniach myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcjonowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (F32) a procentowym udziałem jednonienasyconych kwasów tłuszczowych (MUFA) w ich hepatocytach, wyznaczonym na podstawie oznaczeń kwasów tłuszczowych we frakcji lipidów całkowitych (TL).



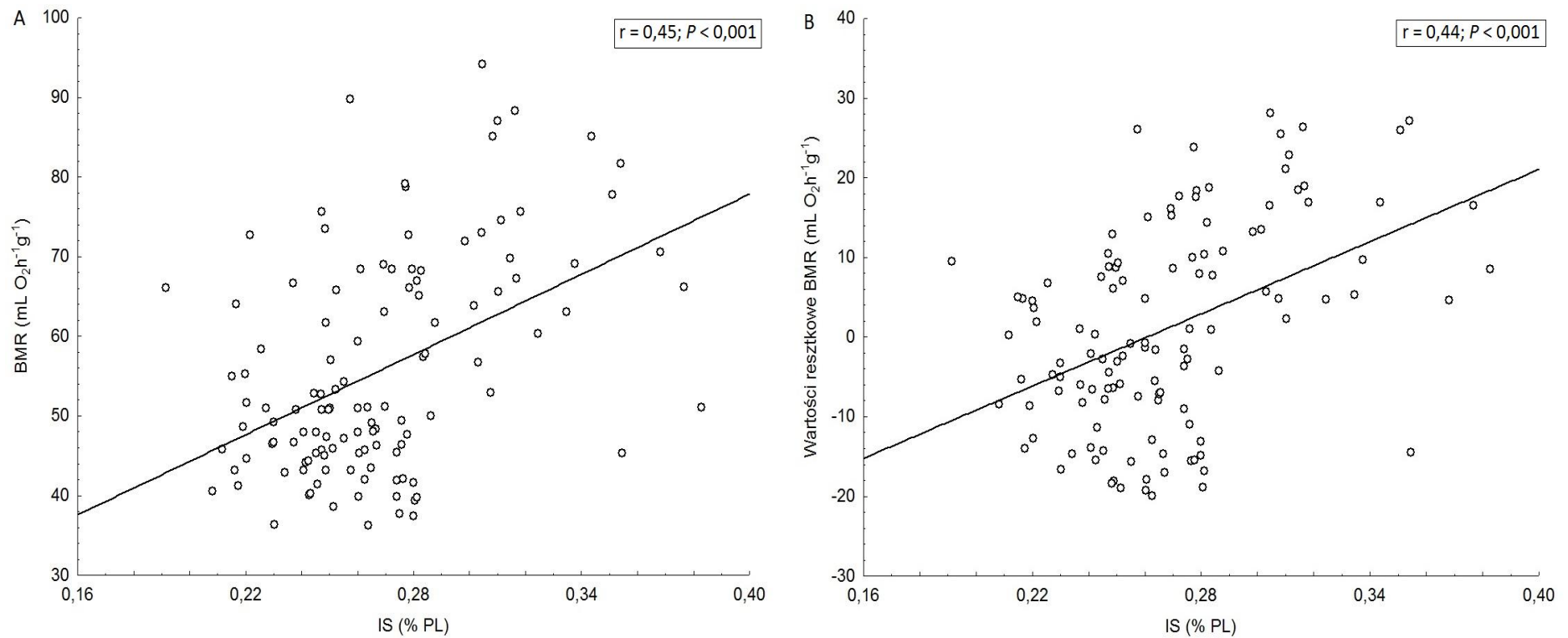
Wykres 12. Zależność pomiędzy skorygowanym o masę ciała (**A**) tempem metabolizmu podstawowego (BMR) oraz (**B**) wartościami resztkowymi BMR w liniach myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcjonowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (F32) a procentowym udziałem jednonienasyconych kwasów tłuszczowych (MUFA) w ich hepatocytach, wyznaczonym na podstawie oznaczeń kwasów tłuszczowych we frakcji fosfolipidów (PL).



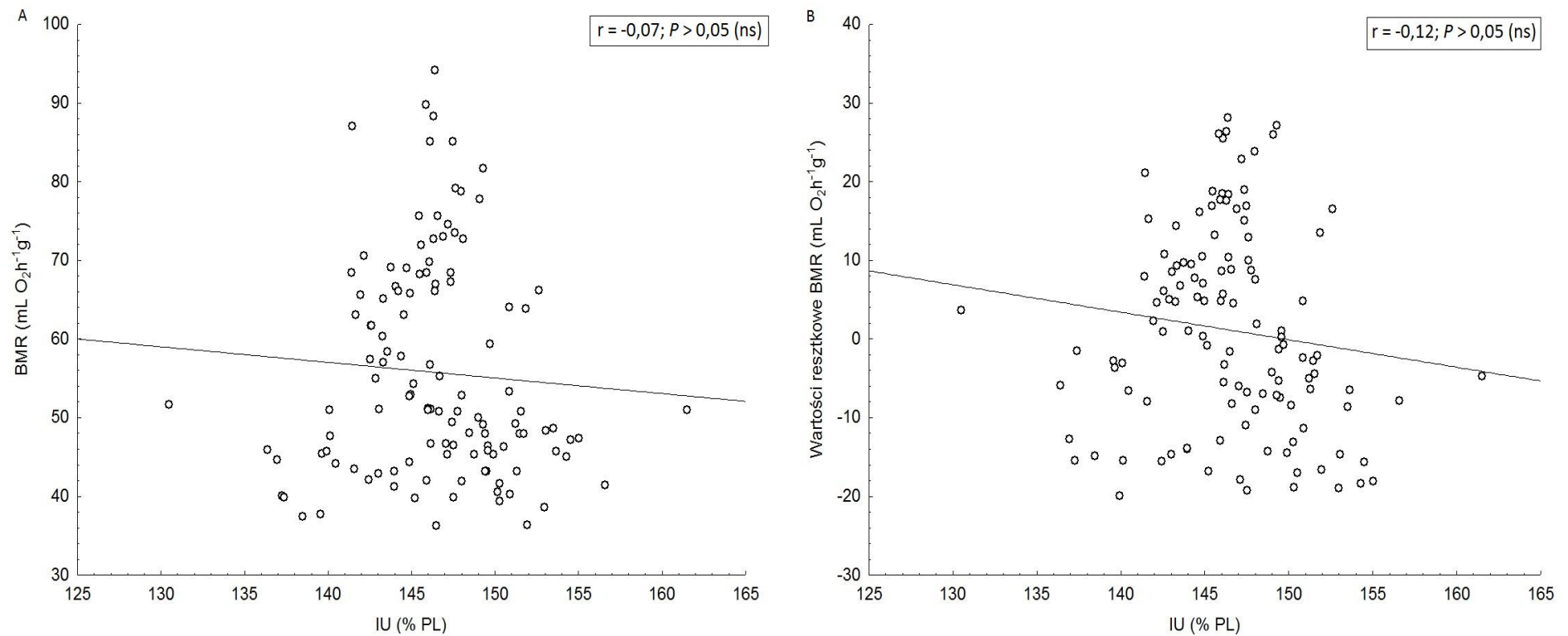
Wykres 13. Zależność pomiędzy skorygowanym o masę ciała (**A**) tempem metabolizmu podstawowego (BMR) oraz (**B**) wartościami resztkowymi BMR w liniach myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcjonowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (F32) a procentowym udziałem wielonienasyconych kwasów tłuszczowych (PUFA) w ich hepatocytach, wyznaczonym na podstawie oznaczeń kwasów tłuszczowych we frakcji lipidów całkowitych (TL).



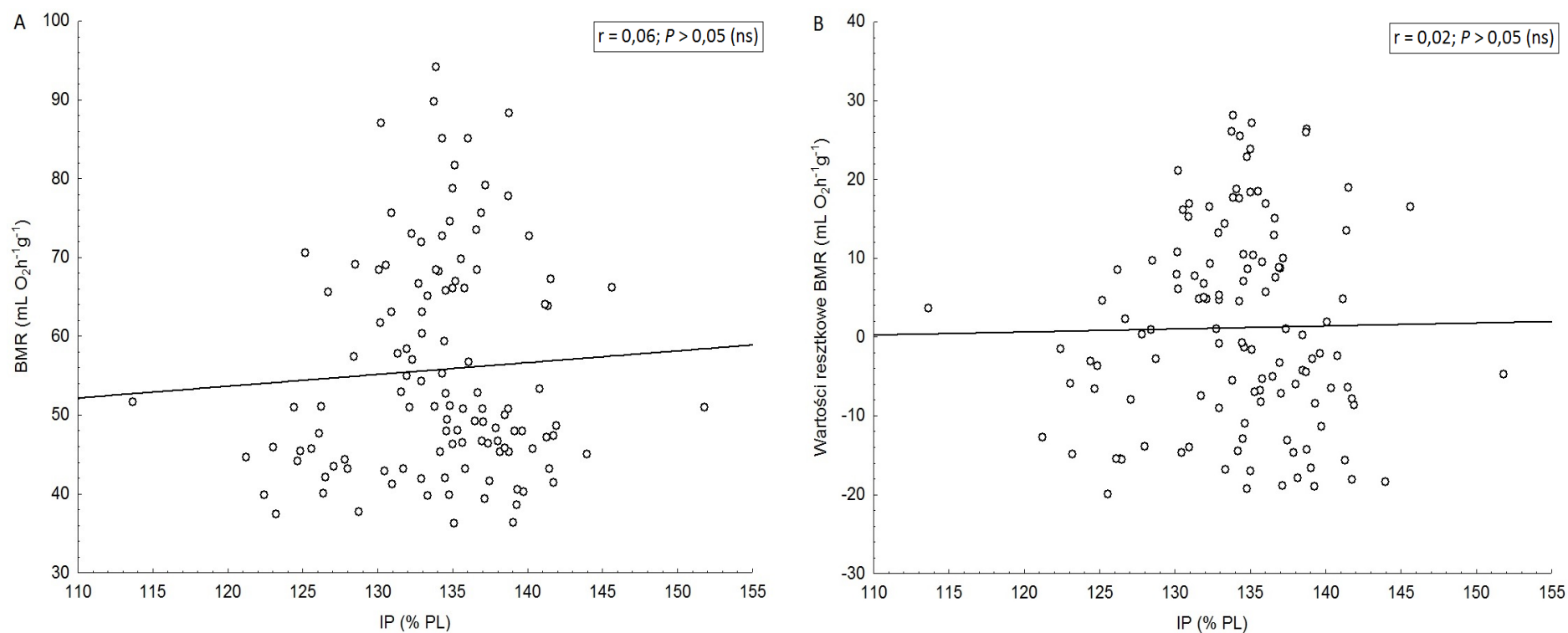
Wykres 14. Zależność pomiędzy skorygowanym o masę ciała (**A**) tempem metabolizmu podstawowego (BMR) oraz (**B**) wartościami resztkowymi BMR w liniach myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcjonowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (F32) a procentowym udziałem wielonienasyconych kwasów tłuszczowych (PUFA) w ich hepatocytach, wyznaczonym na podstawie oznaczeń kwasów tłuszczowych we frakcji fosfolipidów (PL).



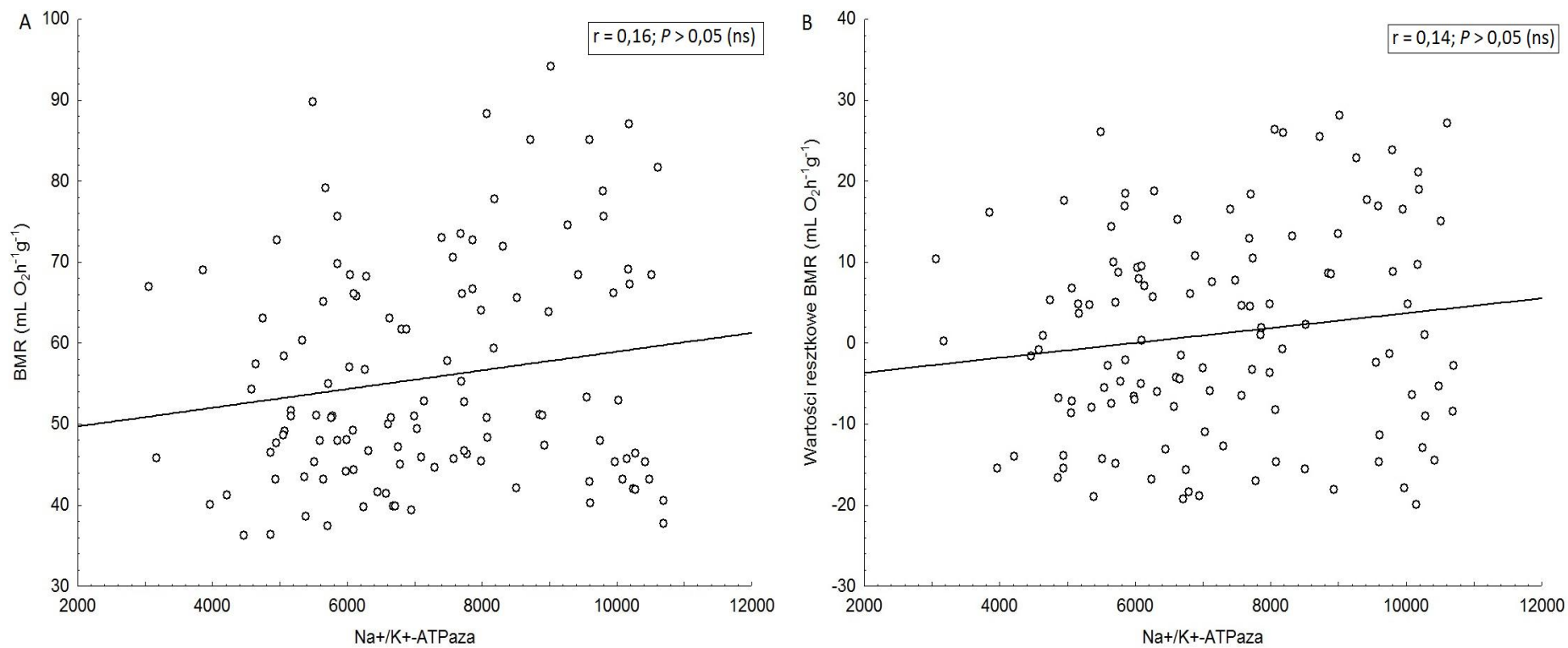
Wykres 15. Zależność pomiędzy skorygowanym o masę ciała (A) tempem metabolizmu podstawowego (BMR) oraz (B) wartościami resztkowymi BMR w liniach myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcjonowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (F32) a indeksem saturacji (IS) wyznaczonym na podstawie oznaczeń kwasów tłuszczowych we frakcji fosfolipidów (PL).



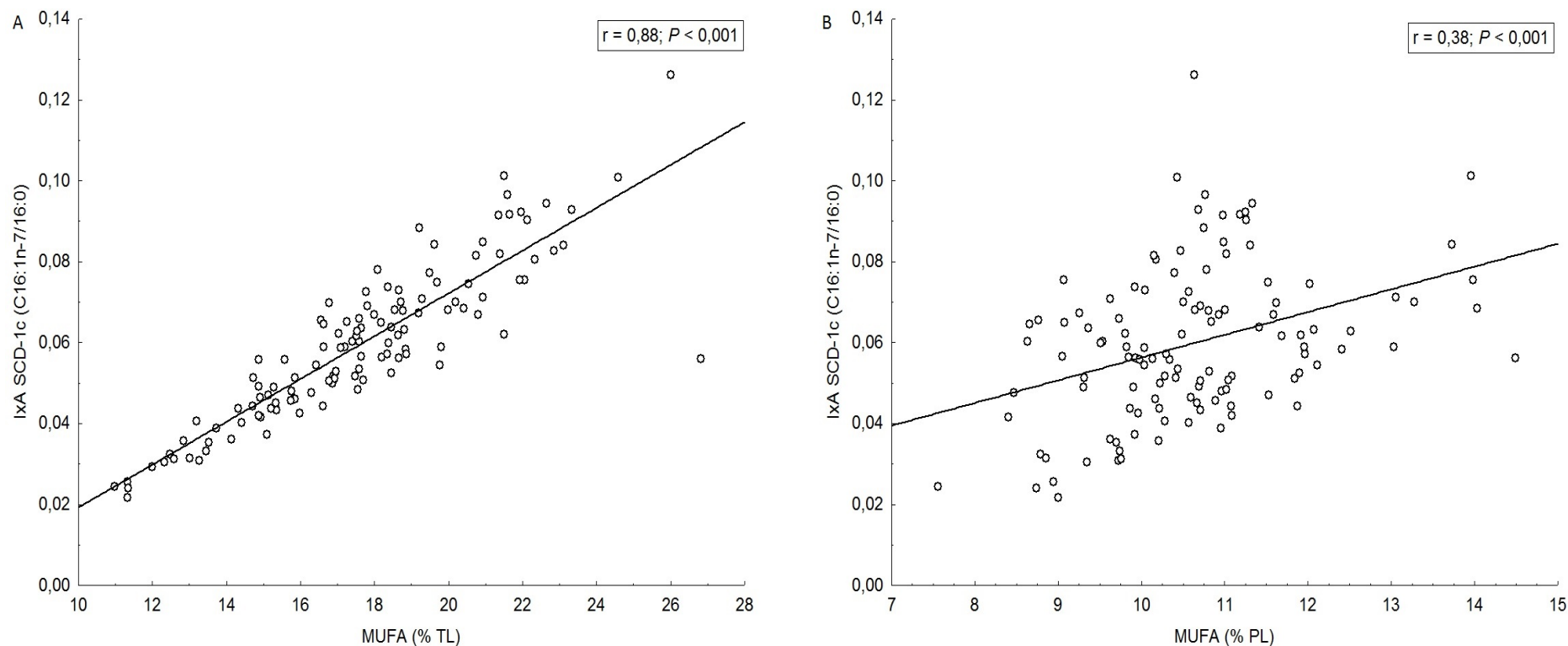
Wykres 16. Zależność pomiędzy skorygowanym o masę ciała (A) tempem metabolizmu podstawowego (BMR) oraz (B) wartościami resztkowymi BMR w liniach myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcjonowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (F32) a indeksem nienasylenia (IU) wyznaczonym na podstawie oznaczeń kwasów tłuszczowych we frakcji fosfolipidów (PL).



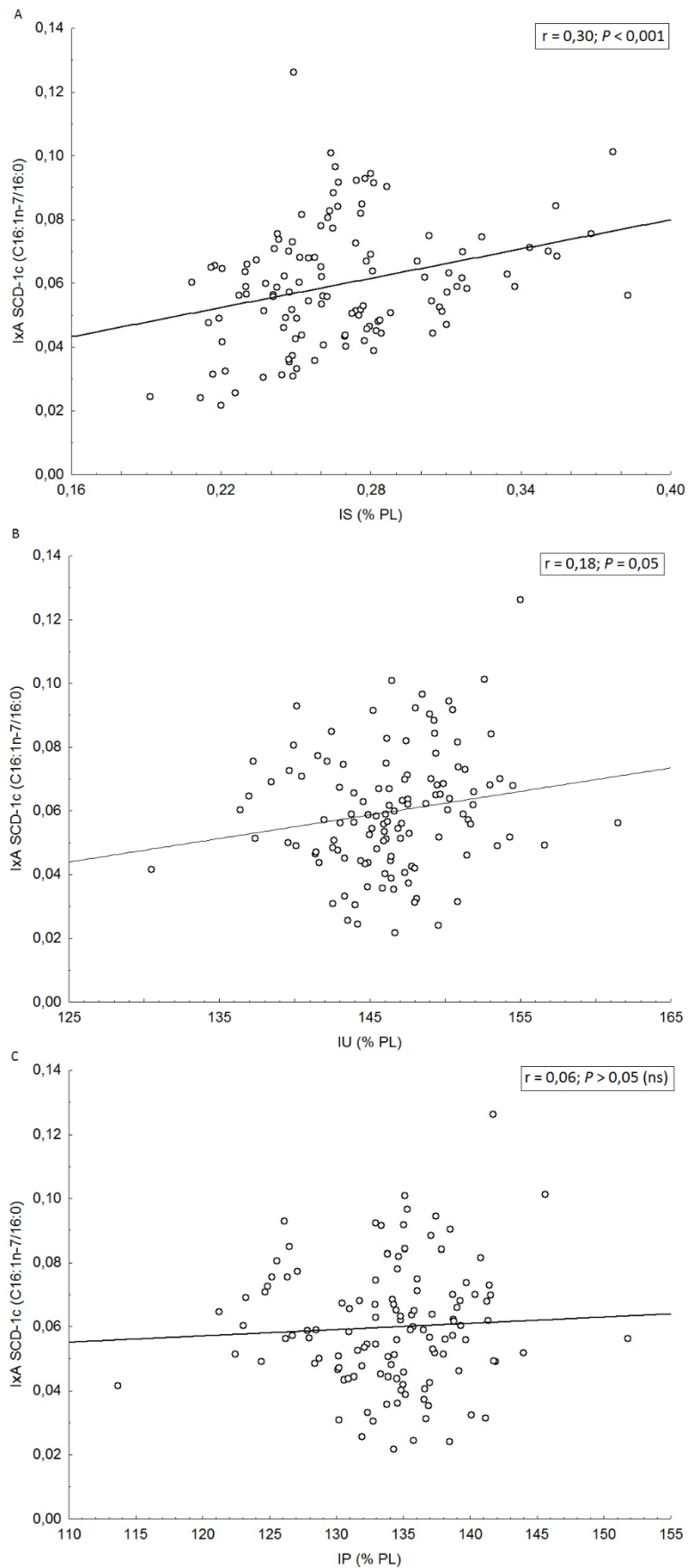
Wykres 17. Zależność pomiędzy skorygowanym o masę ciała (A) tempem metabolizmu podstawowego (BMR) oraz (B) wartościami resztkowymi BMR w liniach myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcjonowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (F32) a indeksem peroksydacji (IP) wyznaczonym na podstawie oznaczeń kwasów tłuszczowych we frakcji fosfolipidów (PL).



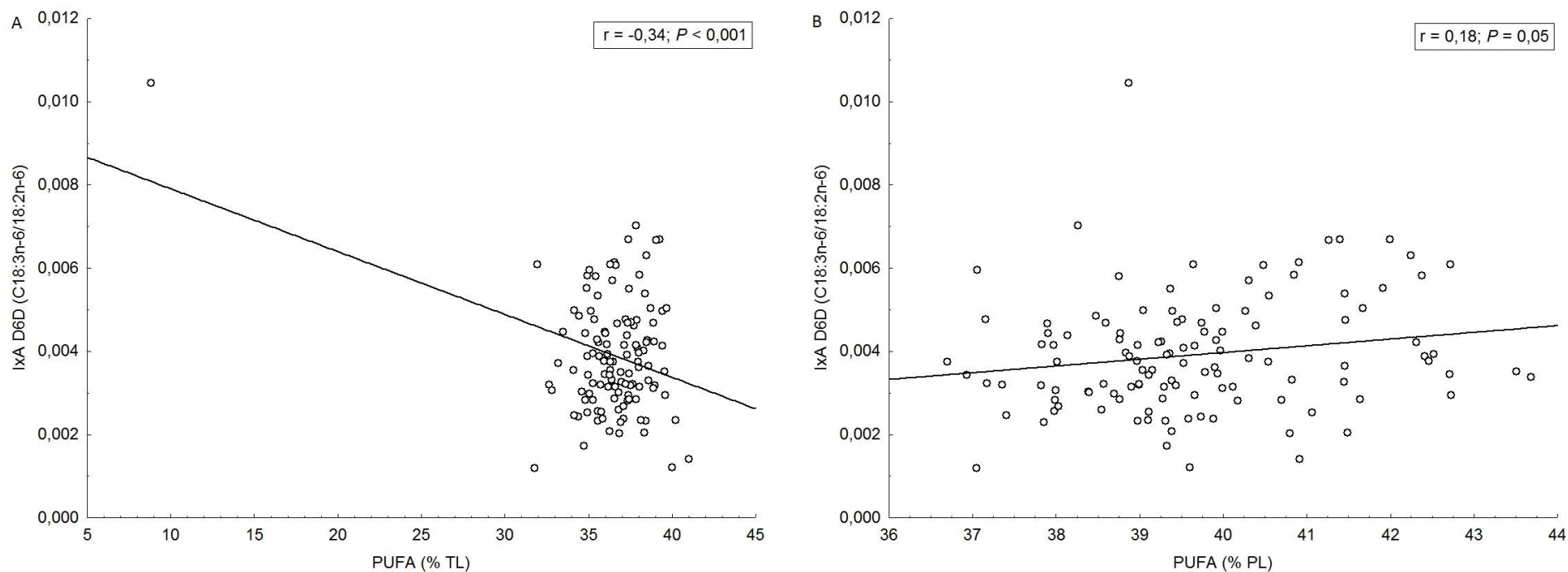
Wykres 18. Zależność pomiędzy skorygowanym o masę ciała (**A**) tempem metabolizmu podstawowego (BMR) oraz (**B**) wartościami resztkowymi BMR w liniach myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcjonowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (F32) a aktywnością pompy sodowo-potasowej (Na⁺/K⁺-ATPazy).



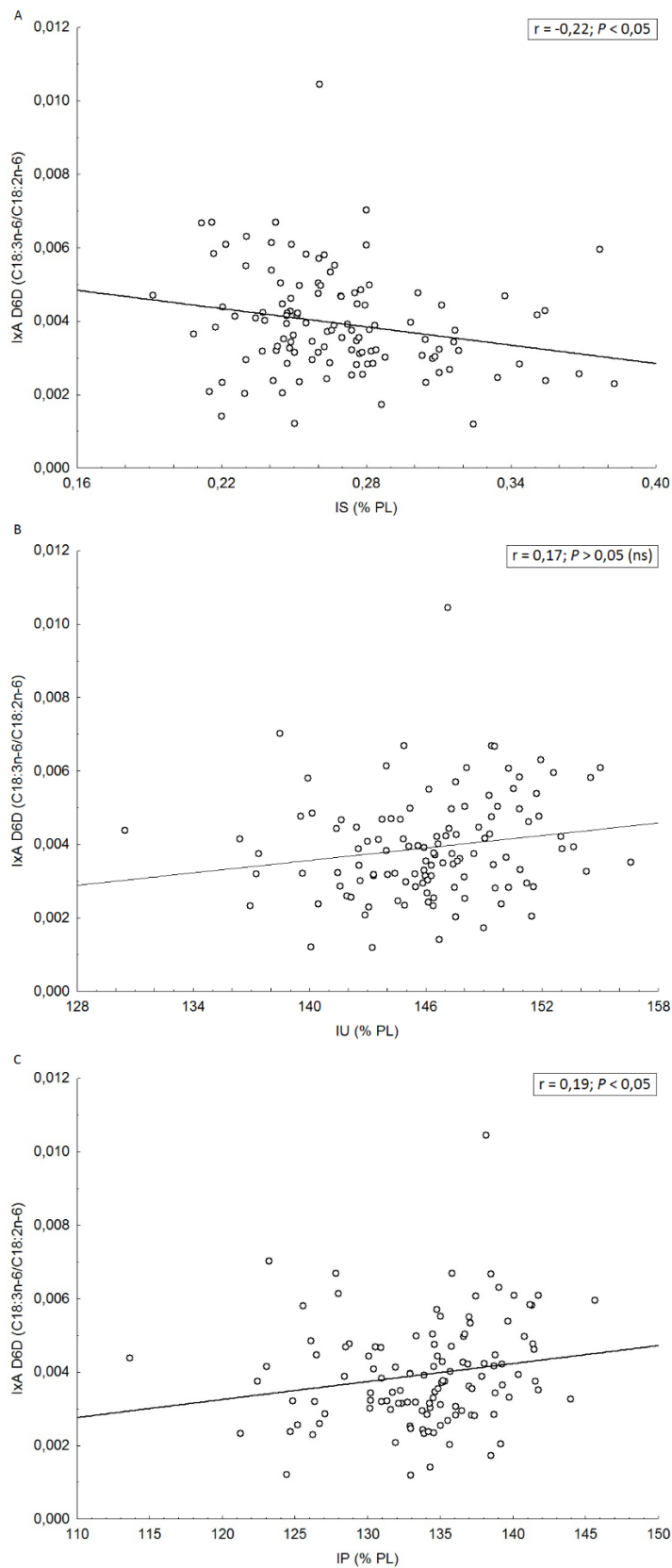
Wykres 19. Zależność pomiędzy indeksem aktywności $\Delta 9$ -desaturazy (IxA SCD-1c) wyznaczonym na podstawie oznaczeń kwasów tłuszczowych we frakcji lipidów całkowitych (TL) w liniach myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcjonowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (F32) a procentowym udziałem jednonienasyconych kwasów tłuszczowych (MUFA) w ich hepatocytach, wyznaczonym na podstawie oznaczeń kwasów tłuszczowych we frakcji (A) lipidów całkowitych (TL) oraz (B) fosfolipidów (PL).



Wykres 20. Zależność pomiędzy indeksem aktywności Δ^9 -desaturazy (IxA SCD-1c) wyznaczonym na podstawie oznaczeń kwasów tłuszczowych we frakcji lipidów całkowitych (TL) a **(A)** indeksem saturacji (IS), **(B)** indeksem nienasycenia (IU) oraz **(C)** indeksem peroksydacji (IP) błon komórkowych, wyznaczonymi na podstawie oznaczeń kwasów tłuszczowych we frakcji fosfolipidów (PL).

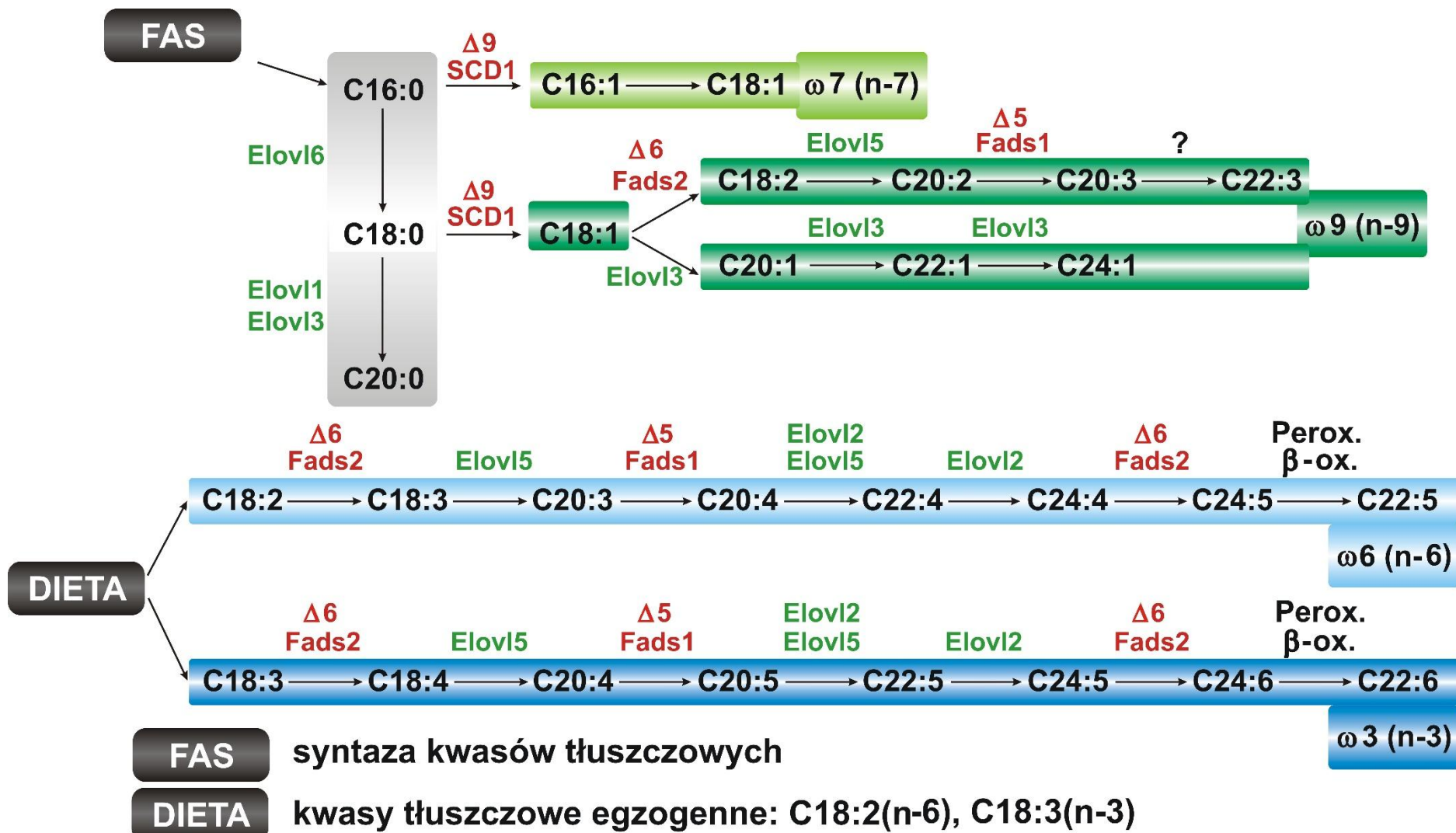


Wykres 21. Zależność pomiędzy indeksem aktywności $\Delta 6$ -desaturazy (IxA D6D) wyznaczonym na podstawie oznaczeń kwasów tłuszczowych we frakcji lipidów całkowitych (TL) w liniach myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcionowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (F32) a procentowym udziałem wielonienasyconych kwasów tłuszczowych (PUFA) w ich hepatocytach, wyznaczonym na podstawie oznaczeń kwasów tłuszczowych we frakcji (A) lipidów całkowitych (TL) oraz (B) fosfolipidów (PL).

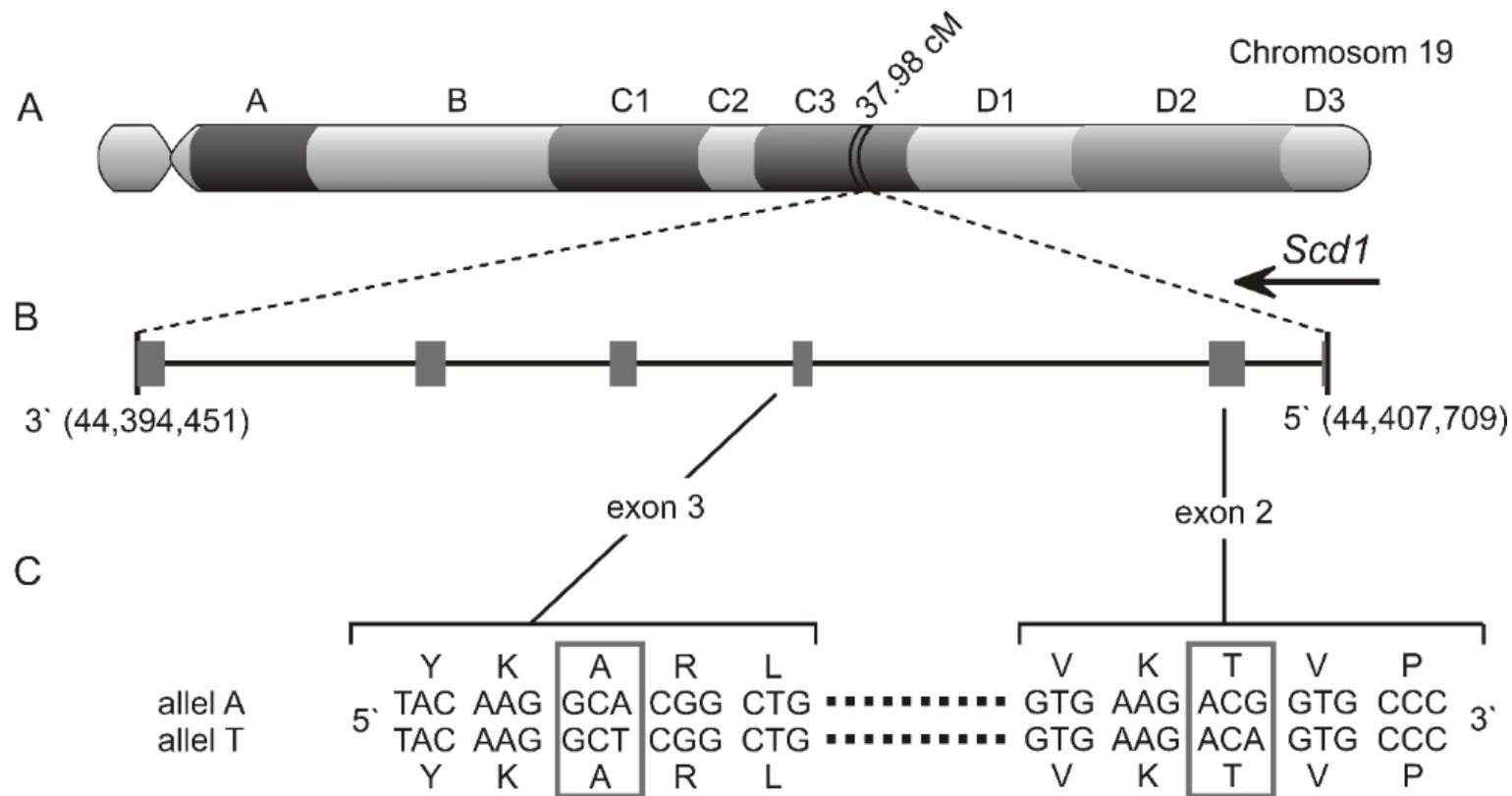


Wykres 22. Zależność pomiędzy indeksem aktywności $\Delta 6$ -desaturazy (IxA D6D) wyznaczonym na podstawie oznaczeń kwasów tłuszczowych we frakcji lipidów całkowitych (TL) a (A) indeksem saturacji (IS), (B) indeksem nienasylenia (IU) oraz (C) indeksem peroksydacji (IP) błon komórkowych, wyznaczonymi na podstawie oznaczeń kwasów tłuszczowych we frakcji fosfolipidów (PL).

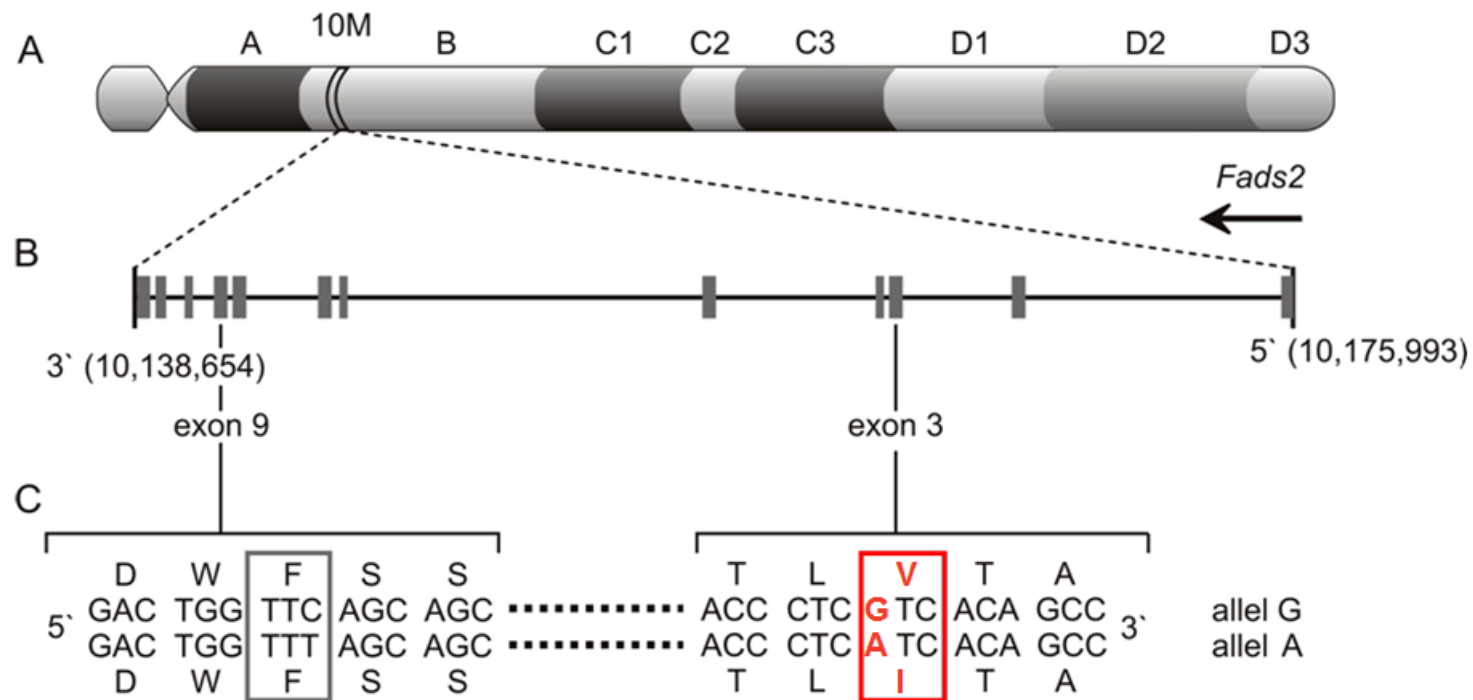
Ryciny



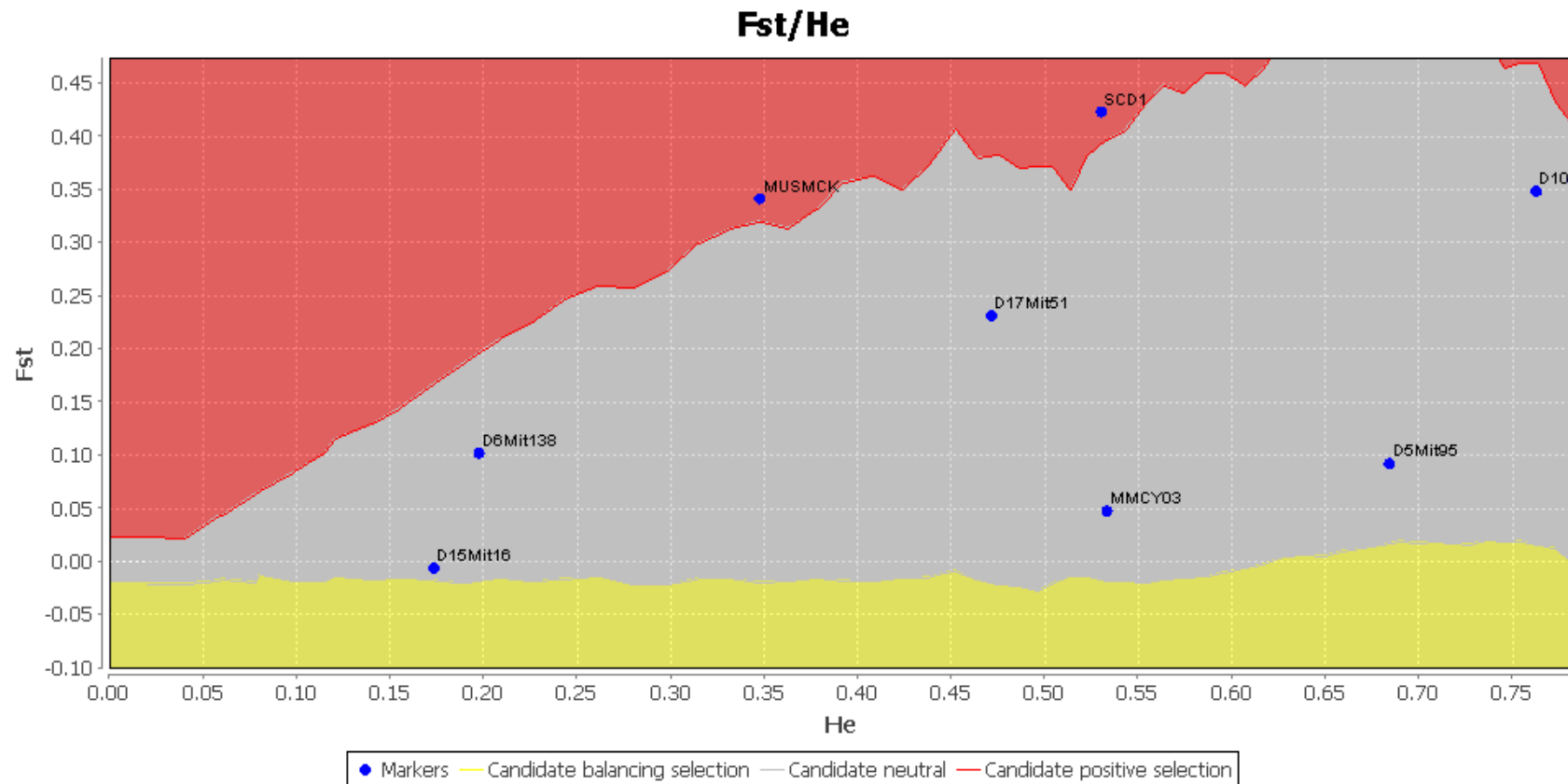
Rycina 1. Szlaki metaboliczne kwasów tłuszczowych omega-3 (ω3; n-3), omega-6 (ω6; n-6), omega-7 (ω7; n-7) oraz omega-9 (ω9; n-9).



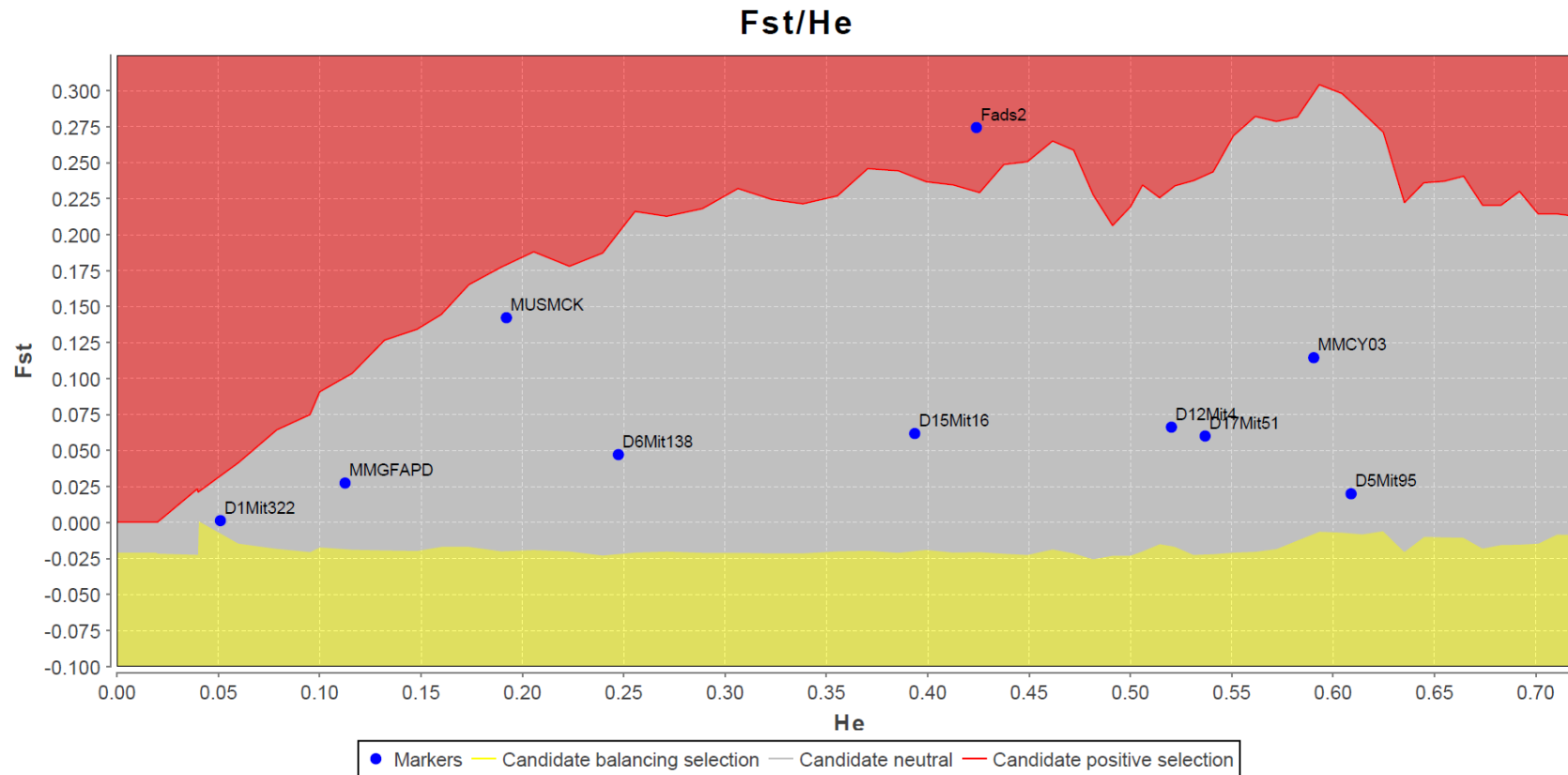
Rycina 2. Miejsca zmienne w genie *Scd1* zlokalizowanym na chromosomie 19 w genomie myszy laboratoryjnej (*Mus musculus*). (A) Ideogram chromosomu 19 myszy laboratoryjnej (*Mus musculus*); ramka na schemacie wskazuje lokalizację genu *Scd1*. Gen ten jest położony pomiędzy 44 394 451 a 44 407 709 parą zasad w sekcji C3 chromosomu 19. (B) Schemat genu *Scd1*; strzałka wskazuje kierunek transkrypcji genu; egzony są reprezentowane przez zacienione prostokąty, podczas gdy introny przez łączące je ciemne linie. (C) Dwa allele genu *Scd1*; kodony zawierające polimorfizm oraz odpowiadające im aminokwasy znajdują się w niezacienionych ramkach.



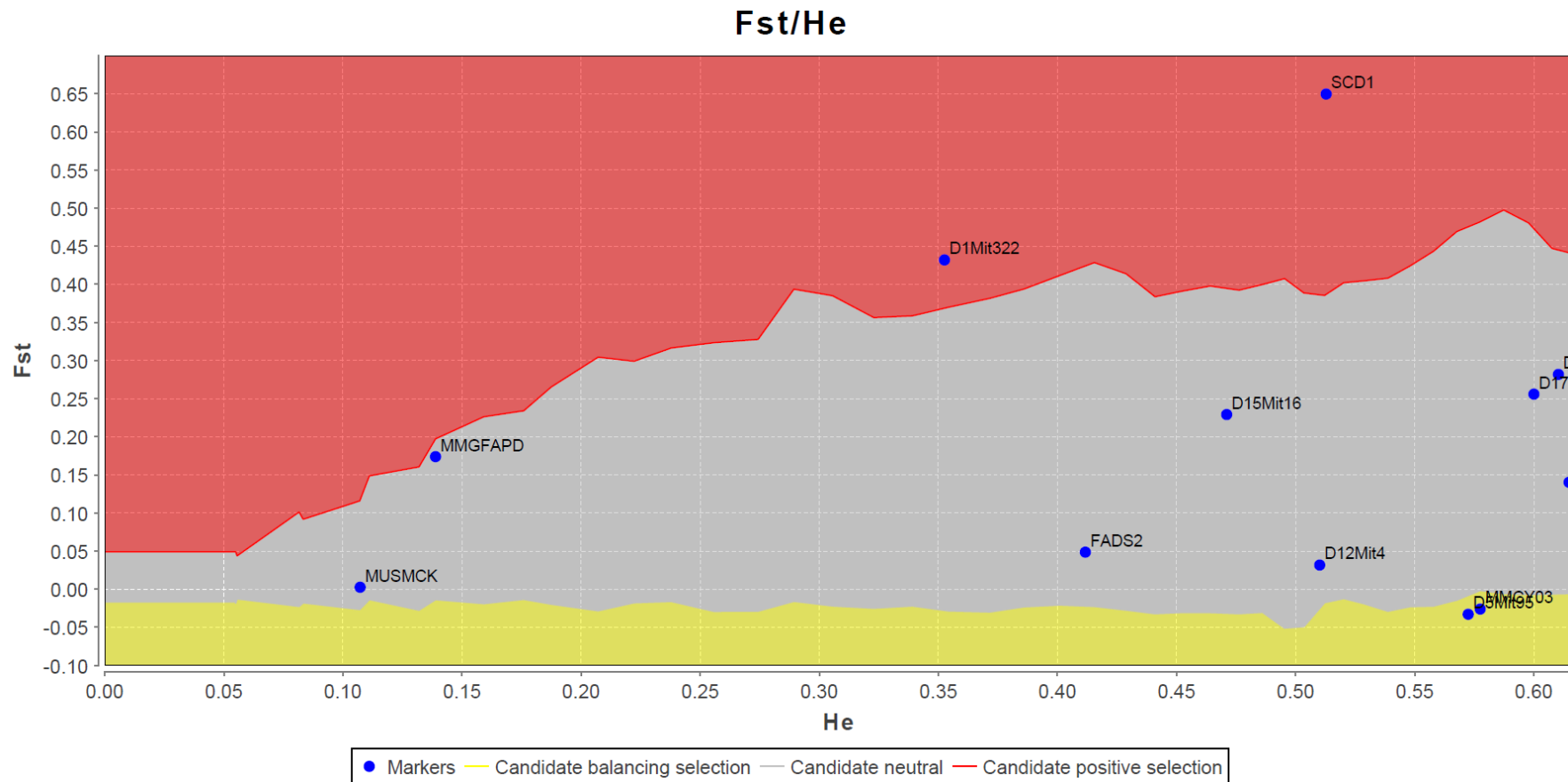
Rycina 3. Miejsca zmienne w genie *Fads2* zlokalizowanym na chromosomie 19 w genomie myszy laboratoryjnej (*Mus musculus*). (A) Ideogram chromosomu 19 myszy laboratoryjnej (*Mus musculus*); ramka na schemacie wskazuje lokalizację genu *Fads2*. Gen ten jest położony pomiędzy 10 138 654 a 10 175 993 parą zasad w sekcji B chromosomu 19. (B) Schemat genu *Fads2*; strzałka wskazuje kierunek transkrypcji genu; egzony są reprezentowane przez zaciemnione prostokąty, podczas gdy introny przez łączące je ciemne linie. (C) Dwa allele genu *Fads2*; kodony zawierające polimorfizm oraz odpowiadające im aminokwasy znajdują się w niezaciemnionych ramkach. Dodatkowo na czerwono zaznaczono polimorfizm niesynonimowy.



Rycina 4. Test na selekcję w locus *Scd1* przeprowadzony w programie LOSITAN: porównanie wartości współczynnika zróżnicowania genetycznego (F_{ST}) oraz heterozygotyczności oczekiwanej (H_e) w loci polimorficznych, tj. w genie *Scd1* i 10 loci mikrosatelitarnego DNA w genomie myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcyjowanych w 32 pokoleniu na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego.



Rycina 5. Test na selekcję w locus *Fads2* przeprowadzony w programie LOSITAN: porównanie wartości współczynnika zróżnicowania genetycznego (F_{ST}) oraz heterozygotyczności oczekiwanej (H_e) w loci polimorficznych, tj. w genie *Fads2* i 10 loci mikrosatelitarnego DNA w genomie myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcyjowanych w 22 pokoleniu na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego.



Rycina 6. Test na selekcję przeprowadzony w programie LOSITAN: porównanie wartości współczynnika zróżnicowania genetycznego (F_{ST}) oraz heterozygotyczności oczekiwanej (H_e) w loci polimorficznych, tj. w genach *Scd1* i *Fads2* oraz 10 loci mikrosatelitarnego DNA w genomie myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) nie selekcyjowanych na żadną cechę w 16 pokoleniu (US).

Supplement

Supplement 1A. Sekwencja genu *Scd1*, kodującego $\Delta 9$ -desaturazę kwasów tłuszczowych (stearoilo-CoA desaturaza, SCD-1c) myszy domowej (*Mus musculus*) – allel A; cDNA (jednoniciowe DNA uzyskane na matrycy mRNA).

```
AGGTTTCCAAGCGCAGTTCCGCCACTCGCCTACACCAACGGGCTCCGGAACCGAAGTCCACGCTCGATCTCAG
CACTGGGAAAGTGAGGCGAGCAACTGACTATCATCATGCCGGCCCACATGCTCCAAGAGATCTCCAGTTCTTA
CACGACCACCACCACCATCACTGCACCTCCCTCCGAAATGAACGAGAGAAGGTGAAGACAGTGTCCCCTCCAC
CTGGAAGAAGACATCCGTCCTGAAATGAAAGAAGATATTCACGACCCACCTATCAGGATGAGGAGGGACCCC
CGCCCAAGCTGGAGTACGTCTGGAGGAACATCATTCTCATGGTCTGCTGCACTTGGGAGGCCTGTACGGGAT
CATACTGGTTCCCTCCTGCAAGCTCTACACCTGCCTCTTCGGGATTTTCTACTACATGACCAGCGCTCTGGGC
ATCACAGCCGGGGCTCATCGCCTCTGGAGCCACAGAACTTACAAGGCACGGCTGCCCCTGCGGATCTTCCTTA
TCATTGCCAACACCATGGCGTTCAGAATGACGTGTACGAATGGGCCCAGATCACCGCGCCCACCACAAGTT
CTCAGAAACACACGCCGACCCTCACAATTCGCGCCGTGGCTTCTTCTTCTCTCACGTGGGTTGGCTGCTTGTG
CGCAAACACCCGGCTGTCAAAGAGAAGGGCGGAAAACCTGGACATGTCTGACCTGAAAGCCGAGAAGCTGGTGA
TGTTCCAGAGGAGTACTACAAGCCCGCCTCCTGCTGATGTGCTTCATCCTGCCACGCTGGTGCCTGGTA
CTGCTGGGGCGAGACTTTTGTAACAGCCTGTTTCGTTAGCACCTTCTTGCGATACACTCTGGTGTCAACGCC
ACCTGGCTGGTGAACAGTGCCGCGCATCTCTATGGATATCGCCCCTACGACAAGAACATTCAATCCCGGGAGA
ATATCCTGGTTTCCCTGGGTGCCGTGGGCGAGGGCTTCCACAACCTACCACCACACCTTCCCCTTCGACTACTC
TGCCAGTGAGTACCGCTGGCACATCAACTTACCACGTTCTTCATCGACTGCATGGCTGCCCTGGGCCTGGCT
TACGACCCGGAAGAAAGTTTCTAAGGCTACTGTCTTAGCCAGGATTAAGAGAAGCTGGAGACGGGAGTCACAAGA
GTAGCTGAGCTTTGGGCTTCTGAGTTCCTGTTTCAAACGTTTTCTGGCAGAGATTTAATATTCTGTTGATTAA
CTAACAACCTGGATATTGCTATCGGGGTGTTAATGATGCATTTAACCTATTCCGGTACAGTATTCTTATAAAAT
GAGAAAGCTTTGATCACGTTTTGAGG
```

Supplement 1B. Sekwencja genu *Scd1*, kodującego $\Delta 9$ -desaturazę kwasów tłuszczowych (stearoilo-CoA desaturaza, SCD-1c) myszy domowej (*Mus musculus*) – allel T; cDNA (jednoniciowe DNA uzyskane na matrycy mRNA).

```
AGGTTTCCAAGCGCAGTTCCGCCACTCGCCTACACCAACGGGCTCCGGAACCGAAGTCCACGCTCGATCTCAG
CACTGGGAAAGTGAGGCGAGCAACTGACTATCATCATGCCGGCCCACATGCTCCAAGAGATCTCCAGTTCTTA
CACGACCACCACCACCATCACTGCACCTCCCTCCGAAATGAACGAGAGAAGGTGAAGACAGTGTCCCCTCCAC
CTGGAAGAAGACATCCGTCCTGAAATGAAAGAAGATATTCACGACCCACCTATCAGGATGAGGAGGGACCCC
CGCCCAAGCTGGAGTACGTCTGGAGGAACATCATTCTCATGGTCTGCTGCACTTGGGAGGCCTGTACGGGAT
CATACTGGTTCCCTCCTGCAAGCTCTACACCTGCCTCTTCGGGATTTTCTACTACATGACCAGCGCTCTGGGC
ATCACAGCCGGGGCTCATCGCCTCTGGAGCCACAGAACTTACAAGGCTCAGGCTGCCCCTGCGGATCTTCCTTA
TCATTGCCAACACCATGGCGTTCAGAATGACGTGTACGAATGGGCCCAGATCACCGCGCCCACCACAAGTT
CTCAGAAACACACGCCGACCCTCACAATTCGCGCCGTGGCTTCTTCTTCTCTCACGTGGGTTGGCTGCTTGTG
CGCAAACACCCGGCTGTCAAAGAGAAGGGCGGAAAACCTGGACATGTCTGACCTGAAAGCCGAGAAGCTGGTGA
TGTTCCAGAGGAGTACTACAAGCCCGCCTCCTGCTGATGTGCTTCATCCTGCCACGCTGGTGCCTGGTA
CTGCTGGGGCGAGACTTTTGTAACAGCCTGTTTCGTTAGCACCTTCTTGCGATACACTCTGGTGTCAACGCC
ACCTGGCTGGTGAACAGTGCCGCGCATCTCTATGGATATCGCCCCTACGACAAGAACATTCAATCCCGGGAGA
ATATCCTGGTTTCCCTGGGTGCCGTGGGCGAGGGCTTCCACAACCTACCACCACACCTTCCCCTTCGACTACTC
TGCCAGTGAGTACCGCTGGCACATCAACTTACCACGTTCTTCATCGACTGCATGGCTGCCCTGGGCCTGGCT
TACGACCCGGAAGAAAGTTTCTAAGGCTACTGTCTTAGCCAGGATTAAGAGAAGCTGGAGACGGGAGTCACAAGA
GTAGCTGAGCTTTGGGCTTCTGAGTTCCTGTTTCAAACGTTTTCTGGCAGAGATTTAATATTCTGTTGATTAA
CTAACAACCTGGATATTGCTATCGGGGTGTTAATGATGCATTTAACCTATTCCGGTACAGTATTCTTATAAAAT
GAGAAAGCTTTGATCACGTTTTGAGG
```

Supplement 1C. Fragment sekwencji genu *Scd1*, kodującego $\Delta 9$ -desaturazę kwasów tłuszczowych (stearoilo-CoA desaturaza, SCD-1c) myszy domowej (*Mus musculus*) – allel A; gDNA (genomowe DNA).

```
ACAGACCCTCACCCCAAACCAAAGAACAACACTGGCATCAGGGAAGGCGCCTTGGCAACTTCCACTACTGAAATT
TGCCTGTTGGTGAGTCTCCCACTGTCTTGTCTTGCAGGGATTTTCTACTACATGACCAGCGCTCTGGGCATCA
CAGCCGGGGCTCATCGCCTCTGGAGCCACAGA AACTTACAAGGCACGGCTGCCCTGCGGATCTTCCTTATCAT
TGCCAACACCATGGCGTTCCAGGTAAGAAGCGAGTGC
```

Supplement 1D. Fragment sekwencji genu *Scd1*, kodującego $\Delta 9$ -desaturazę kwasów tłuszczowych (stearoilo-CoA desaturaza, SCD-1c) myszy domowej (*Mus musculus*) – allel T; gDNA (genomowe DNA).

```
ACAGACCCTCACCCCAAACCAAAGAACAACACTGGCATCAGGGAAGGCGCCTTGGCAACTTCCACTACTGAAATT
TGCCTGTTGGTGAGTCTCCCACTGTCTTGTCTTGCAGGGATTTTCTACTACATGACCAGCGCTCTGGGCATCA
CAGCCGGGGCTCATCGCCTCTGGAGCCACAGA AACTTACAAGGCACGGCTGCCCTGCGGATCTTCCTTATCAT
TGCCAACACCATGGCGTTCCAGGTAAGAAGCGAGTGC
```

Supplement 2. Sekwencja genu *Fads1*, kodującego $\Delta 5$ -desaturazę kwasów tłuszczowych (FADS1, D5D) myszy domowej (*Mus musculus*); cDNA (jednoniciowe DNA uzyskane na matrycy mRNA).

```
TTTCGCGAGCCTGGCGTGCCTGCCCCGCGCCCGGAGCGCGCACCTCTCAGACTCCAGCTTCCCCCGCCAAGC
TTGCTATGGCTCCCGACCCGGTGCCGACCCCTGGCCCCGGCCTCCGCCCAGCTCCGCCAAACGCGCTACTTTAC
TTGGGAGGAGGTGGCGCAGCGCTCCGGGGCGGAGAAAGGAGCGATGGCTCGTGATCGACCCGGAAGGTGTACAAC
ATCAGCGACTTCAGCCGCCACCCGGGGGGCTCCCGGGTTCATCAGCCACTACGCGGGTCAGGATGCCACGG
ATCCTTTTGTGGCATCCACATCAACAAGGGTCTTGTGAGAAAGTATATGAACTCTCTTCTGATTGGAGGCT
GGCTCCGGAGCAACCCAGCTTTGAACCCACCAAGAATAAAGCGCTAACTGATGAATTCGGGAGCTGCGGGCC
ACAGTAGAGCGAATGGGCCTCATGAAGGCCAACCACCTCTTCTTCTGGTCTACCTGCTTACATCCTGCTGC
TGGATGTGGCTGCCTGGCTCACCTTTGGATCTTTGGAACCTTCCTTGGTGCCTTCATCCTCTGTGCAGTACT
GCTCAGTACAGTTCAGGCTCAGGCAGGTTGGCTACAGCATGACTTTGGGCACCTGTCAGTCTTTGGCACCTCG
ACATGGAATCACCTGCTACATCATTTTGTGATTGGCCACCTGAAGGGGGCCCCCGCCAGCTGGTGGAACCACA
TGCATTTCCAGCACCATGCCAAGCCTAACTGCTTCCGCAAGGACCCCGATATCAACATGCACCCCCCTCTTCTT
CGCCCTGGGGAAGGTCTTCTTGTGGAGCTCGGGAGGGAAAAGAAGAAGCACATGCCATAACAACCATCAGCAC
AAGTACTTCTTCTCATCGGACCCCGAGCCTTGCTGCCTCTATACTTCCAGTGGTATATTTTCTATTTTGTGG
TTCAGCGGAAAAAATGGGTGGACTTGGCCTGGATGCTCAGCTTCTATGCCCGCATCTTCTTCACTTACATGCC
GCTGCTGGGGCTGAAAGGCTTCTTGGGCCTTTTCTTCACTTGTGAGGTTTCTGGAAAGCAACTGGTTTTGTGTGG
GTGACACAGATGAACCATATCCCCATGCACATTGATCACGACCCGGAATGTGGACTGGGTCTCCACCCAGCTGC
AGGCAACCTGCAACGTTACCAATCAGCCTTCAACAACCTGGTTTCAGTGGCCACCTAAATTTCCAGATTGAACA
CCACCTCTTCCCCACCATGCCGCGGCACAACCTACCACAAGGTGGCACCCCTAGTACAATCCCTGTGCGCCAAG
TACGGCATCAAGTATGAGTCCAAGCCCCTGCTCACAGCCTTCGCGGACATTGTTTACTCCCTGAAGGAGTCAG
GGCAACTCTGGTTGGACGCTTACCTTACCAATAGCAGCAGCAGACCTCCATATGGAGGAGGAAGAGGACACC
TGGAGCCAAAGCAGGAGTTGGAGGGACAATGCCACTATGAATCTAATGTTTAAAAGGTTAGGGAACATGGATA
TTCGTACTCACATCTGCGCCCCCTCCCCCTTGGCCTTCTGGGTACCAAACCTTGAGGGAGGGGAGAGCTGTTGAA
GGCAGGAATTCAAAACCTGTTATTTCTTCTACTTTGGCAGGGGAGGGGGACAAATGGTGGTACCTACAGAGCTC
TGCATGAAGTAGGGACCCACACTAGATAACCCCTCTTGTAAGTATGAGCCCATCTCACTGGGCTATCTGAC
TCTCCACCCTCCTTGTAGTCTCTGAGGAACAGTGCAACTCCTTCGA
```

Suplement 3A. Sekwencja genu *Fads2*, kodującego $\Delta 6$ -desaturazę kwasów tłuszczowych (FADS2, D6D) myszy domowej (*Mus musculus*) – allel G; cDNA (jednociowe DNA uzyskane na matrycy mRNA).

```
ATCCGGGTAGACTGGCAGCATGGGGAAGGGAGGTAACCAGGGAGAGGGGAGCACCCGAGCGCCAGGCTCCGATG
CCCACCTTCCGTTGGGAGGAGATTTCAGAAGCACAACCTGCGCACCCGACCGGTGGCTCGTCATCGACCCGAAGG
TCTACAACGTTACCAAATGGTCCCAGCGGCACCCGGGGGGCCACCGTGTTCATCGGACACTATTTCGGGAGAAGA
TGCTACGGATGCCTTCCGTGCCTTCCATCTGGACCTGGACTTCGTGGGCAAGTTCTTGAAGCCCCTGCTGATT
GGTGAGCTGGCCCCAGAGGAGCCCAGCCTGGACCGTGGCAAAAGCTCTCAGATCACCCGAGGACTTCAGGGCCC
TGAAGAAGACTGCTGAGGACATGAACCTCTTCAAACCAACCACCTGTTCTTCTTTCTCCTCCTGTCCACAT
CATCGTCATGGAAAGCCTTGCCTGGTTCATCCTCTCGTACTTCGGCACTGGCTGGATTTCCTACCCTCAGTCACA
GCCTTTGTCCCTCGCTACCTCTCAGGCCAAGCTGGATGGCTGCAACATGACTATGGCCACCTTTCTGTCTATA
AGAAATCCATATGGAACCACGTTGTCCACAAGTTTGTCAATTGGCCACTTAAAGGGTGCCTCAGCCAACCTGGTG
GAACCACCGACATTTCCAACACCATGCCAAGCCCAACATCTTCCACAAGGACCCGGACATAAAGAGCCTGCAT
GTGTTTGTCCCTTGGCGAGTGGCAGCCCCTTGAGTATGGCAAGAAGAAGCTGAAATACCTGCCCTACAACCACC
AGCATGAATACTTCTTCCTGATCGGACCGCCGCTGCTCATCCCTATGTACTTCCAGTACCAGATCATCATGAC
AATGATCAGCCGCAGGGACTGGGTGGACTTGGCTTGGGCCATCAGCTACTATATGCGTTTCTTCTACACCTAC
ATCCCTTTCTACGGCATCTTGGGAGCCCTGGTTTTCTCAACTTTATCAGGTTTCTTGGAGAGCCACTGGTTTGT
TGTGGGTACACAGATGAACCACCTTGTTCATGGAGATTGATCTTGATCACTACCCGGGACTGGTTTACAGAGCCA
GCTGGCAGCCACCTGCAATGTGGAGCAGTCCTTCTTCAATGACTGGTTCAGCGGGCACCTCAATTTCCAGATT
GAGCACCACCTCTTCCCCACTATGCCACGTCACAACCTGCACAAGATTGCCCCACTGGTGAAGTCTCTCTGCG
CCAAGCATGGCATTGAATACCAGGAGAAGCCGTTGCTGAGGGCCCTGATCGACATTGTGAGTTCACTGAAGAA
GTCTGGGGAGCTGTGGCTGGATGCTTACCTCCATAAATGAAGCTGCCGTCTCCTCCGGGCACCCTCGGGAAAGGG
GCACTGTTGGGTGACAGCCAGAGGGAGGGGAGGGCTTTTGTCTGAAGGGTTCTCATGAG
```

Suplement 3B. Sekwencja genu *Fads2*, kodującego $\Delta 6$ -desaturazę kwasów tłuszczowych (FADS2, D6D) myszy domowej (*Mus musculus*) – allel A; cDNA (jednociowe DNA uzyskane na matrycy mRNA).

```
ATCCGGGTAGACTGGCAGCATGGGGAAGGGAGGTAACCAGGGAGAGGGGAGCACCCGAGCGCCAGGCTCCGATG
CCCACCTTCCGTTGGGAGGAGATTTCAGAAGCACAACCTGCGCACCCGACCGGTGGCTCGTCATCGACCCGAAGG
TCTACAACGTTACCAAATGGTCCCAGCGGCACCCGGGGGGCCACCGTGTTCATCGGACACTATTTCGGGAGAAGA
TGCTACGGATGCCTTCCGTGCCTTCCATCTGGACCTGGACTTCGTGGGCAAGTTCTTGAAGCCCCTGCTGATT
GGTGAGCTGGCCCCAGAGGAGCCCAGCCTGGACCGTGGCAAAAGCTCTCAGATCACCCGAGGACTTCAGGGCCC
TGAAGAAGACTGCTGAGGACATGAACCTCTTCAAACCAACCACCTGTTCTTCTTTCTCCTCCTGTCCACAT
CATCGTCATGGAAAGCCTTGCCTGGTTCATCCTCTCGTACTTCGGCACTGGCTGGATTTCCTACCCTCAGTCACA
GCCTTTGTCCCTCGCTACCTCTCAGGCCAAGCTGGATGGCTGCAACATGACTATGGCCACCTTTCTGTCTATA
AGAAATCCATATGGAACCACGTTGTCCACAAGTTTGTCAATTGGCCACTTAAAGGGTGCCTCAGCCAACCTGGTG
GAACCACCGACATTTCCAACACCATGCCAAGCCCAACATCTTCCACAAGGACCCGGACATAAAGAGCCTGCAT
GTGTTTGTCCCTTGGCGAGTGGCAGCCCCTTGAGTATGGCAAGAAGAAGCTGAAATACCTGCCCTACAACCACC
AGCATGAATACTTCTTCCTGATCGGACCGCCGCTGCTCATCCCTATGTACTTCCAGTACCAGATCATCATGAC
AATGATCAGCCGCAGGGACTGGGTGGACTTGGCTTGGGCCATCAGCTACTATATGCGTTTCTTCTACACCTAC
ATCCCTTTCTACGGCATCTTGGGAGCCCTGGTTTTCTCAACTTTATCAGGTTTCTTGGAGAGCCACTGGTTTGT
TGTGGGTACACAGATGAACCACCTTGTTCATGGAGATTGATCTTGATCACTACCCGGGACTGGTTTACAGAGCCA
GCTGGCAGCCACCTGCAATGTGGAGCAGTCCTTCTTCAATGACTGGTTCAGCGGGCACCTCAATTTCCAGATT
GAGCACCACCTCTTCCCCACTATGCCACGTCACAACCTGCACAAGATTGCCCCACTGGTGAAGTCTCTCTGCG
CCAAGCATGGCATTGAATACCAGGAGAAGCCGTTGCTGAGGGCCCTGATCGACATTGTGAGTTCACTGAAGAA
GTCTGGGGAGCTGTGGCTGGATGCTTACCTCCATAAATGAAGCTGCCGTCTCCTCCGGGCACCCTCGGGAAAGGG
GCACTGTTGGGTGACAGCCAGAGGGAGGGGAGGGCTTTTGTCTGAAGGGTTCTCATGAG
```

Supplement 3C. Fragment sekwencji genu *Fads2*, kodującego $\Delta 6$ -desaturazę kwasów tłuszczowych (FADS2, D6D) myszy domowej (*Mus musculus*) – allel G; gDNA (genomowe DNA).

```
TCAGATCACCGAGGACTTCAGGGCCCTGAAGAAGACTGCTGAGGACATGAACCTCTTCAAAAACCAACCACCTG
TTCTTCTTTCTCCTCCTGTCCACATCATCGTCATGGAAAGCCTTGCCTGGTTCATCCTCTCGTACTTCGGCA
CTGGCTGGATTCCCTACCCTCGTCACAGCCTTTGTCCTCGCTACCTCTCAGGTGAGGCCTGACATCCCTGAGCA
TCATTTGAACATCCCCACCTCTCAGATCCCTCCTGGCTGTTTGCTGATGCTGCAGTGACATTACAGCCCTCT
TTCCCTAGGCCCAAGCTGGATGGCTGCAACATGACTATGGCCACTTTCTGTCTATAAGAAATCCATATGGAAC
CACGTTGTCCACAAGTTTGTTCATTGGC
```

Supplement 3D. Fragment sekwencji genu *Fads2*, kodującego $\Delta 6$ -desaturazę kwasów tłuszczowych (FADS2, D6D) myszy domowej (*Mus musculus*) – allel A; gDNA (genomowe DNA).

```
TCAGATCACCGAGGACTTCAGGGCCCTGAAGAAGACTGCTGAGGACATGAACCTCTTCAAAAACCAACCACCTG
TTCTTCTTTCTCCTCCTGTCCACATCATCGTCATGGAAAGCCTTGCCTGGTTCATCCTCTCGTACTTCGGCA
CTGGCTGGATTCCCTACCCTCATCACAGCCTTTGTCCTCGCTACCTCTCAGGTGAGGCCTGACATCCCTGAGCA
TCATTTGAACATCCCCACCTCTCAGATCCCTCCTGGCTGTTTGCTGATGCTGCAGTGACATTACAGCCCTCT
TTCCCTAGGCCCAAGCTGGATGGCTGCAACATGACTATGGCCACTTTCTGTCTATAAGAAATCCATATGGAAC
CACGTTGTCCACAAGTTTGTTCATTGGC
```

Supplement 3E. Fragment sekwencji genu *Fads2*, kodującego $\Delta 6$ -desaturazę kwasów tłuszczowych (FADS2, D6D) myszy domowej (*Mus musculus*) – allel G; gDNA (genomowe DNA).

```
GGCTTGGGCCATCAGCTACTATATGCGTTTCTTCTACACCTACATCCCTTTCTACGGCATCTTGGGAGCCCTG
GTTTTCTCAACTTTATCAGGTACCCCAACTTTGCTGGTTCACCCTGTGCTTTTGAGAGCACTGGCTTTGCCG
GGGCTGTGATGTGAACCCTGAACCAGCCATGGGGGTAGGGTAGGTACAGTGGCTTTTTGTGGCTGCCTATCTC
CCACCCTGAGGCTTCGGCACTGAGCTCTGCTGTCTTCTAGGTTTCTGGAGAGCCACTGGTTTTGTGTGGGTAC
ACAGATGAACCACCTTGTCATGGAGATTGATCTTGATCACTACCAGGACTGGTTCAGCAGCCAGGTGAGGGGA
GGCAGAGGTAGTCACGGGGGCCCTGAAAGCTGTCCCATGTCCTTGCCTGCACCCTGCCTCTGTGGACCCAGG
GCTATACAAACCTTCCCTAGGGCTACTTGGTGCCTGTTGGCAGCCTCAGAGCAAGAAAGGATGGTAGGAAGAT
TGGGGACGCAGCTCAGTTGGTGTGGCAGCCTCAGTTAAGCAAGAAAGGAGGGTAGAAGGTTGGGGACGCAGCT
CAGTTGGTGTTCCTAGCATGCATAAAATCCTGGGTCTTATCTCTGGCACCCAATATACTCAATGTGGCGAC
CCATAATATAATCTTAGTACTTGGGAGGTGGAGACAGGAAGATCAGGAGTCCAAGGCCAGGATAAGTTAAAAA
CAACACAGAAGGAAATATGGAAGGAGTGATAAGAATCTACCAGAGGAACTTGGGGAGTCTGGGAGGGTGAGG
CTAGAATGGTATGACCTAGAGAGAGGCCCTAAAACCCTGGTTAAGGTGACCTTTATGGGGTAAGTCCAGGTCC
TTTGGTTTTGTCTTACACACCAGCCACTGATGCCCTGTCCCTCTGCAGCTGGCAGCCACCTGCAATGTGGA
GCAGTCCTTCTCAATGACTGGTTACAGCGGCACCTCAATTTCCAGATTGAGCACCA
```

Supplement 3F. Fragment sekwencji genu *Fads2*, kodującego $\Delta 6$ -desaturazę kwasów tłuszczowych (FADS2, D6D) myszy domowej (*Mus musculus*) – allel A; gDNA (genomowe DNA).

```
GGCTTGGGCCATCAGCTACTATATGCGTTTCTTCTACACCTACATCCCTTTCTACGGCATCTTGGGAGCCCTG
GTTTTCCCTCAACTTTATCAGGTACCCCAACTTTGCTGGTTTACCCTGTGCTTTTGAGAGCACTGGCTTTGCCG
GGGCTGTGATGTGAACCCTGAACCAGCCATGGGGGTAGGGTAGGTACAGTGGCTTTTTGTGGCTGCCTATCTC
CCACCCTGAGGCTTCGGCACTGAGCTCTGCTGTCTTCTAGGTTCTCGGAGAGCCACTGGTTTTGTGTGGGTAC
ACAGATGAACCACCTTGTCATGGAGATTGATCTTGATCACTACCGGGACTGGTTTAGCAGCCAGGTGAGGGGA
GGCAGAGGTAGTCACGGGGGCCCTGGAAAGCTGTCCCATGTCCTTGCCTGCACCCTGCCTCTGTGGACCCAGG
GCTATACAAACCTTCCCTAGGGCTACTTGGTGCCTGTTGGCAGCCTCAGAGCAAGAAAGGATGGTAGGAAGAT
TGGGGACGCAGCTCAGTTGGTGTGGCAGCCTCAGTTAAGCAAGAAAGGAGGGTAGAAGGTTGGGGACGCAGCT
CAGTTGGTGTGTTGCCTAGCATGCATAAAATCCTGGGTCTTATCTCTGGCACCCAATATACTCAATGTGGCGAC
CCATAATATAATCTTAGTACTTGGGAGGTGGAGACAGGAAGATCAGGAGTCCAAGGCCAGGATAAGTTAAAAA
CAACACAGAAGGAAATATGGAAGGAGTGATAAGAATCTACCAGAGGAAACTTGGGGAGTCTGGGAGGGTGAGG
CTAGAATGGTATGACCTAGAGAGAGGCCCTAAAACCCTGGTTAAGGTGACCTTTATGGGGTAAGTCCAGGTCC
TTTGGTTTTGTTCTTACACACCAGCCACTGATGCCCTGTCCCCTCTGCAGCTGGCAGCCACCTGCAATGTGGA
GCAGTCCTTCTTCAATGACTGGTTCAGCGGGCACCTCAATTTCCAGATTGAGCACCA
```

Supplement 4. Sekwencja genu *Elovl1*, kodującego elongazę ELOVL1 kwasów tłuszczowych myszy domowej (*Mus musculus*); cDNA (jednoniciowe DNA uzyskane na matrycy mRNA).

```
CAGAACTTGCCCCTGAGAAGAAGGGAGGAGAGAGGCTGGAGGTGAAGCACTGGAAGAAGGCAGGAGGCTGGAG
AGTCCTTAGCCAGGATGGAGGCTGTTGTGAACTTGTAACACGAGCTGATGAAGCATGCGGATCCCCGGATCCA
AAGCTACCCTCTGATGGGGTCCCCCTTGCTAATAACATCCATCCTTCTGACCTATGTGTAATTCATCCTATCA
CTTGGGCCTCGAATCATGGCTAATCGGAAGCCCTTCCAACCTTCGAGGCTTCATGATTGTCTACAATTTCTCAC
TGGTGATACTCTCCCTCTACATTGTCTATGAGTTTCTGATGTCTGGTTGGCTGAGTACCTACACCTGGCGCTG
TGACCCCATAGACTTTTCCAATAGCCCTGAAGCACTTCGGATGGTTTCGAGTGGCCTGGCTCTTCATGCTTTCC
AAGGTCATTGAGCTGATGGACACAGTGATATTTATCCTCCGGAAGAAGGACGGGCAAGTGACCTTCCCTCCATG
TCTTCCACCACTCGGTGCTTCCCTGGAGTTGGTGGTGGGGGATAAAAATTGCTCCAGGAGGAATGGGCTCCTT
CCATGCCATGATAAACTCCTCTGTACATGTGTCATGTACCTCTACTATGGATTGTCTGCCCTTGGCCCTGTG
GCCCAGCCCTACCTTTGGTGGAAAGAAACATATGACTGCCATTCAGCTGATCCAGTTTGTCTCTGGTCTCACTGC
ACATCAGCCAATACTACTTCATGCCCAGCTGCAACTACCAGTACCCCATCATCATCCACCTCATCTGGATGTA
TGGCACCATCTTCTTCACTGTTCTCCAATTTCTGGTATCACTCTTACACCAAGGGGAAGCGGCTGCCCGT
GCAGTTCAGCAAAATGGAGCTCCAGCTACCACCAAGGTCAAGGCCAACTGAGAAGCATGGCCTAGACATTGCC
CACCTAAGTGCCTCAGGACTGCACCTTGGGCAGCATCCACAAGTGTCTCTCTACCTACACCCGTGACCAGG
CTCTGTGGTCCAGGACTGAGCA
```

Suplement 5. Sekwencja genu *Elovl2*, kodującego elongazę ELOVL2 kwasów tłuszczowych myszy domowej (*Mus musculus*); cDNA (jednoniciowe DNA uzyskane na matrycy mRNA).

```
CTACCCTGGACAGCGCATCGCGGCCGCGCGGCCATGGAGCAGCTGAAGGCCTTTGATAATGAAGTCAATGCTT
TCTTGGACAACATGTTTGGACCACGAGATTCTCGAGTTTCGCGGGTGGTTTCTGCTGGACTCTTACCTTCCCAC
CTTCATCCTCACCATCACGTACCTGCTCTCGATATGGCTGGGTAACAAGTACATGAAGAACAGGCCTGCTCTG
TCTCTCAGGGGCATCCTCACCTTGTATAACCTCGCAATCACACTTCTTTCTGCGTATATGCTGGTGGAGCTCA
TCTCTCCAGCTGGGAAGGAGGTTACAACCTTGCAGTGTGAGAATCTCGACAGTGCAGGAGAAGGTGATGTCCG
GGTAGCCAAGGCTTGTGGTGGTACTACTTCTCCAAACTAGTGGAGTTTCTGGACACGATTTTCTTTGTTCTA
CGAAAAAAGACCAATCAGATCACCTTCCCTTTCATGTCTATCACCACGCGTCCATGTTCAACATCTGGTGGTGTG
TTTTGAACCTGGATACCTTGTGGTCAAAGCTTCTTTGGACCCACCCTGAACAGCTTTATCCACATTCTCATGTA
CTCCTACTACGGCCTGTCTGTGTTCCCGTCCATGCACAAGTACCTTTGGTGGGAAGAAGTACCTCACACAGGCT
CAGCTGGTGCAGTTTCGTACTCACCATCACGCACACGCTGAGTGCCGTGGTGAAGCCCTGTGGCTTCCCCTTTG
GCTGTCTCATCTTCCAGTCTTCCATATATGATGACGCTGGTCATCCTGTTCTTAAACTTCTATATTCAGACATA
CCGGAAAAAGCCAGTGAAGAAAGAGCTGCAAGAGAAAGAAGTGAAGAATGGTTTCCCCAAAGCCCCTTAATT
GTGGCTAATGGCATGACGGACAAGAAGGCTCAATAAAATGAAGTGCCGGGGAACACAACTGAGGTGGTGGCG
GCGGCGGCGGCGGCGAGCAAAACAGACGAGCTTGTTTTAAAGCAGAGACTGAATAGAAAGTTGTATGTTTTAGCA
TAAACTAATTCCTTTTGGAGTTTGTAAATCATTGTACCCAGAATGTATTATAATATATTGCTATTAGGTTACT
CTACTAACTGGAGCCATGCCG
```

Suplement 6. Sekwencja genu *Elovl3*, kodującego elongazę ELOVL3 kwasów tłuszczowych myszy domowej (*Mus musculus*); cDNA (jednoniciowe DNA uzyskane na matrycy mRNA).

```
TTCTGTCTGGGTTTCTTTCGTCCCTGAGACCCACTCCATCTTCTACTTCTTTGGCTCTCGCCCAGCTCCCTAC
CCCAAGCTCTGTAACCTCGTCTGCAAAAATCGAAATGGACACATCCATGAATTTCTCACGCGGGTTAAAAAT
GGACCTGATGCAACCCTATGACTTCGAGACGTTTTAGGACTTAAGGCCCTTTTTGGAGGAGTACTGGGTAAGC
TCATTTCTCATAGTGGTCTGCTATCTGTTGCTCATCGTTGTTGGCCAGACCTACATGAGAACCGGGAAGAGCT
TCAGCTTGCAGAGGCCTCTCATCCTCTGGTCTTCTTCCCTGGCAATATTCAGTATCCTGGGTACTCTGAGGAT
GTGGAAGTTTATGGCAACAGTGTGTTTACAGTGGGCCTCAAGCAAACCGTGTGCTTTGCCATCTACACGGAT
GACGCCGTAGTCAGATTCTGGTCTTCTTCTTCTTCTCAGCAAGGTTGTTGAACTGGGAGACACGGCCTTCA
TCATCCTGCGTAAGCGTCCACTCATCTTTGTCCACTGGTACCACCACAGCAGTGTACTGTTTACAAGCTT
TGGATACAAGAACAAGTGCCTTTCGGGTGGCTGGTTCATGACCATGAACTTTGGCGTCCATTCTGTCATGTAC
ACTTACTACACTATGAAGGCTGCCAAACTGAAGCATCCTAATCTTCTCCCCATGGTCATCACCAGCCTGCAGA
TTCTGCAGATGGTTCTGGGCACCATCTTTGGCATACTGAATTACATCTGGAGGCAGGAGAAAGGATGCCACAC
AACAACGGAACTTCTTCTGGTCTTTTATGCTATATGGGACCTATTTTCATCCTATTTCGCTCACTTCTTCCAC
CGAGCCTACCTCAGGCCCAAGGGCAAAGTTGCATCCAAGAGCCAATGAGAGTAGGAAAAGAAAGATGGAGCCTC
AGCCGTTCTCCGTGGCACTAAGGGTATGGGAGAATGATTAGGGTACCTCCCTGTATGGTTTCCCCCATGGGA
TATGTACCCTCAAAGTTGCAGGAAGCTATGACAACCAAGAAATGTACCCTTGGGGATAGGGGGTGTGTGGTT
TGGTACTTTGATGTTTCTGTCTTTAATGTGAAGGAAAACCAAGCCCTAGGAAGGA
```


Suplement 7. Sekwencja genu *Elovl5*, kodującego elongazę ELOVL5 kwasów tłuszczowych myszy domowej (*Mus musculus*); cDNA (jednoniciowe DNA uzyskane na matrycy mRNA).

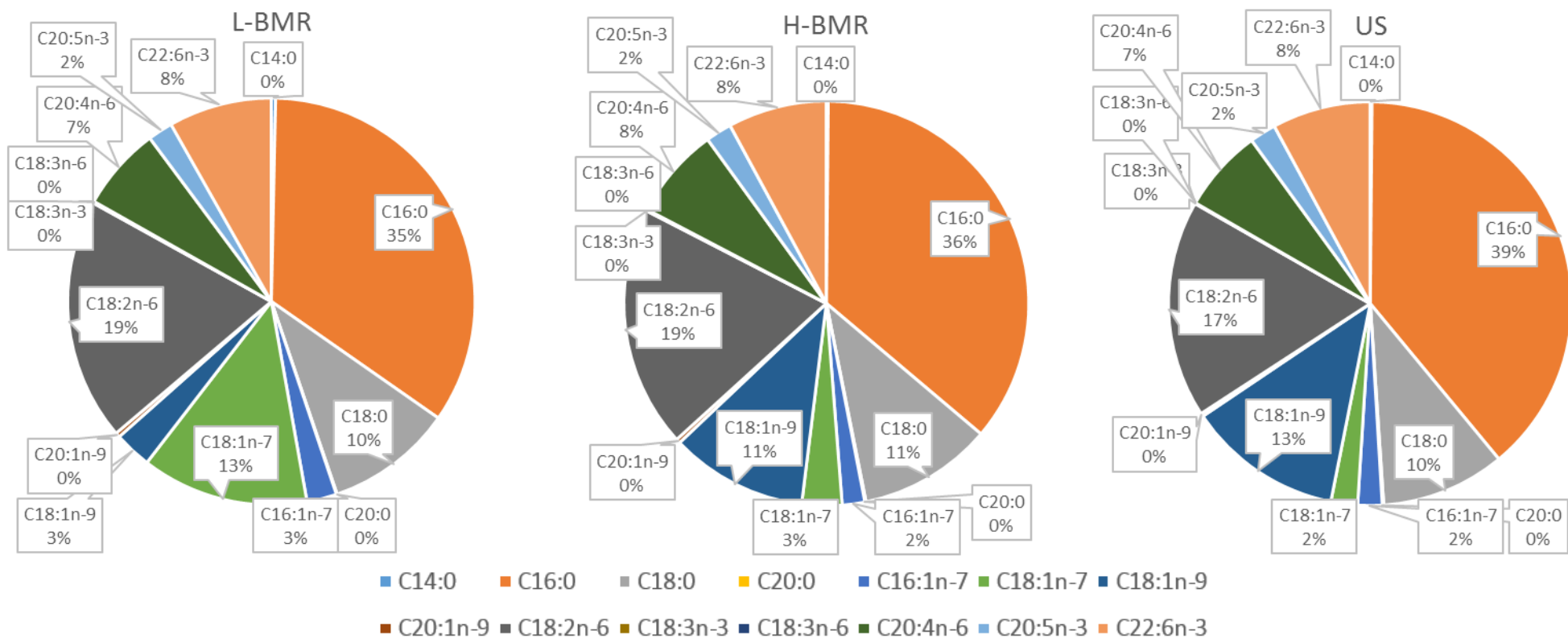
```
TTGCATCGCGGCTGCAGCTTGCTTCTGTTCCCGCGCCCGCTTGCACATCCTCCTGCTCGCGCGGTCTGCTGC
CGTCCGGTGTCTCCCCGTAGCCGCTCAGGCAGAGAGGTTTTAAAATGGAACATTTTCGATGCGTCACTCAGTACC
TATTTCAAGGCCTTCCCTGGGCCCCCGAGATACAAGAGTCAAAGGATGGTTCCCTCCTGGACAATTACATCCCTA
CGTTTGTCTGTTCTGTTATTTACTTACTCATTGTATGGCTGGGACCAAATACATGAAGAACCAGCCGCGTT
CTCTTGCCGAGGCATCCTGCAGTTGTATAACCTTGGACTIONCCTGCTGTCTCTTACATGTTCTATGAGTTG
GTGACAGGTGTGTGGGAAGGCAAATACAACCTTTTTCTGCCAGGGAACACGCAGCGCGGGAGAATCCGATATGA
AGATCATCCGCGTCTCTGGTGGTACTACTTCTCCAACTCATCGAATTCATGGACACCTTTTTCTTCATCCT
TCGCAAGAACAACCACCAGATCACCGTGTCCATGTCTACCACCACGCTACCATGCTCAACATCTGGTGGTTTT
GTGATGAAGTGGGTCCCTGCGGCCATTTCATATTTGGTGCACACTCAACAGCTTCATCCATGTCTCATGT
ACTCGTACTATGGTCTGTCTCCATCCCGTCCATGCGTCCCTACCTCTGGTGGAAAAAGTACATCACTCAAGG
GCAGCTGGTCCAGTTTGTGCTGACAATCATCCAGACGACCTGCGGGGTCTTCTGGCCATGCTCCTTCCCTCTC
GGGTGGCTGTTCTTCCAGATTGGATACATGATTTCCCTGATTGCTCTCTTCAAAACTTCTACATTCAGACTT
ACAACAAGAAAGGGGCCCTCTCGGAGGAAAGAACACCTGAAGGGCCACCAGAACGGGTCTGTGGCCCGCTCAA
CGGACACACCAACAGCTTCCCTTCCCTGGAACACAGCGTGAAGCCAGGAAGCAGCGAAAGGATTGACAAGCC
GAGCCGAAGCCTCCAGACCGCGCGTGTGATTGTAAGCACAGCGTGACTTGTGCCCTGACGCTCATAGCAGCT
GCTGTCACTAGTCTGGCCCTACTATCTGCAGTGTGA
```

Suplement 8. Sekwencja genu *Elovl6*, kodującego elongazę ELOVL6 kwasów tłuszczowych myszy domowej (*Mus musculus*); cDNA (jednoniciowe DNA uzyskane na matrycy mRNA).

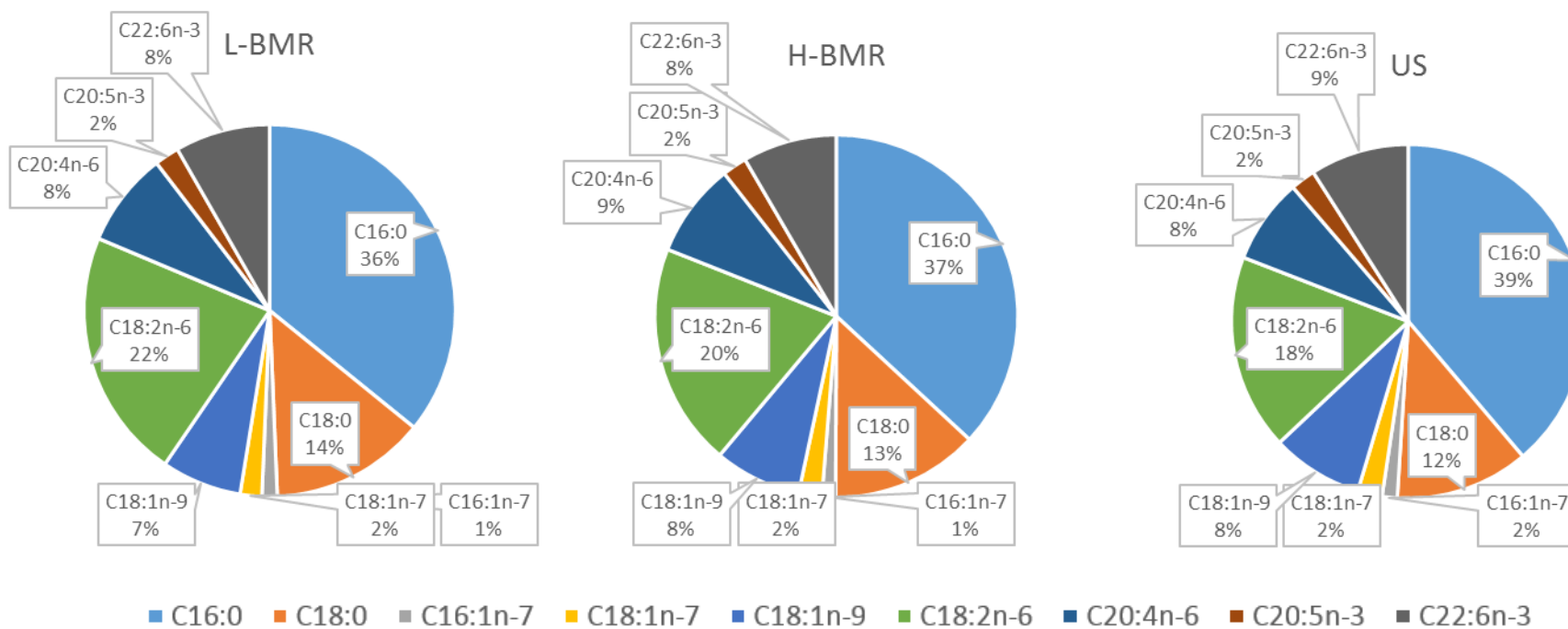
```
ACAAACGTGCGGGCACTAAGACCGCAAGGCATTCATTTCCCTCCTACGGTGGATGCGGACGCTGGGAGGAGAGC
CCCTGAGCTAGGAGCTGGGAGCAGAGGCGCAGAGAACACGTAGCGACTCCGAAGATCAGCCCCAATGAACATG
TCAGTGTGACTTTACAAGAATATGAATTCGAAAAGCAGTTCAACGAGAACGAAGCCATCCAATGGATGCAGG
AAAACGGAAGAAGTCTTCCCTGTTTTCTGCGCTATACGCTGCCTTTATCTTTGGTGGTGGCCATCTGATGAA
CAAGCGAGCCAAGTTTGAACCTCGGAAGCCGCTCGTGCTCTGGTCGCTGACTCTTGCCGCTTTCAGTATATTC
GGTGTCTTTCGAACGGTGTCTTACATGCTGTACATTCTGATGACCAAAGGCCTGAAGCAGTCAGTTTGTGACC
AGAGTTTTTACAATGGACCTGTCAGCAAATTCGGGCTTATGCATTTGTGCTCAGCAAAGCACCCGAAGTAGG
TGACACGATATTCATCATTCTGAGGAAACAGAACTGATCTTCCCTGCACTGGTACCACCACATCACTGTGCTC
CTGTACTCCTGGTACTCCTACAAAGACATGGTTCGCTGGGGGTGGTTGGTTTCATGACTATGAACTATGGCGTGC
ATGCCGTCATGTACTCTTACTACGCCTTGCGGGCTGCGGGTTTTCCGAGTCTCCCGAAGTTTGCCATGTTTCAT
CACCTTGTCAGATCACTCAGATGCTGATGGGCTGTGTCACTTAACCTGGTCTTCAACTGGATGCAGCAT
GACAACGACCAGTGCTACTCCCACTTTCAGAACATCTTCTGGTCCCTCGCTCATGTACCTCAGCTACCTTGTGC
TCTTCTGCCATTTCTTTTGGAGCCTACATCGGCAAAGTGAAGAAAGCCACGAAGGCTGAGTAGTGTGAGGG
CTGAGGAGGAAGTCATAGCTCAGGGTCATCACGAAAAATAATCGACAAAAGAAAAATGGCACAAGGAATCCCA
TATGGTGC
```

Suplement 9. Sekwencja genu *Srebf1*, kodującego białko wiążące sekwencję odpowiedzi na sterole (SREBP-1) myszy domowej (*Mus musculus*); cDNA (jednoniciowe DNA uzyskane na matrycy mRNA).

AACGTGGGCCTAGTCCGAAGCCGGGTGGGCGCCGGCGCCATGGACGAGCTGGCCTTCGGTGAGGGCGGCTCTGG
AACAGACACTGGCCGAGATGTGCGAACTGGACACAGCGGTTTTGAACGACATCGAAGACATGCTCCAGCTCAT
CAACAACCAAGACAGTGACTTCCCGGGCCTGTTTGACGCCCCCTATGCTGGGGGTGAGACAGGGGACACAGGC
CCCAGCAGCCCAGGTGCCAACTCTCCTGAGAGCTTCTCTTGCTTCTCTGGCCTCCTCTCTGGAAGCCTTCC
TGGGAGGACCCAAGGTGACACCTGCACCCTTGTCCCCTCCACCATCGGCACCCCGCTGCTTTAAAGATGTACCC
GTCCGTGTCCCCCTTTTCCCCTGGGCCTGGGATCAAAGAGGAGCCAGTGCCACTCACCATCCTACAGCCTGCA
GCGCCACAGCCGTACCCGGGACCCTCCTGCCTCCGAGCTTCCCCGCACCACCCGTACAGCTCAGCCCTGCGC
CCGTGCTGGGTTACTCGAGCCTGCCTTCAGGCTTCTCAGGGACCCTTCCAGGAAACACTCAGCAGCCACCATC
TAGCCTGCCGCTGGCCCCCTGCACCAGGAGTCTTGCCACCCCTGCCCTGCACACCCAGGTCCAAAGCTTGGCC
TCCCAGCAGCCGCTGCCAGCCTCAGCAGCCCCTAGAACAACACTGTGACCTCACAGGTCCAGCAGGTCCCAG
TTGTATTGCAAGCACACTTCATCAAGGCAGACTCACTGCTGCTGACAGCTGTGAAGACAGATGCAGGAGCCAC
CGTGAAGACTGCAGGCATCAGCACCCCTGGCTCCTGGCACAGCCGTGCAGGCAGGTCCCCTGCAGACCCCTGGTG
AGTGGAGGGACCATCTTGGCCACAGTACCTTTGGTTGTGGACACAGACAAACTGCCCATCCACCGACTCGCAG
CTGGCAGCAAGGCCCTAGGCTCAGCTCAGAGCCGTGGTGAGAAGCGCACAGCCACAATGCCATTGAGAAGCG
CTACCGGTCTTCTATCAATGACAAGATTGTGGAGCTCAAAGACCTGGTGGTGGGCACTGAAGCAAAGCTGAAT
AAATCTGCTGTCTTGCAGCAAGGCCATCGACTACATCCGCTTCTTGCAGCACAGCAACCAGAAGCTCAAGCAGG
AGAACCTGACCCTACGAAGTGACACAAAAGCAAATCACTGAAGGACCTGGTGTGAGCTTGTGGCAGTGGAGG
AGGCACAGATGTGTCTATGGAGGGCATGAAACCCGAAGTGGTGGAGACGCTTACCCCTCCACCCTCAGACGCC
GGCTCACCCCTCCCAGAGTAGCCCCCTTGTCTTTTGGCAGCAGAGCTAGCAGCAGTGGTGGTAGTACTCTGAGC
CCGACAGTCCAGCCTTTGAGGATAGCCAGGTCAAAGCCCAGCGGCTGCCTTACACAGCCGAGGCATGCTGGA
CCGCTCCCGCCTGGCCCTGTGTGTACTGGCCTTTCTGTGTCTGACCTGCAATCCTTTGGCCTCGCTTTTCGGC
TGGGGCATTCTCACTCCCTCTGATGCTACGGGTACACACCCGTAGTTCTGGGCGCAGCATGCTGGAGGCAGAGA
GCAGAGATGGCTCTAATTGGACCCAGTGGTTGCTGCCACCCCTAGTCTGGCTGGCCAATGGACTACTAGTGTT
GGCCTGCTTGGCTCTTCTCTTTGTCTATGGGGAACCTGTGACTAGGCCACACTCTGGCCCGGCTGTACACTTC
TGGAGACATCGAAACAAGCTGACCTGGATTTGGCCCCGGGAGATTTCCCCCAGGCTGCTCAACAGCTGTGGC
TGGCCCTGCAAGCGCTGGGCCGGCCCCCTGCCACCTCAAACCTGGATCTGGCCTGCAGTCTGCTTTGGAACCT
CATCCGCCACCTGCTCCAGCGTCTCTGGGTGGGCCGCTGGCTGGCAGGCCAGGCCGGGGGCTGCTGAGGGAC
CGTGGCTGAGGAAGGATGCCCGTGCCAGTGCCCGGGATGCGGCTGTTGTCTACCATAAGCTGCACCAGCTGC
ATGCCATGGGCAAGTACACAGGAGGACATCTTGTGCTTCTAACCTGGCCTAAGTGGCCCTCAACCTGGCTGA
GTGCGCAGGAGATGCTATCTCCATGGCAACACTGGCAGAGATCTATGTGGCAGCGCCCTGAGGGTCAAACC
AGCCTCCCAAGAGCCCTGCACTTCTTGACACGTTTTCTTCTGAGCAGCGCCCGCCAGGCCTGCCTAGCACAGA
GCGGCTCGGTGCCTCTTGGCATGCAGTGGCTCTGCCACCCTGTAGGTCACCGTTTTCTTTGTGGACGGGGACTG
GGCCGTGCACGGTGGCCCCCGGAGAGCCTGTACAGCGTGGCTGGGAACCCAGTGGATCCGCTGGCCAGGTG
ACCCGGCTATTCCGTGAACATCTCCTAGAGCGAGCGTTGAACTGTATTGCTCAGCCCAGCCAGGGGAGCTG
ACGGAGACAGGGAGTTCTCAGATGCCCTTGGATATCTGCAGTTGCTAAATAGCTGTTCTGATGCTGCCGGGGC
TCCTGCTTGCAGTTTCTCTGTGCTCAGCTCCAGCATGGCTGCCACCCTGGCCCAGACCCAGTGGCCAAGTGGTGG
GCCTCACTGACAGCTGTGGTGATCCACTGGCTGAGGCGGGATGAAGAGGCAGCTGAGCGCTTGTACCCACTGG
TAGAGCATATCCCCAGGTGCTGCAGGACACTGAGAGACCCCTGCCAGGGCAGCTCTGTACTCCTTCAAGGC
TGCCCGGGCTCTGCTGGACCACAGAAAGGTGGAATCTAGCCAGCCAGCCTGGCCATCTGTGAGAAGGCCAGT
GGGTACCTGCGGGACAGCTTAGCCTCTACACCAACTGGCAGTTCATTGACAAGGCCATGCAGCTGCTCCTGT
GTGATCTACTTCTTGTGGCCCGTACCAGTCTGTGGCAGCGGCAGCAGTACCAGCTTCAGTCCAGGTAGCTCA
CGGTACCAGCAATGGACCCAGGCCTCTGCTCTGGAGCTGCGTGGTTTTCCAACATGACCTGAGCAGCCTGCGG
CGGTTGGCACAGAGCTTCCGGCCTGCTATGAGGAGGGTATTCTACATGAGGCCACAGCTCGGCTGATGGCAG
GAGCAAGTCTGCCGGACACACCAGCTCCTGGATCGCAGTCTGAGGAGGAGGGCAGGTTCCAGTGGCAAAGG
AGGCACTACAGCTGAGCTGGAGCCACGGCCACATGGCGGGAGCACACCCAGGCCCTGCTGTTGGCATCCTGC
TATCTGCCCCCTGCCTTCTGTCGGCTCCTGGGCAGCAATGAGCATGCTGGCCGAGGCGGCACGCACCCGTAG
AGAAGCTTGGCGATCACCGGCTACTGCTGGACTGCCAGCAGATGCTCCTGCGCCTGGGCGGCGGAACCACCGT
CACTTCCAGCTAGACCCCAAAGCTTTCCCTTGGAGACCTTTGTATTGGCTGTGGTCTTCCAGAGGGTGAGCC
TGACAAGCAATCAGGACCATGCCGACCTCTAGTGGCAGATCTGGAAATTGCAGAGGCTGCACTGGCCCGATGG
CACCCCTTGTCTGTAGGCACCTTAGT

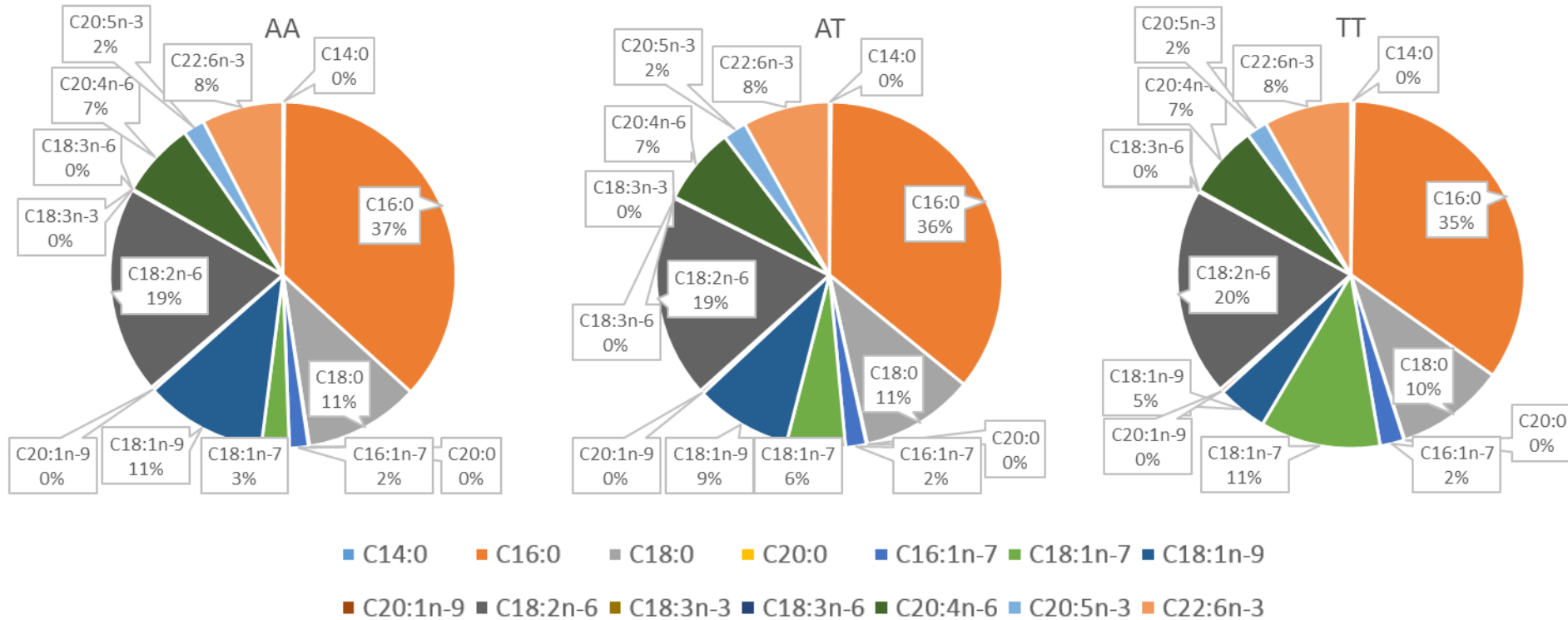


Rycina S1. Profil lipidowy hepatocytów myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcjonowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (F32) oraz nie selekcjonowanych na żadną cechę (US) przez 16 pokoleń (F16) wyznaczony na podstawie oznaczeń poszczególnych kwasów tłuszczowych we frakcji lipidów całkowitych (TL).



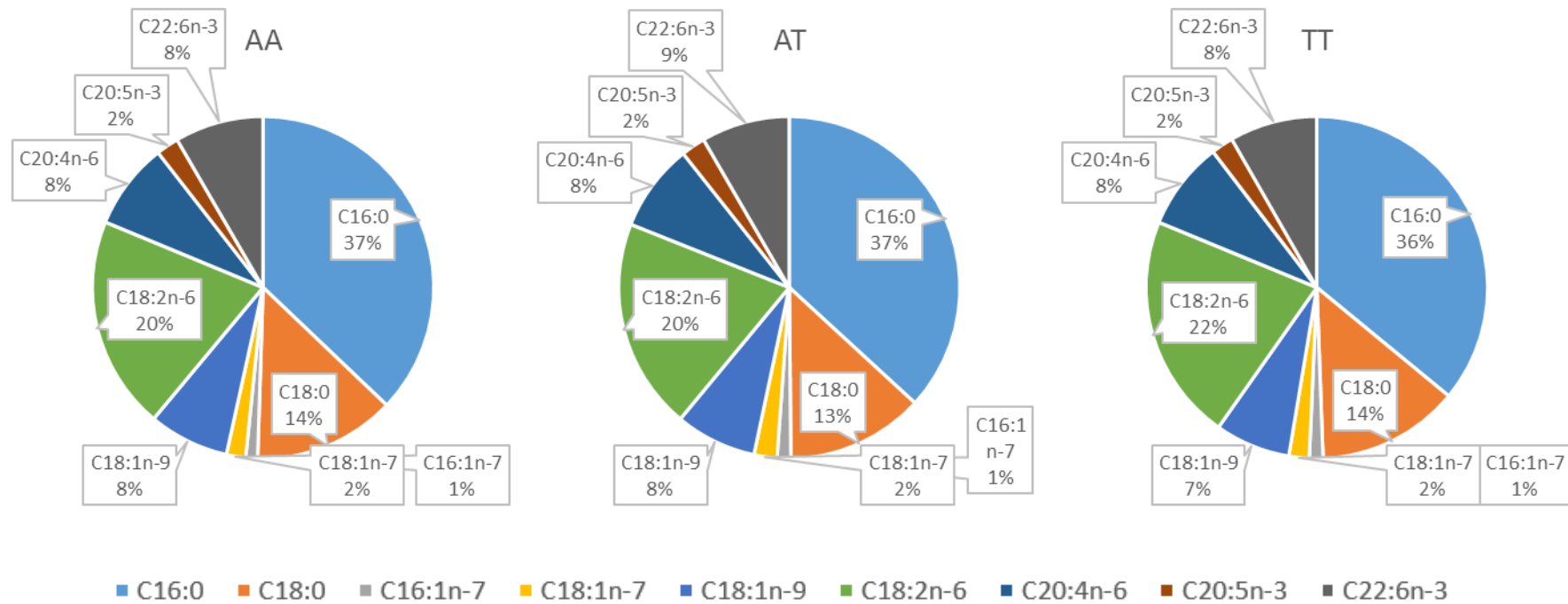
Rycina S2. Profil lipidowy hepatocytów myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcyonowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (F32) oraz nie selekcyonowanych na żadną cechę (US) przez 16 pokoleń (F16) wyznaczony na podstawie oznaczeń poszczególnych kwasów tłuszczowych we frakcji fosfolipidów (PL).

Gen *Scd1*



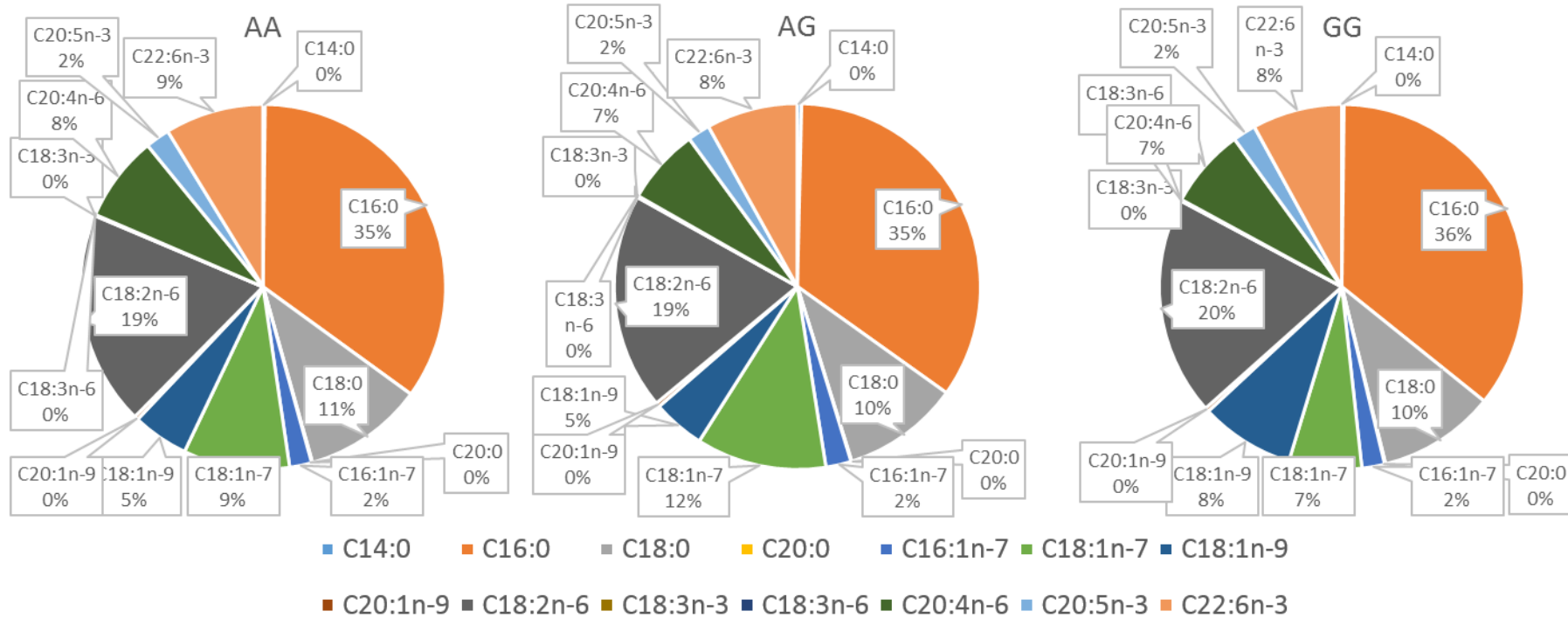
Rycina S3. Profil lipidowy hepatocytów myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcjonowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (F32), posiadających różne genotypy (AA, AT, TT) w genie *Scd1*, wyznaczony na podstawie oznaczeń poszczególnych kwasów tłuszczowych we frakcji lipidów całkowitych (TL).

Gen *Scd1*



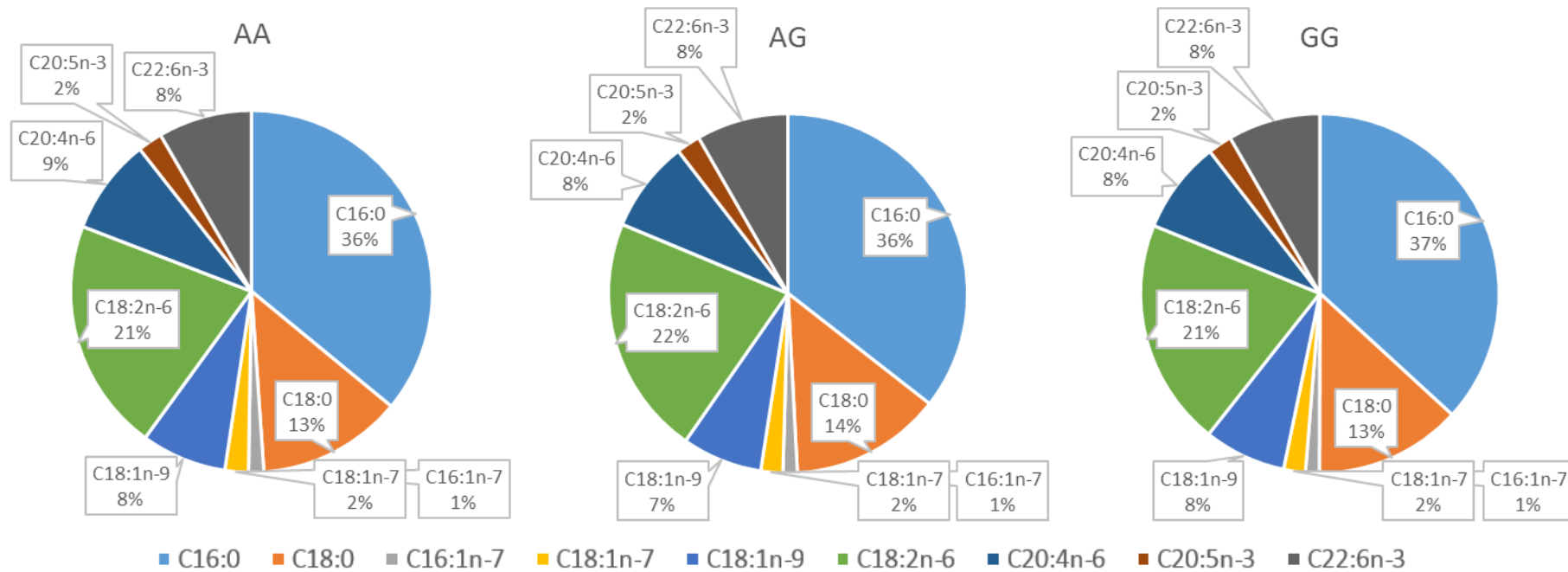
Rycina S4. Profil lipidowy hepatocytów myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcyonowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (F32), posiadających różne genotypy (AA, AT, TT) w genie *Scd1*, wyznaczony na podstawie oznaczeń poszczególnych kwasów tłuszczowych we frakcji fosfolipidów (PL).

Gen *Fads2*



Rycina S5. Profil lipidowy hepatocytów myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcionowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (F32), posiadających różne genotypy (AA, AG, GG) w genie *Fads2*, wyznaczony na podstawie oznaczeń poszczególnych kwasów tłuszczowych we frakcji lipidów całkowitych (TL).

Gen *Fads2*



Rycina S6. Profil lipidowy hepatocytów myszy laboratoryjnych (*Mus musculus*) selekcyonowanych na niskie (L-BMR) i wysokie (H-BMR) tempo metabolizmu podstawowego w 32 pokoleniu (F32), posiadających różne genotypy (AA, AG, GG) w genie *Fads2*, wyznaczony na podstawie oznaczeń poszczególnych kwasów tłuszczowych we frakcji fosfolipidów (PL).