



DEBRECENI EGYETEM

ÁLLATI EREDETŰ TERMÉKEK MINŐSÉGÉNEK MOLEKULÁRIS HÁTTERE

Czeglédi Levente – Gulyás Gabriella – Jávör András

SZÉCHENYI 2020



MAGYARORSZÁG
KORMÁNYA

Európai Unió
Európai Szociális
Alap



BEFEKTETÉS A JÖVŐBE

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014

Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



DEBRECENI EGYETEM

AZ ÁLLATTENYÉSZTÉS ÉS FAJI SAJÁTOSSÁGOK

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014

Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SZÉCHENYI 2020



MAGYARORSZÁG
KORMÁNYA

Európai Unió
Európai Szociális
Alap



BEFEKTETÉS A JÖVŐBE

ELŐADÁS VÁZLATA

- **Az állattenyésztés jelentősége**
- **Verseny van a termőterületek hasznosításáért**
- **A hústermelést a növekedés adja**
- **A felhasznált takarmány mennyisége meghatározó**
- **Az állat tejtermelő-képességének kifejezése**
- **Az állati termék mennyiségét befolyásoló tényezők**



A GAZDASÁGI ÁLLATOK SZEREPE AZ ÉLELMISZER-ELŐÁLLÍTÁS MELLETT

- ✓ Ipari alapanyagok előállítása - bőr, csont, szőr
- ✓ Belső elválasztású mirigyek, vér felhasználása
- ✓ Erőtermelés – igavonó állatok: bivaly, ló, szarvasmarha
- ✓ Tápanyag-gazdálkodás a növénytermesztésben
szervestrágya: istállótrágya, hígtrágya – fajonként,
technológiánként eltérő tápanyagtartalom
- ✓ Más célra nem hasznosított területeken árutermelés
– alacsony hozamú gyepeken kevés az alternatíva
- ✓ Növényi melléktermékek hasznosítása – kedvező árú,
gyakran magas beltartalmú



A GAZDASÁGI ÁLLATOK SZEREPE AZ ÉLELMISZER-ELŐÁLLÍTÁS MELLETT

- ✓ Természetvédelmi feladatok ellátása – a legeltetett területeken nő a faji sokszínűség
- ✓ Sport, szabadidő, kedvtelés, turizmus – ló, más fajoknál az őshonos fajták
- ✓ „hungarikum” – őshonos fajták, állati eredetű élelmiszerek
- ✓ Munkahelyteremtés, vidékhez kötődő tevékenység – az állati termék-előállításnak nagy a területigénye
- ✓ Nemzetgazdasági érdek – a napi fogyasztású élelmiszerekből az ellátás ne legyen importfüggő



AZ ÉLELMISZERTERMELÉS TERÜLETIGÉNYE

**Verseny a mezőgazdasági területekért
(jelenleg ≈ 1.5 Mrd ha szántó, ≈ 3 Mrd ha gyep)**

- Élelmiszer/takarmánytermő terület**
- Terület üzemanyag- és ipari nyersanyag-előállításához (biodízel, bioetanol)**
- Települések (városok, utak)**
- Védett természeti területek (nemzeti park, term. véd. terület)**



AZ EMBER ÉS AZ ÁLLATOK TÁPLÁLÉK/TAKARMÁNY FELVÉTELE

Faj	Felvétel (szárazanyag)	
	(kg/nap)	(Mrd tonna/év)
<i>Ember</i>	0.45	1.1
Szarvasmarha, bivaly, ló, teve	10	5.8
Kiskérődző (juh, kecske)	1	0.6
Sertés	1	0.35
Baromfi fajok	0.2	0.45
<i>Összesen (állatok)</i>		7.2



A TÍPUS MEGHATÁROZZA AZ ELŐÁLLÍTÁS JELLEGÉT, FELHASZNÁLHATÓSÁGÁT

Konstitúciós típus (szervezet alkotásának módja)

- respiratóriusz: angol telivér ló, tojástermelő típusú tyúk
- digeztívusz: zsírsertés, hidegvérű ló
- muszkuláris: erőtermelő állatok, félvér ló
- cerebrális: egyes kutya fajták

Biológiai típus (keresztezésekben)

- Reproduktív: hereford tehén, nagy fehér húsertés koca
- Terminál: suffolk juh , pietrain sertés
- Kombinált: magyar tarka szarvasmarha

Fejlődési típus (pl. tenyésztésbe vétel)

- Korán érő: jersey tejelő szarvasmarha
- Későn érő: charolais húsmarha



A HÚSTERMELÉS ALAPJA A NÖVEKEDÉS

Fejlődés:

Embrionális – posztembrionális szakasz
(hossza fajfüggő)

Biológiai életkor:
szarvasmarha 30-40 év,
ló 40-60 év,
sertés 15-20 év,
tyúk 10-15 év

**Termelés során kihasználjuk a
biológiai életkort adta
lehetőségeket?**



wikipedia.org



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

A NÖVEKEDÉS MENNYISÉGI VÁLTOZÁS

Növekedés:

- ☐ Kifejlett állapot eléréséig tart.
Kivétel!
- ☐ Testarány változik.
- ☐ Sorrend? Környezet? Szélesség, magasság, hosszúság
- ☐ Szövetek sorrendje? Izom, zsír, csont
- ☐ Kompenzáció – irányított felnevelés, testösszetétel beállítás



wikipedia.org



GAZDASÁGI ÁLLATFAJOK HÍZÉKONYSÁGA

	átlagos napi súlygyarapodás (g)
Húscsirke	35-55
Pulyka	90-130
Nyúl	30-40
Bárány	250-350
Sertés	700-1000
Szarvasmarha	900-1800



A KÖVETKEZŐ GENERÁCIÓ ÚJ, HIZLALÁSRA KERÜLŐ EGYEDEKET JELENT

Faj	Ivarérettség (hónap)	Tenyészérettség (hónap)
Szarvasmarha	6-9	14-26
Sertés	5-6	7-10
Juh	6-8	7-20
Ló	8-12	20-36

Miért kell kivárni a tenyészérettséget?



TAKARMÁNYÉRTÉKESÍTŐ KÉPESSÉG (KG/KG)

1 kg élő súly-gyarapodáshoz szükséges takarmány szárazanyag kg

állatfaj	Takarmányértékesítés (takarmány szá. kg/kg élő súly)
Sertés	3-4
Baromfi fajok	2-3
Juh	4-10*
Szarvasmarha	5-12*



* Abrak mellett tömegtakarmány is fogyaszt

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

A FELVETT TAKARMÁNY MENNYISÉGE ADJA MEG A FELSŐ KORLÁTOT

Az éhség:

metabolitok koncentrációjának csökkenésére (glükóz, aminosav, zsírsav)
fajonként eltérő a fő metabolit

adrenalin koncentráció nő – szimpatikotónia:

emésztőnedv, bélperisztaltika aktivitás csökken

Étvágy: kellemes érzet, *az állat ekkor nem éhes!*

paraszimpatikotónia:

emésztőnedv elválasztás, bélperisztaltika, bél vérellátás növekszik

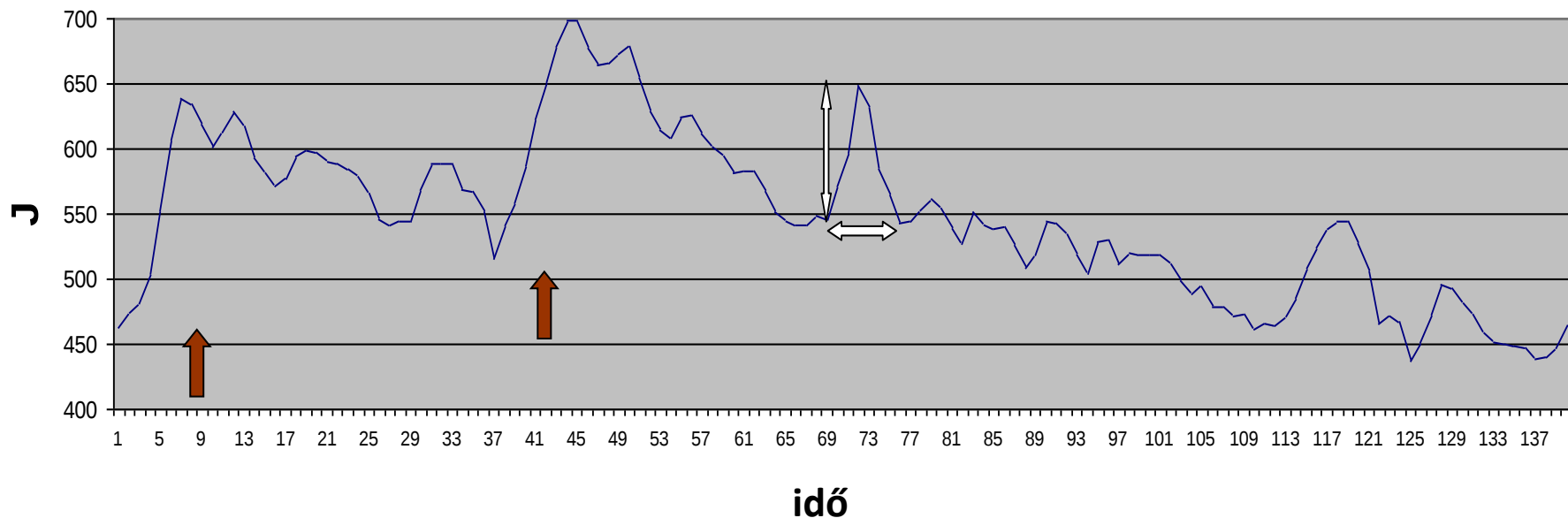
Jóllakottság: kellemes érzet, az állat szervezete dönt valamely inger alapján

1. fizikai inger (emésztőcső teltsége)
2. kémiai inger (metabolit-koncentráció)



NYUGALMI ÁLLAPOTBAN IS VAN ENERGIAFELHASZNÁLÁS

az állat + hőtermelése veszteségként is értelmezhető



Mi történik a jelzett pontokon?



MIKÉNT FEJEZHETŐ KI AZ ÁLLAT TEJTERMELÉSE?

TEJMENNYISÉG

- Napi tejhozam
- Laktációs tejhozam
- Éves tejhozam
- Élete során megtermelt tejmennyiség

TEJ ÖSSZETÉTELE

- Abszolút megtermelt mennyiség
- Relatív beltartalmi értékek
- FCM (4% fat corrected milk)
- RÉTI (relatív életteljesítmény index)



MI A MEGTERMELT TEJMENNYISÉG?

Szarvasmarha

Húsmarha:	1500 liter
Tejhasznú tehén:	6000-12000 liter
holstein-fríz:	9000-12000 liter
jersey:	6000-7000 liter
magyar tarka:	5000-7500 liter

Juh 100-800 liter

Kecske 600-900 liter

Fejés kötött tartásban



wikipedia.org



MI BEFOLYÁSOLJA AZ ÁLLATI TERMÉK MENNYISÉGÉT?

Az **állategyed**, amely a terméket előállítja

- ❖ **Genotípus állattenyésztésben** – fajta, alfajta, vonal, gének allélja
- ❖ **Genotípus** – egyes gének génváltozata
- ❖ **Élősúly** – a testkapacitás meghatározó
- ❖ **Egészségi állapot** – immunrendszer
- ❖ **Életkor** – emésztés, szöveti deponálás



MI BEFOLYÁSOLJA AZ ÁLLATI TERMÉK MENNYISÉGÉT?

A takarmány és a takarmányozás - a legfontosabb környezeti faktor

- ❖ **Mennyisége** – ad libitum vagy korlátozott
- ❖ **Minősége**
- ❖ **Összetétele**
- ❖ **Táplálóanyag-tartalma**
fehérje, zsír, rost, egyéb szénhidrátok
- ❖ **Esszenciális aminosavak és zsírsavak**
- ❖ **Energiatartalma**
- ❖ **Előállítás során alkalmazott eljárások**
- ❖ **Hozamfokozó anyagok**

takarmánykeverő



wikipedia.org



MI BEFOLYÁSOLJA AZ ÁLLATI TERMÉK MENNYISÉGÉT?

Tartástechnológiai elemek

- ❖ Tartásmód
- ❖ Istálló típusa
- ❖ Lehetőség egyedi pihenőhelyre
- ❖ Etető
- ❖ Itató
- ❖ Zaj
- ❖ Megszokott folyamatok időbeli azonossága
- ❖ Férőhely – egyed/m²
- ❖ Csoportnagyság – etológiai tényezők



MI BEFOLYÁSOLJA AZ ÁLLATI TERMÉK MENNYISÉGÉT?

Klimatikus viszonyok

Egyes állatfajok jobban kitettek, mint mások.

- zárt tartásban tartottaknál szabályozható
- Legeltetett állományoknál, szabad tartásban korlátozottan módosítható

Legfontosabb tényezők:

- ❖ **Hőmérséklet**
- ❖ **Relatív páratartalom**
- ❖ **Légnyomás** - fajonként eltérő érzékenység
- ❖ **Nappalok hossza**
- ❖ **Közvetlen napsugárzás**



MILYEN EGYÉB TÉNYEZŐ FONTOS A TEJTERMELÉSBEN?

A fejéssel kapcsolatos tényezők:

- ❖ **Száma** – naponta 2, 3, 4
- ❖ **Ideje** – egyenletesen eloszlátva
- ❖ **Előkészítés**
- ❖ **Körülmény** - stressz
- ❖ **Ellési életkor** – korai tenyésztésbevétele, idős állat
- ❖ **laktáció száma** – első, negyedik, e fölött
- ❖ **laktáció stádiuma** – laktációs görbe



ELLENŐRZŐ KÉRDÉSEK ÉS FELKÉSZÜLÉS

Témakörhöz kapcsolódó kérdések

Mi az állattenyésztés jelentősége?

Mi a típus?

Mi a növekedés és a fejlődés közötti különbség?

Milyen tejhozama van a különböző tejtermelő állatfajoknak?

Milyen tartástechnológia tényezők befolyásolják az állat termelését?

Felhasznált és ajánlott irodalom

Jávor A. szerk (2014): Juhtenyésztés. Mezőgazda Kiadó. 1-221.

Szabó F. szerk (2006): Állattenyésztéstan. Pannon Egyetem. 1-317.





DEBRECENI EGYETEM

ÁLLATI TERMÉK – ELŐÁLLÍTÁS ALAKULÁSA

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014

Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SZÉCHENYI 2020



MAGYARORSZÁG
KORMÁNYA

Európai Unió
Európai Szociális
Alap



BEFEKTETÉS A JÖVŐBE

ELŐADÁS VÁZLATA

- **Az állati eredetű termékek megítélése**
- **Gazdasági állatfajok mennyisége, jelenléte a világban**
- **Hús, tej és tejtermékek a világban**
- **Hazai húselőállítás**
- **Hazai tejelőállítás**

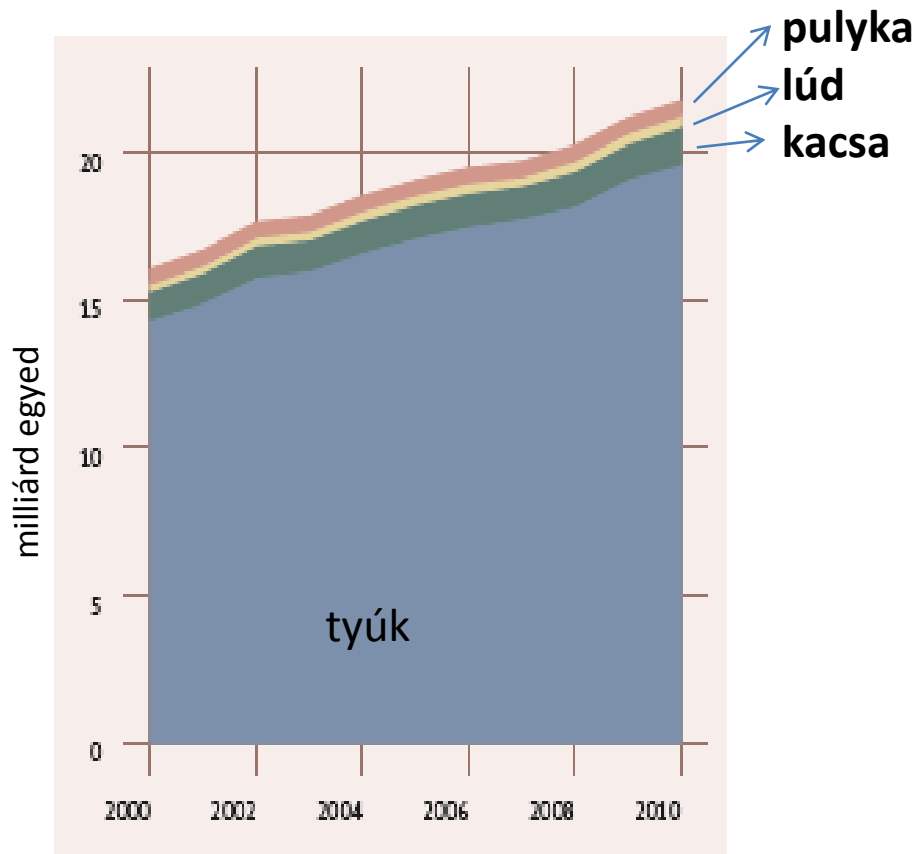
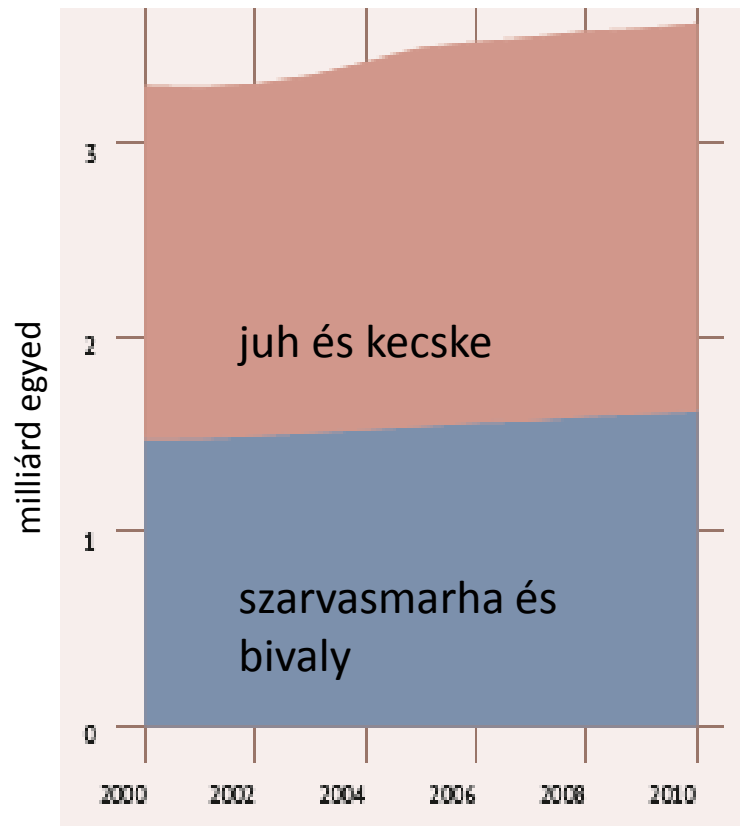


A HÚS, TEJ, TOJÁS ÉS TERMÉKEIK IRÁNTI IGÉNY NÖVEKEDÉST MUTAT

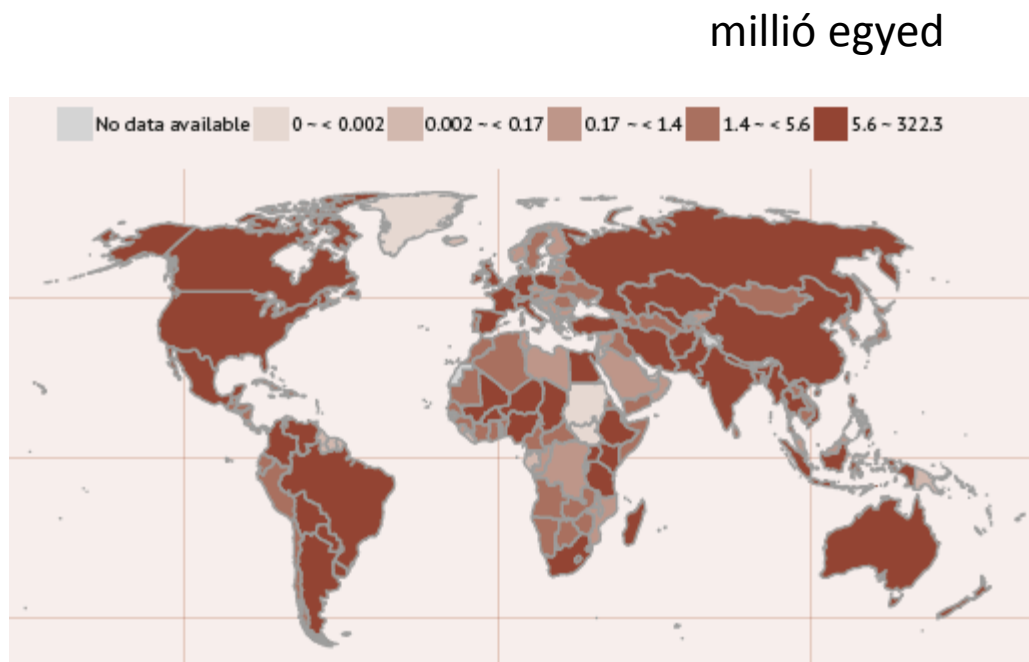
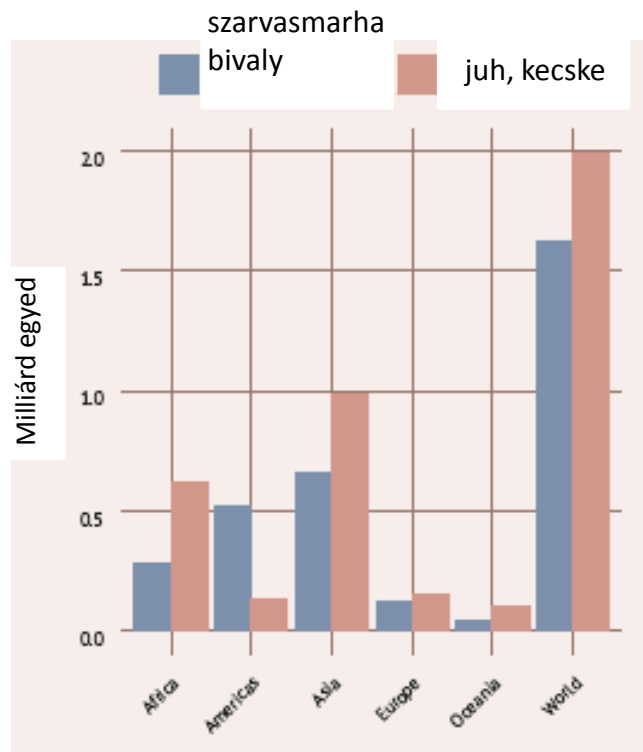
- A világ állatállománya növekszik.
- Az egyes fajok között jelentős különbségek mutatkoznak.
- A nemesítés, takarmányozás, tartástechnológia fejlődése óriási mértékben megnövelte a fajlagos hozamokat.
- A gazdaságos termék-előállítás bizonyos esetekben intenzív, más esetekben extenzív termeléssel biztosítható.
- A melléktermékeket nagyobb arányban használó rendszerek előnye megjelenik.
- Az abrakfogyasztók és a kérődzők közötti különbségek számottevőek: takarmány ára, területlekötés, környezetre gyakorolt hatás.
- Vallási szempontok, fogyasztói szokások.



A VILÁG ÁLLATÁLLOMÁNYA

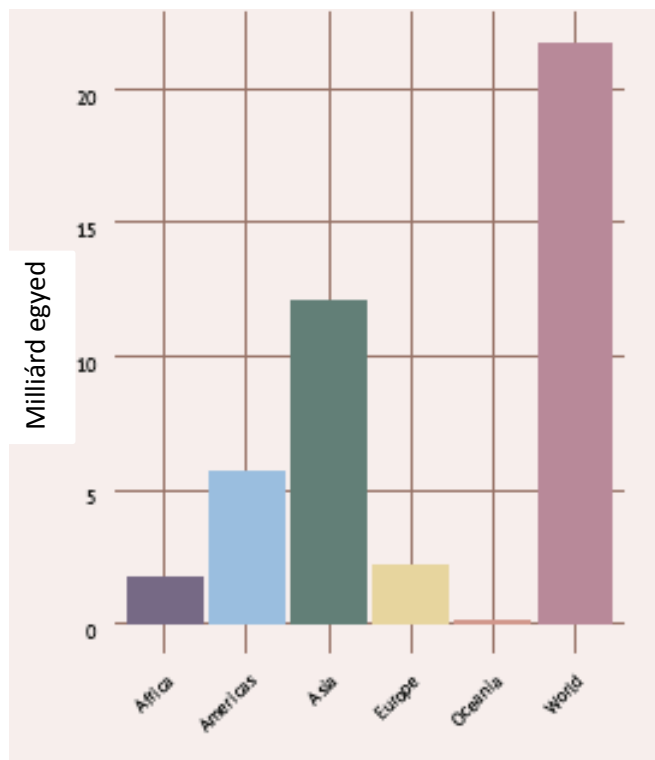


KÉRŐDZŐÁLLOMÁNY FÖLDRÉSZENKÉNT, ORSZÁGONKÉNT

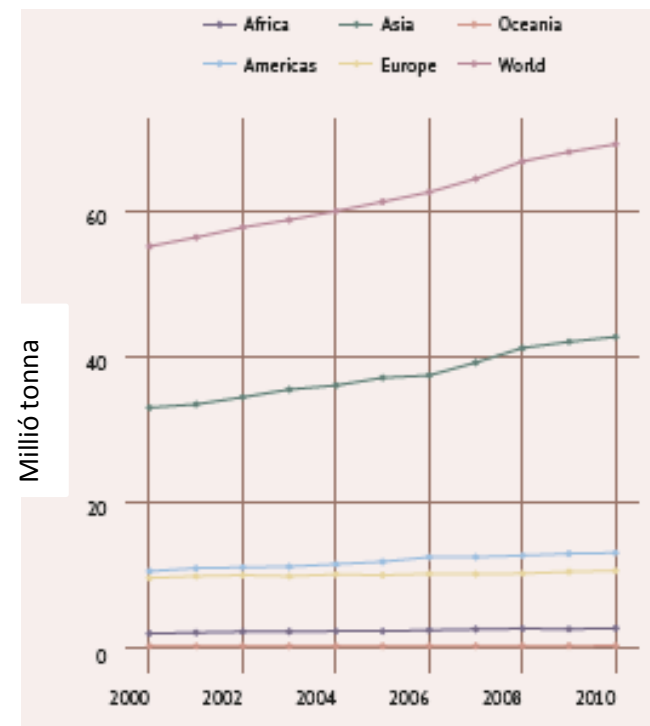


BAROMFIÁLLOMÁNY ÉS TOJÁSTERMELÉS A VILÁGBAN

állatlétszám

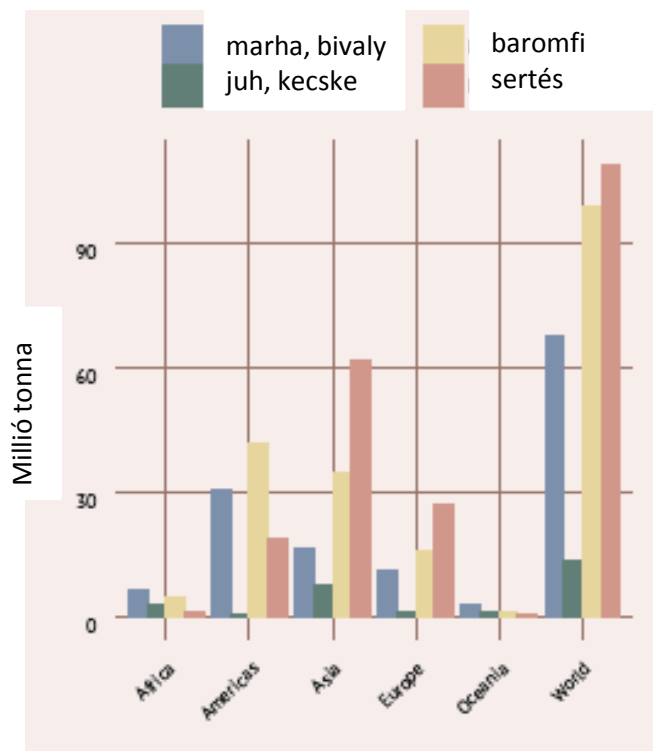
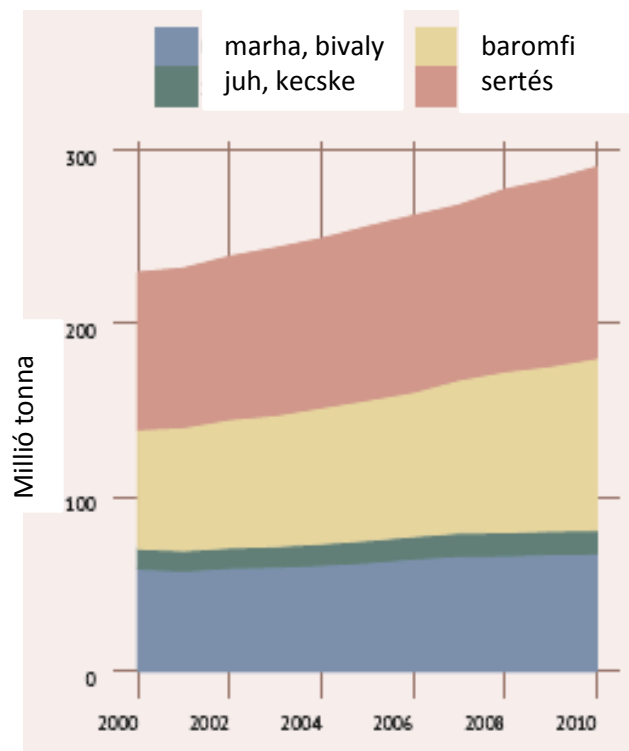


évi tojástermelés



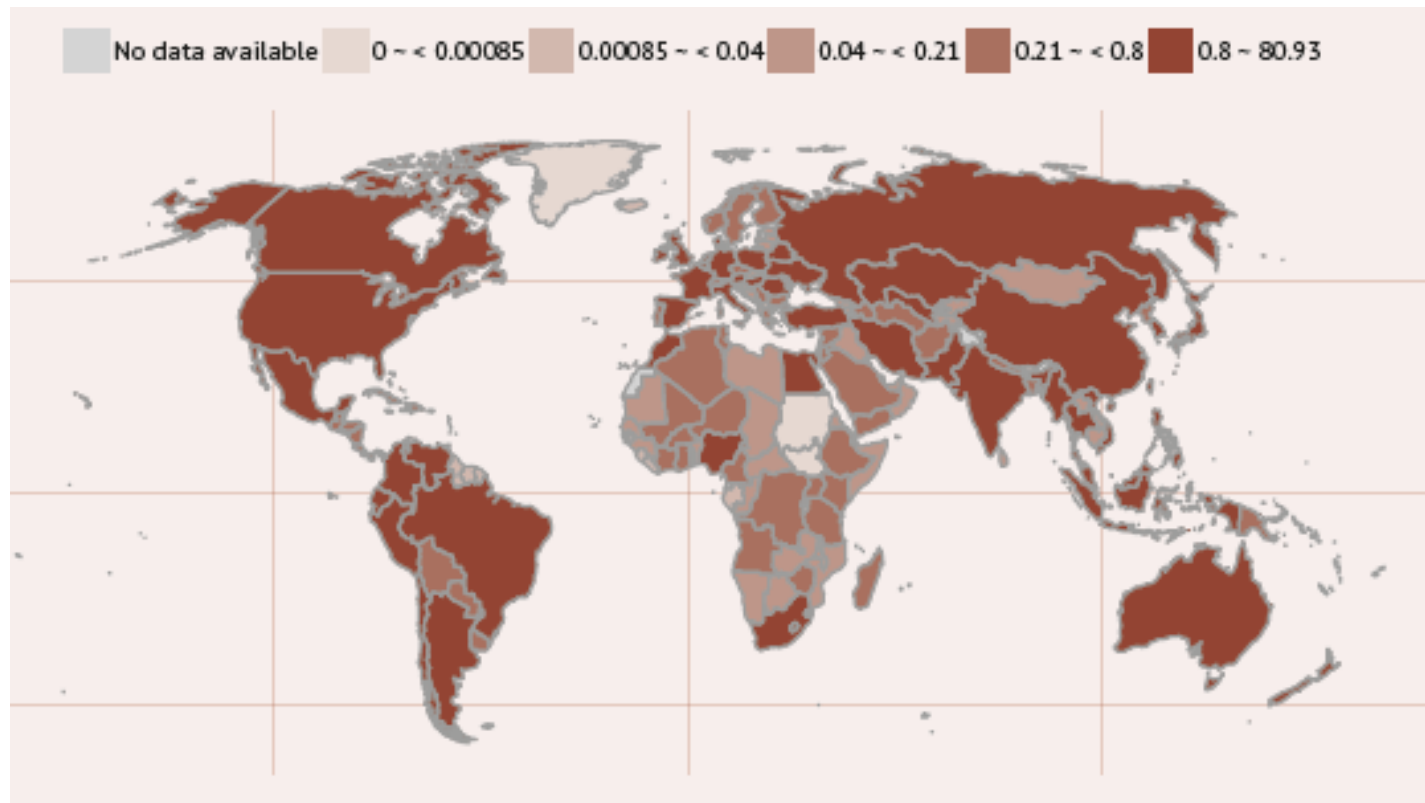
HÚSTERMELÉS ÁLLATFAJONKÉNT, FÖLDRÉSZENKÉNT

2030-ra az éves húsfogyasztás elérheti a 376 millió tonnát



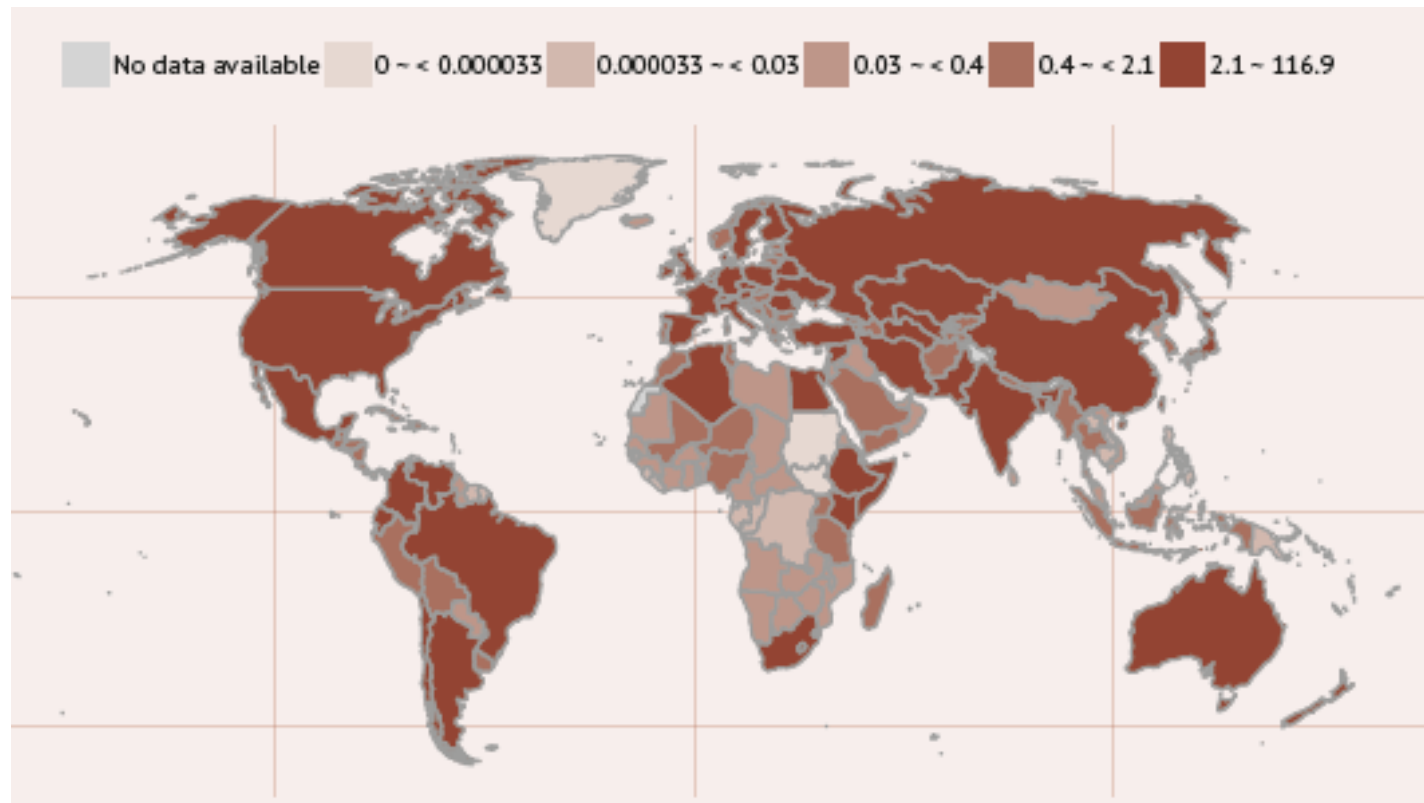
HÚSTERMELÉS ORSZÁGONKÉNT

millió tonna



TEJTERMELÉS ORSZÁGONKÉNT

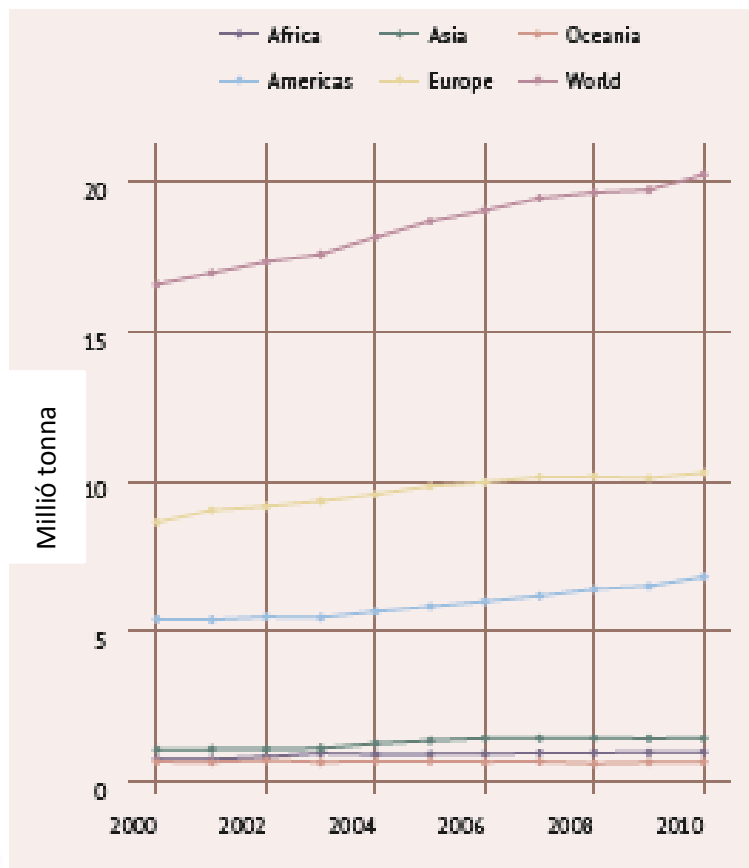
millió tonna



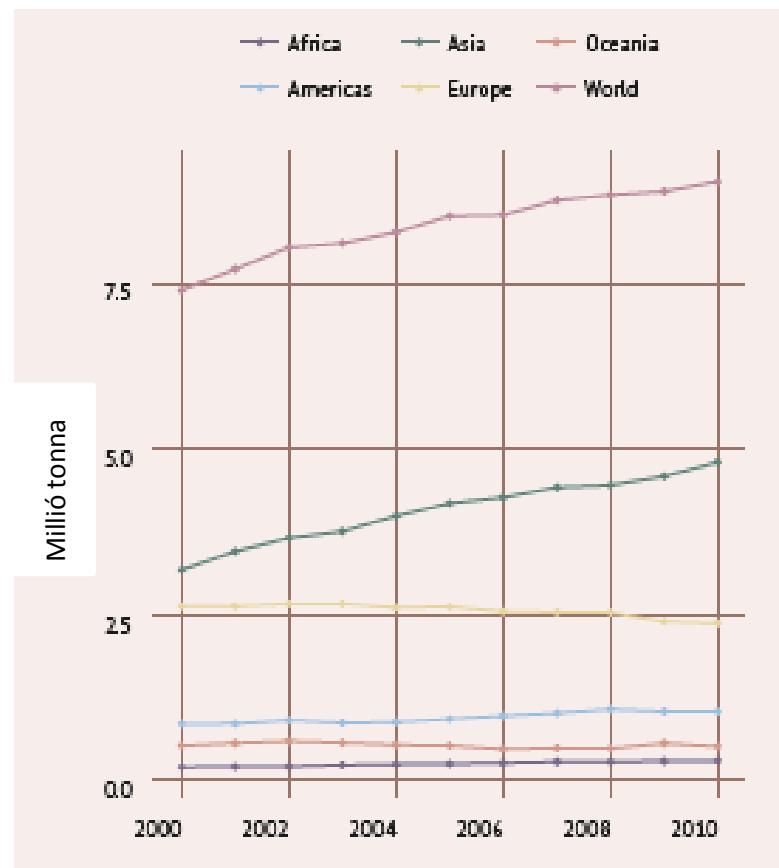
FAO, Statistics Division, FAOSTAT; Statistical Yearbook, 2013

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SAJT- ÉS VAJELŐÁLLÍTÁS HOZAMA



SAJT



VAJ

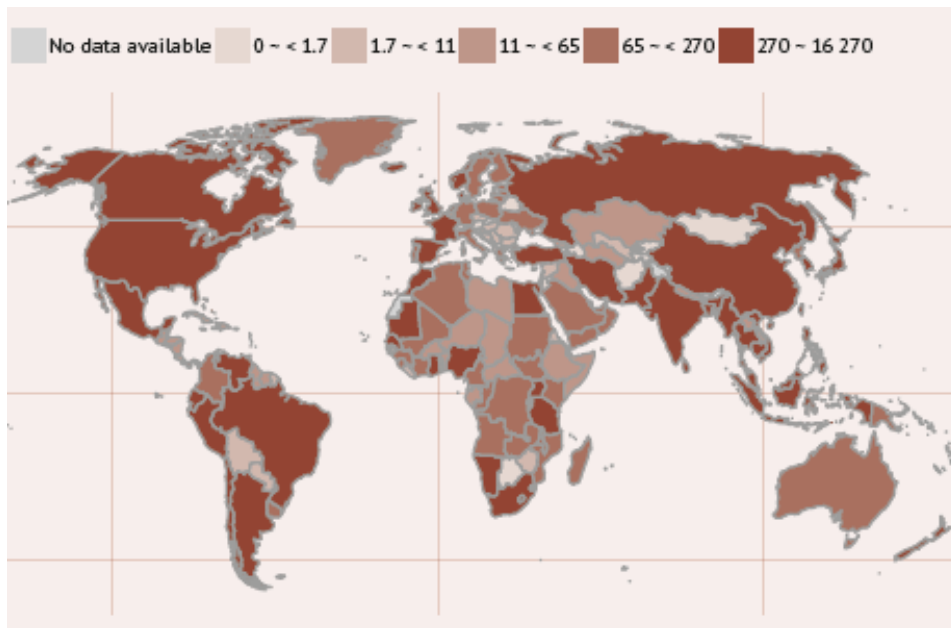
FAO, Statistics Division, FAOSTAT; Statistical Yearbook, 2013

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



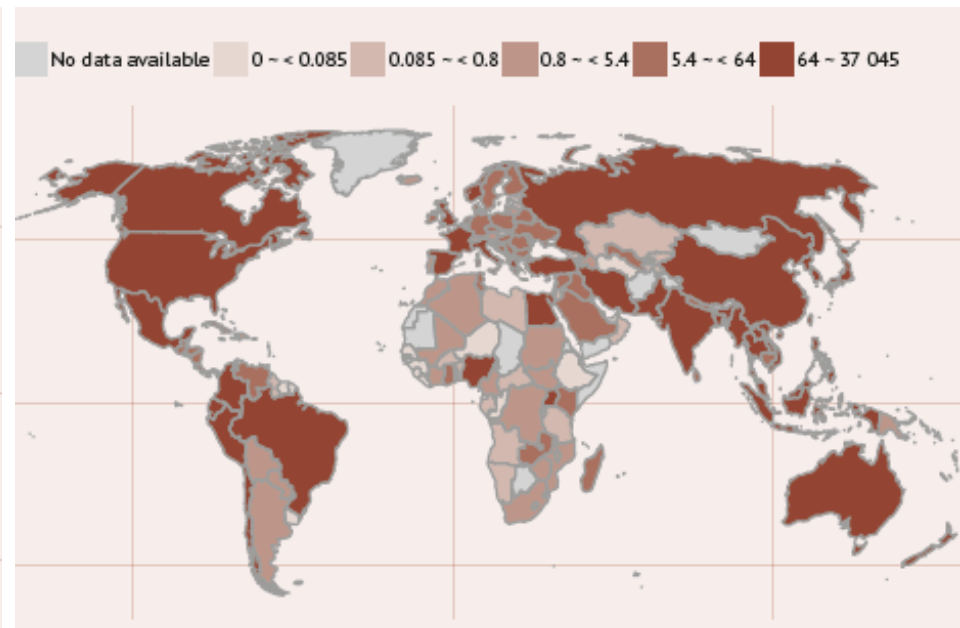
HALÁSZAT ÉS AKVAKULTÚRA A HALTERMELÉSBEN

Halászat



ezer tonna

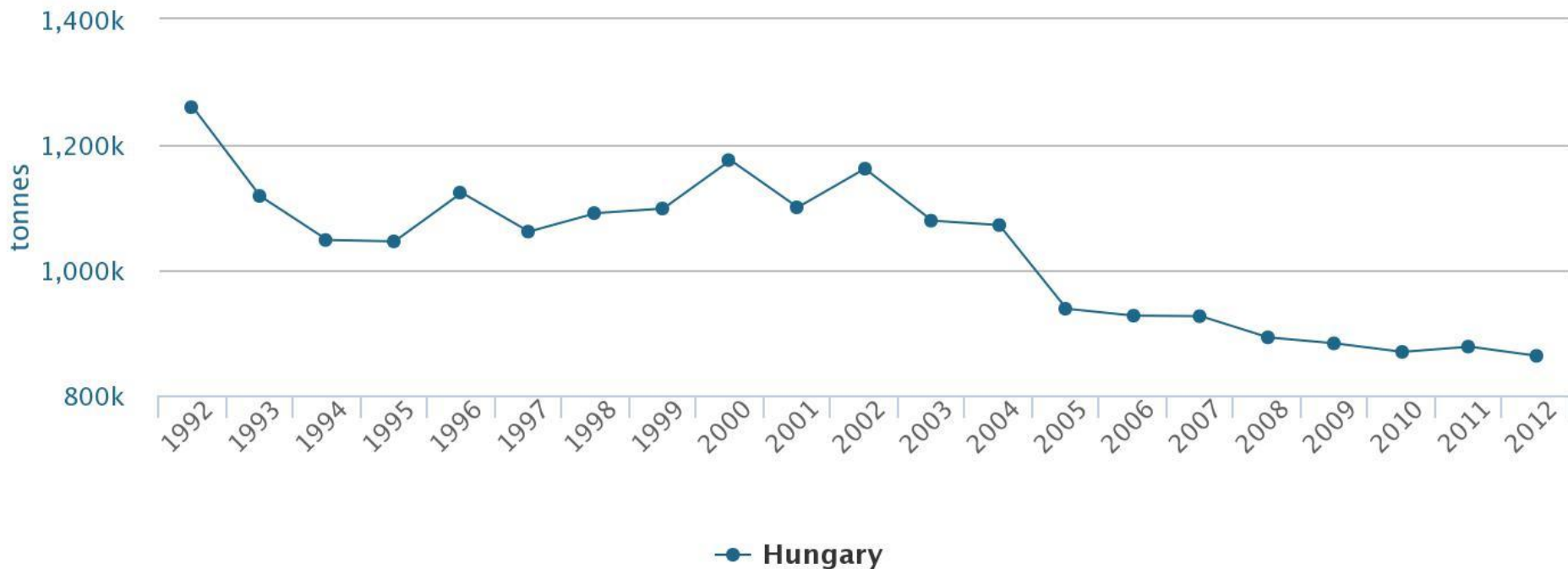
Akvakultúra



ezer tonna



HÚSTERMELÉS MAGYARORSZÁGON



M = Million, k = Thousand

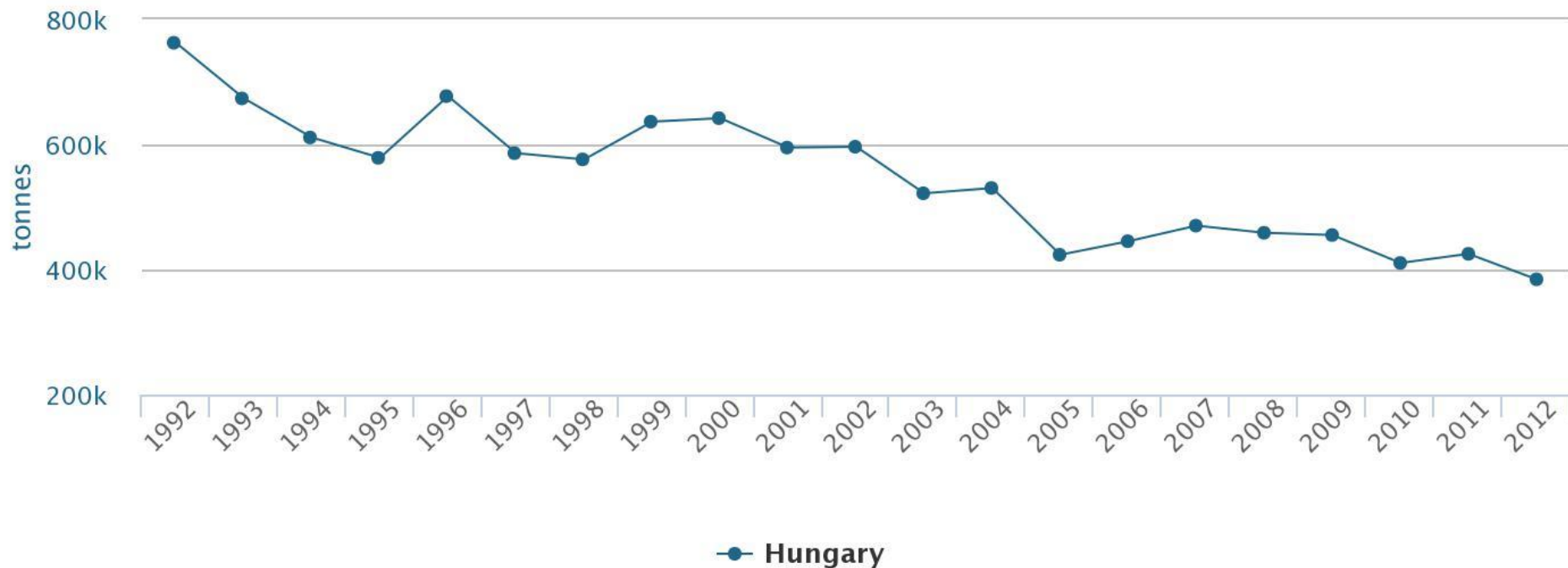
faostat3.fao.org, 2015

stagnálás és csökkenés



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SERTÉSHÚS-ELŐÁLLÍTÁS MAGYARORSZÁGON



M = Million, k = Thousand

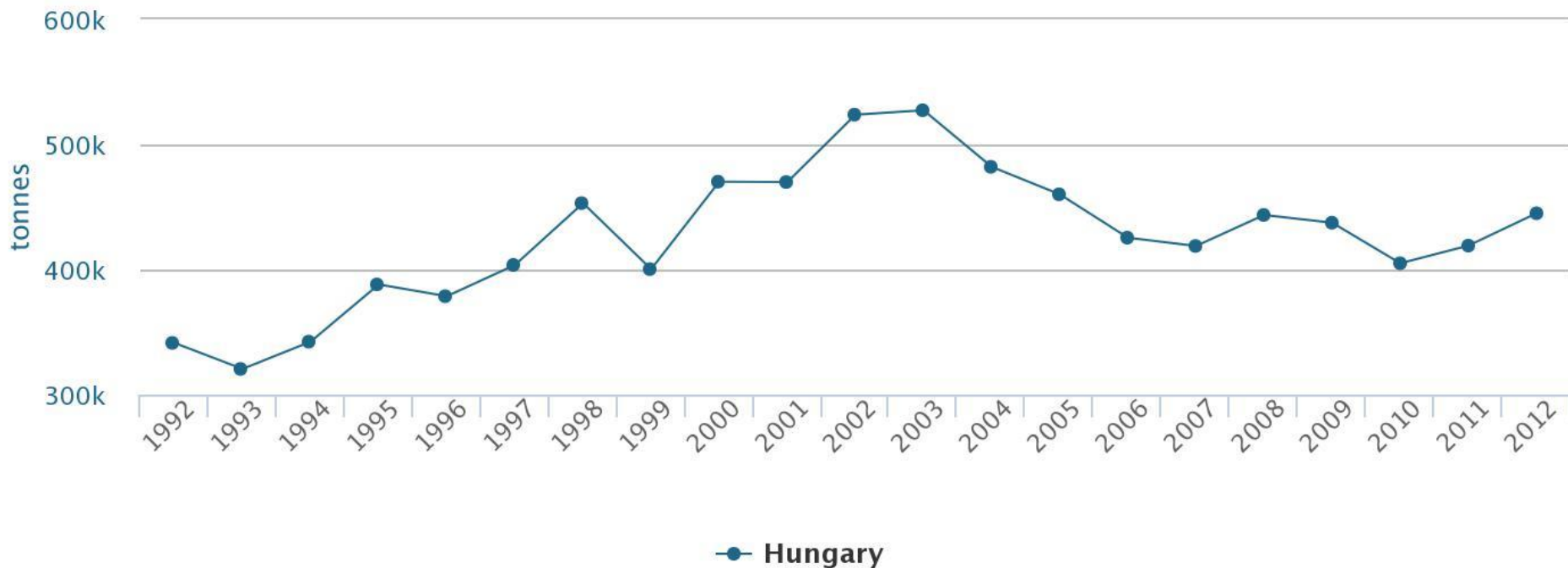
faostat3.fao.org, 2015

összefüggés a létszámadatokkal



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

BAROMFIHÚS-ELŐÁLLÍTÁS MAGYARORSZÁGON



M = Million, k = Thousand

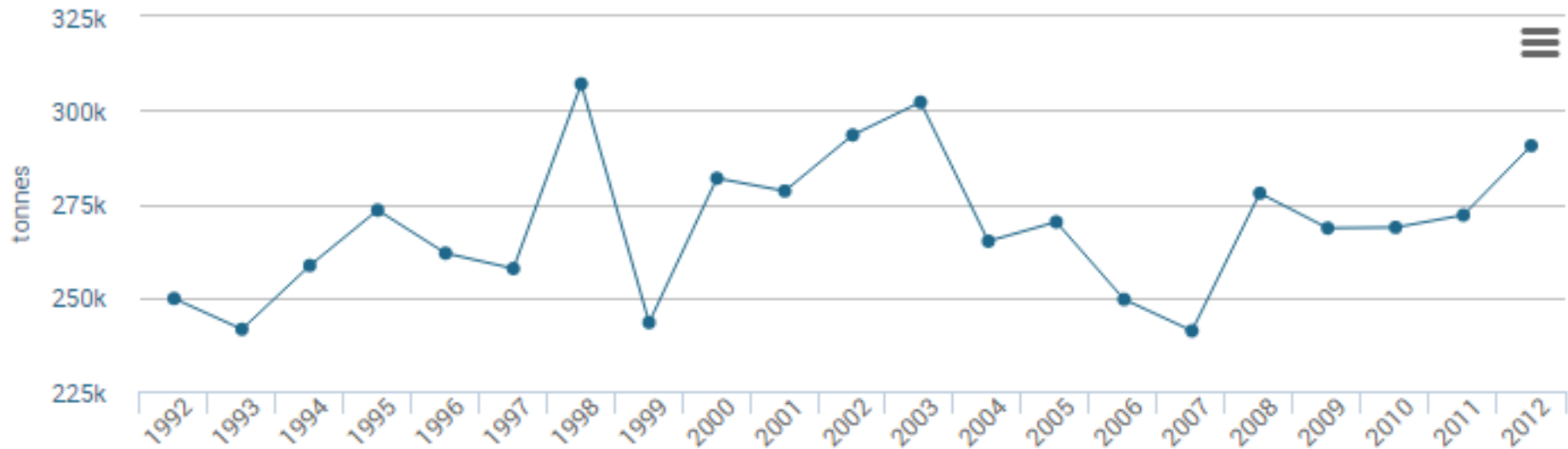
faostat3.fao.org, 2015

a fajszerkezet megváltozott



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

CSIRKEHÚS-ELŐÁLLÍTÁS MAGYARORSZÁGON



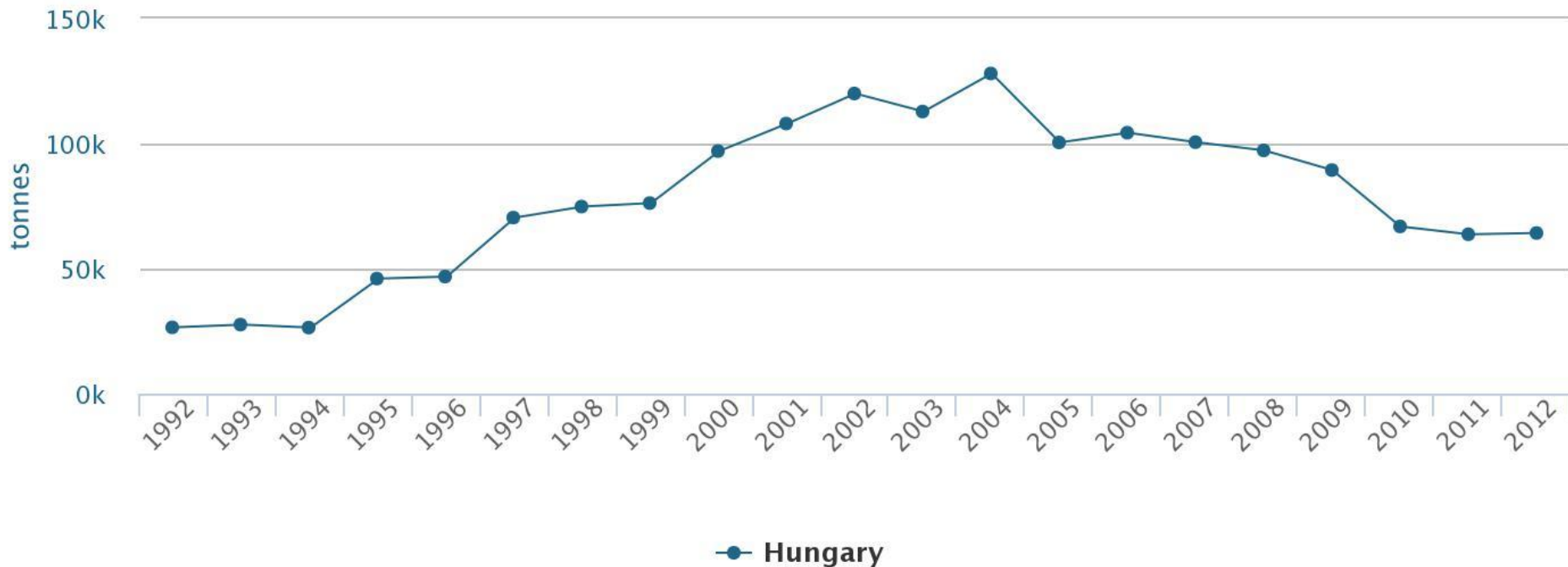
faostat3.fao.org, 2015



rendkívül hektikus trend
Mi a volatilitás oka?

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

PULYKAHÚS-ELŐÁLLÍTÁS HAZÁNKBAN



M = Million, k = Thousand

faostat3.fao.org, 2015

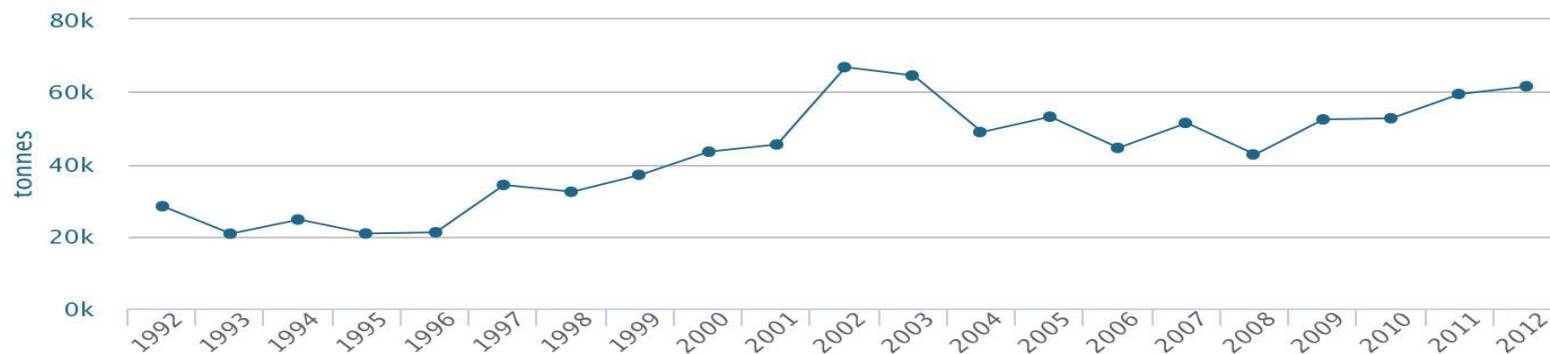
A pulyka vörös hús kompetitor lehet



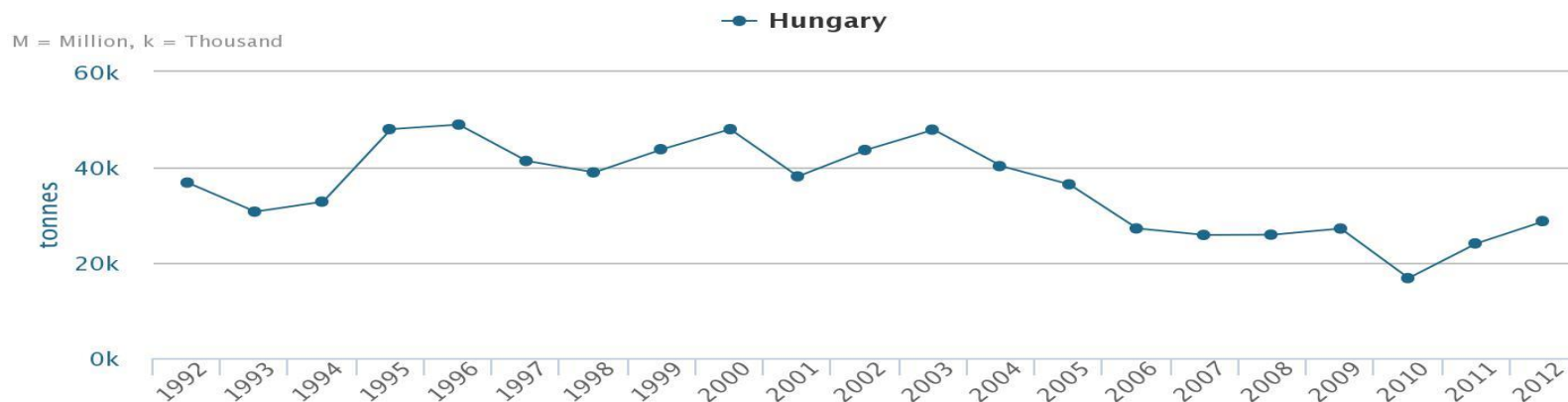
TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

KACSA- ÉS LIBAHÚS MENNYISÉGE HAZÁNKBAN

kacsa



lúd



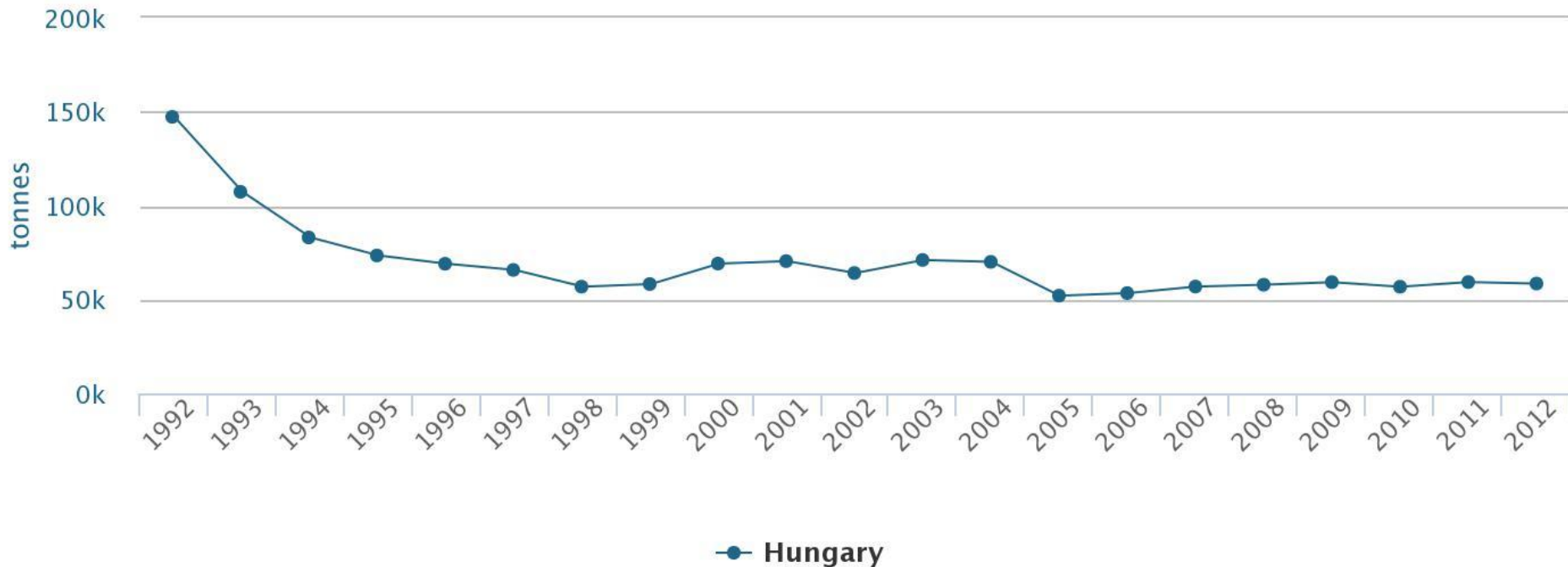
faostat3.fao.org, 2015



drága hús, speciális termékei is vannak

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

MARHAHÚS-TERMELÉS MAGYARORSZÁGON



M = Million, k = Thousand

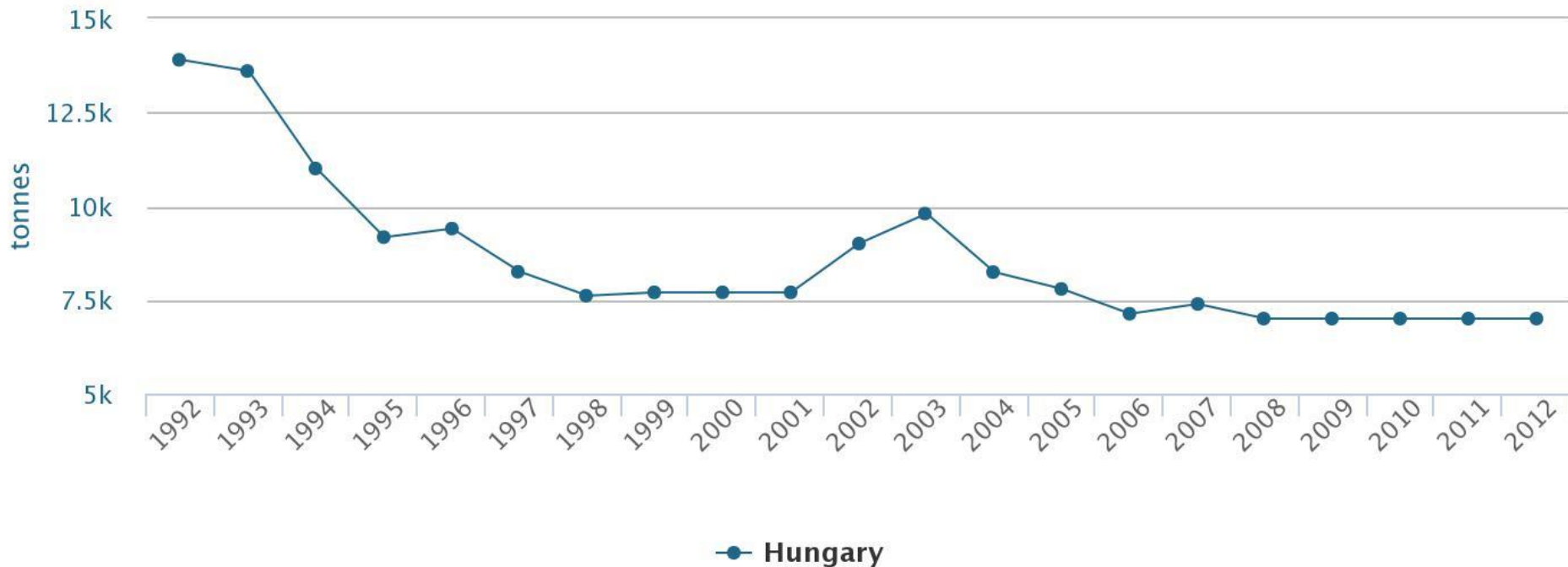
faostat3.fao.org, 2015



ennek ~50%-a a fogyasztásunk,
javarészt nem a minőségi hús

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

JUHHÚS-TERMELÉS MAGYARORSZÁGON



M = Million, k = Thousand

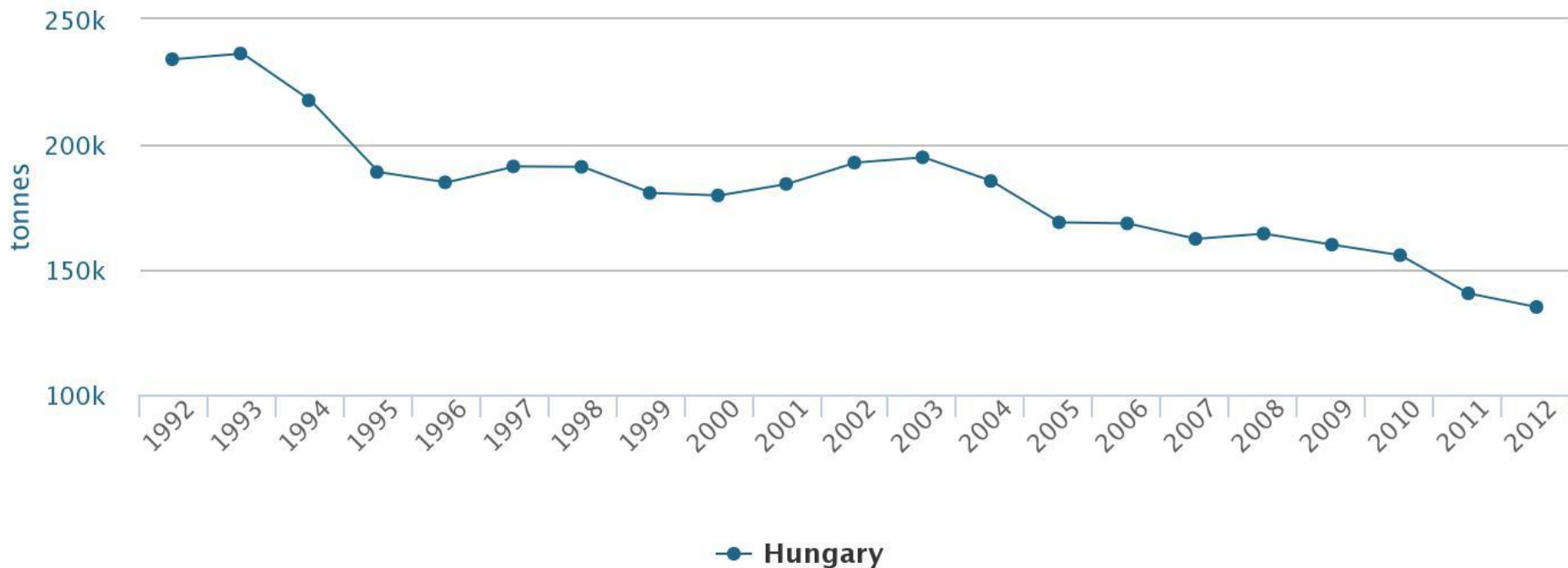
faostat3.fao.org, 2015



többsége exportra kerül,
hazai fogyasztás 0,3 kg/fő

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

TOJÁSTERMELÉS HAZÁNKBAN



M = Million, k = Thousand

faostat3.fao.org, 2015



A termelés hatékonyabb,
a tojóállomány erősen csökkent.

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

TEHÉNTÉJ-TERMELÉS VOLUMENE HAZÁNKBAN



M = Million, k = Thousand

faostat3.fao.org, 2015

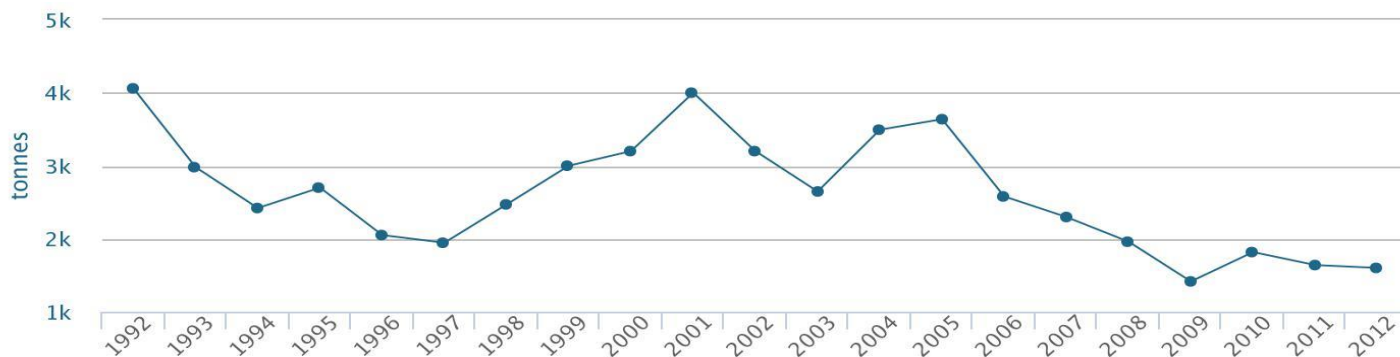
Nincs kvóta,
az egyedi hozamok 50%-al nőttek



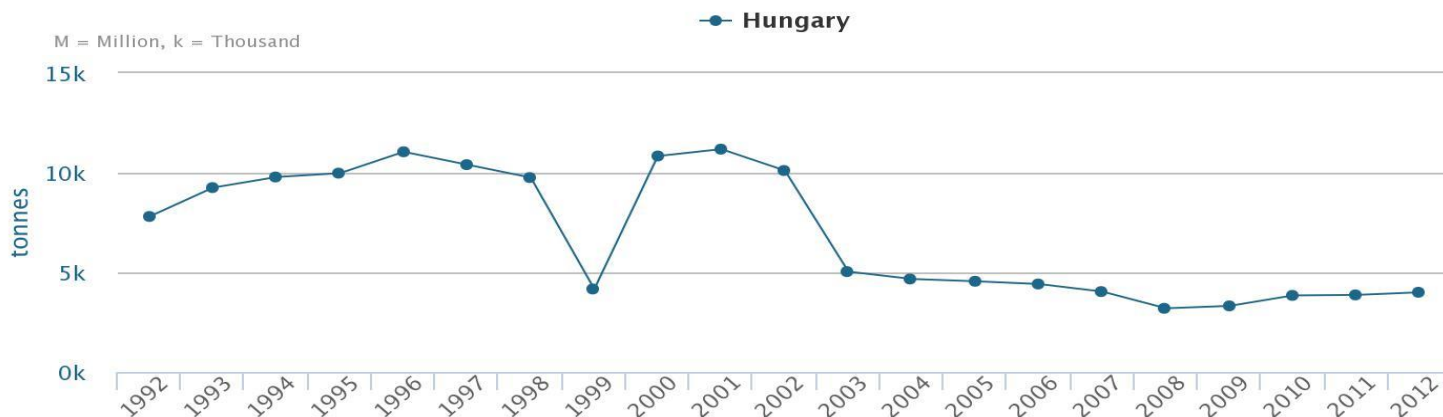
TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

JUH- ÉS KECSKETEJ ELŐÁLLÍTÁS HAZÁNKBAN

juhtej



kecsketej



faostat3.fao.org, 2015

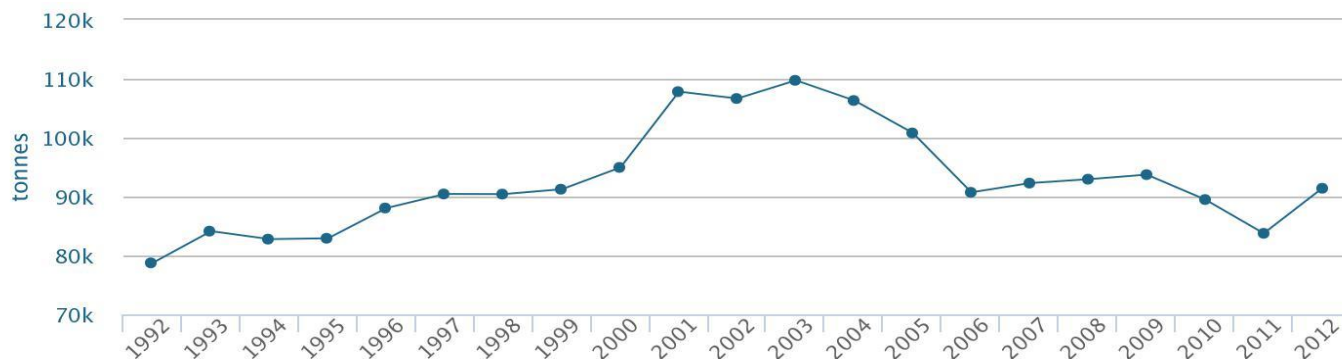


Elsősorban feldolgozásra kerül

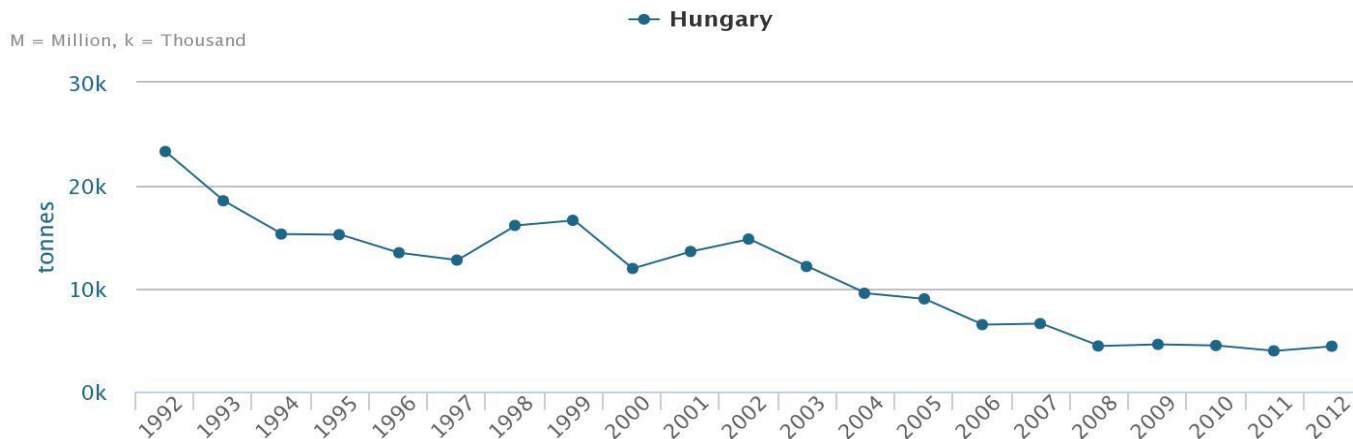
TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SAJT ÉS VAJ ELŐÁLLÍTÁSA HAZÁNKBAN

sajt



vaj



M = Million, k = Thousand

Sajt: szűkös választék

Vaj: fogyasztása folyamatosan csökkent

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



ELLENŐRZŐ KÉRDÉSEK ÉS FELKÉSZÜLÉS

Témakörhöz kapcsolódó kérdések

Mi a hústermelés világtendenciája?

Hazánkban mi a legfontosabb állati eredetű termék?

Miként alakult a hazai hús és tej előállítás?

Milyen a hazai sajt és vaj előállítás tendenciája?

Felhasznált és ajánlott irodalom

FAO Statistical Yearbook (2013) Statistics Division, FAOSTAT; [www.fao.org
faostat3.fao.org](http://www.fao.org/faostat3.fao.org), 2015

Jávor A. szerk (2014): Juhtenyésztés. Mezőgazda Kiadó. 1-221.

Szabó F. szerk (2006): Állattenyésztéstan. Pannon Egyetem. 1-317.





DEBRECENI EGYETEM

A FAJTA EGY MEGHATÁROZOTT TULAJDONSÁGCSOPORTOT KÉPVISEL

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014

Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SZÉCHENYI 2020



MAGYARORSZÁG
KORMÁNYA

Európai Unió
Európai Szociális
Alap



BEFEKTETÉS A JÖVŐBE

ELŐADÁS VÁZLATA

- **A FAJTA, GENOTÍPUS ÉRTELMEZÉSE ÉS JELENTŐSÉGE**
- **TEJHASZNÚ SZARVASMARHA FAJTÁK**
- **HÚSMARHA FAJTÁK**
- **JUHFAJTÁK**
- **SERTÉSFAJTÁK**
- **TYÚKFAJTÁK**



A GENOTÍPUS, MINT FAJTA JELENTŐSÉGE

A domesztikáció változások sorozatát indította el.

A vadon élő forma és a házasított állat eltér:

- *termelés*
- *szaporaság*
- *fenotípusos megjelenés*
- *ellenállóképesség*

Az elmúlt évszázadok nemesítése fajtákat hozott létre.

A fajták közötti különbséget az adott tenyészcél, a régió környezeti adottságai alakították ki.



FAJTÁN BELÜLI AZONOSSÁG – FENOTÍPUSOS, GENETIKAI

- Egy-egy fajtán belül számos génváltozat konzerválódott.
- A több tenyészcél révén a fajták között sokkal nagyobbak a különbségek, mint az az adott területen természetes módon kialakulna.



wikipedia.org



www.ansi.okstate.edu

Az elmúlt évtizedekben megjelenő genetikai módszerek lehetőséget adnak, a genetikai háttér (DNS) feltárására, a tulajdonságokért felelős gének, génváltozatok azonosítására.



SZARVASMARHA FAJTÁK

A több száz genotípusból sok a lokális, helyi jelentőségű, őshonos fajta.

Hasznosítás szerint:

TEJHASZNÚ FAJTÁK

Lélegző típus
Önfeláldozó
Tejhozam
Tejminőség
Szaporodásbiológiai mutatók

KETTŐS HASZNÚAK

mint az öttusázó

HÚSMARHA FAJTÁK

Muszkuláris
Digestívus típus
Súlygyarapodás
Karkasz tulajdonságok
Takarmánykonverzió
Szaporodásbiológia
Teheneket nem fejjük



TEJHASZNÚ FAJTÁK – HOLSTEIN FRÍZ

- Legnagyobb tejhozamra képes
- Tejének táplálóanyag- és szárazanyagtartalma alacsony
- Jól alkalmazkodik eltérő termelési körülményekhez
- Hőstressz gondot jelenthet
- A borjak életképessége és kezdeti súlygyarapodása megfelelő



provided by Hoard's Dairyman

www.ansi.okstate.edu



TEJHASZNÚ FAJTÁK - AYRSHIRE

- Intenzív tejtermelő
- Skóciában nemesítették
- Alacsony szomatikus sejtszám
- Könnyű ellés
- Kiváló anyai tulajdonságok
- Hosszú hasznos élettartam
- Genetikai terhelésektől mentes



provided by Hoard's Dairyman

www.ansi.okstate.edu



TEJHASZNÚ FAJTÁK - JERSEY

- Kis testű fajta
- Gazdaságos termelés – alacsony életfenntartó szükséglet
- Egyesült Királyságból származik
- Koncentrált tejet termel (zsír%, fehérje%)
- Könnyű kezelhetőség
- Könnyű ellés
- Kicsi brojú
- Gyenge hízekonyság



© 1997 The American Jersey Cattle Association

Provided by The American Jersey Cattle Association

www.ansi.okstate.edu



TEJHASZNÚ FAJTÁK – BROWN SWISS

- Svájcban nemesítették az eredeti változatot
- USA-ban tejelő irányba nemesítették tovább
- Legrégebbi tejhasznú fajta
- Nyugodt, könnyen kezelhető
- Hosszú hasznos élettartam
- Kedvező tejhozam
- Alacsony elhullás, életerős



provided by Hoard's Dairyman

www.ansi.okstate.edu



KETTŐS HASZNOSÍTÁS - SZIMENTÁLI

- Tej- és hústermelőképessége is megfelelő
- Svájci eredetű fajta
- Nagy testű, jó hízákonysági mutatók
- Kedvező takarmányhasznosítás
- Könnyű ellés
- Viszonylag korán érik (húsmarhákhoz képest)



provided by Beate Milerski

www.ansi.okstate.edu



HÚSMARHA FAJTÁK - ANGUS

- Kiváló húsmarhafajta
- Egyesült Királyságból származik
- Kedvezőtlen körülmények között is jól termel
- Nem igényes az időjárási feltételekre
- Korán érő fajta
- Kedvező karkassz tulajdonságok
- Márványozott hús
- Szarvatlan fajta – szarvatlanság domináns



www.ansi.okstate.edu



HÚSMARHA FAJTÁK – FEHÉR-KÉK BELGA

- Belagiumban nemesítették
- Kiváló súlygyarapodás
- Extrém karkassz
- Izomhipertrófia
- Császármetszés borjazáshoz
- A borjak 4-6 hetes kortól mutatják a speciális fenotípust
- Okozó: miosztatin gén mutációja, így az izomnövekedésnek nem lesz korlátja

mio = izom, statin = stop



www.ansi.okstate.edu



wikipedia.org



HÚSMARHA FAJTÁK - BRAHMAN

- Nem *Bos taurus*, hanem *Bos indicus*
- Indiából származik
- Válla fölött púp található
- Nagy nyaklebernyeg
- Meleg éghajlatot jól tolerálja
- Könnyen kezelhető, nyugodt
- Értelmes állat, könnyen tanul
- Sokféle takarmányon hizlalható
- Közepes testű



www.ansi.okstate.edu



HÚSMARHA FJTÁK - CHAROLAIS

- Francia fajta
- Nagytestű húsmarha
- Kiváló súlygyarapodás
- Kiemelkedő karkassz tulajdonságok
- Nagy húsrészek
- Intenzív súlygyarapodás
- Jó hízekonyság legelőn
- Eredményesen hizlalható intenzív, zárt rendszerben
- Könnyen kezelhető
- Későn érő fajta



www.ansi.okstate.edu



HÚSMARHA FJTÁK - HEREFORD

- Egyesült Királyságban nemesítették
- Kistestű fajta
- Kezdeti súlygyarapodás intenzív, majd ez csökken
- Kis vágósúly
- Jó takarmányhasznosítás
- Izomkötegek közé deponál zsírt – steak előállítás
- Kedvezőtlen takarmánybázisú időszakokat jól átvészeli
- Hosszú hasznos élettartam jellemzi



provided by Dr. Robert Kropp

www.ansi.okstate.edu



JUHFAJTÁK - HASZNOSÍTÁS

Több, mint 400 fajta létezik, hazánkban a fajtaválaszték 5%-a játszik szerepet.

Csoportosítási lehetőségek

Származás	Farok/far alakulás	Gyapjú típusa	Termelési irány
muflon	rövidfarkúak	finomgyapjas	gyapjú
argali	hosszúfarkúak	durvagyapjas	hús
arkal	zsírfarúak	kevertgyapjas	tej
	zsírfarkúak		vegyes

Meghatározó a szelekció, nemesítési cél !



JUHFAJTÁK - MERINO

HAZÁNKBAN MEGHATÁROZÓ FAJTA

- A kiváló gyapjú volt a tenyészcél
- Karkassz mérete kisebb, mint a hústipusúaké
- Számos környezetben jól termel
- Gyapja folyamatosan nő, így kötelező az évenkénti nyírás
- Tejtermelési közepes
- Szaporasága 100-150%
- Bárány súlygyarapodása jó
- Vágóértéke közepes kategóriába esik



1905. ausztrál díjnyertes



wikipedia.org

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

JUHFAJTÁK – BOORoola MERINÓ

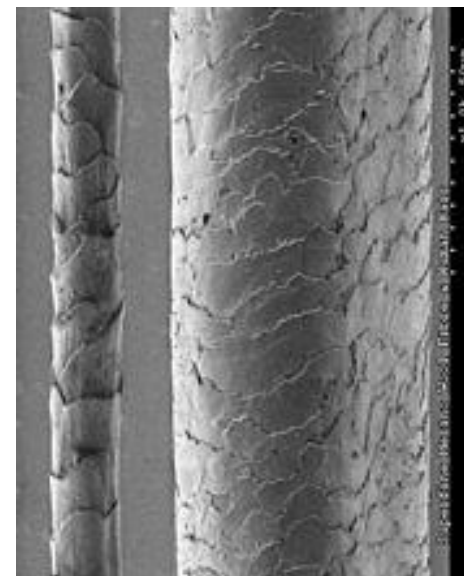
Merinó fajtacsoportba tartozik

Ausztráliában és Új-Zélandon alakították ki

Merinó átlagtól kisebb súlyú

Gyapjútömege nagy, minősége kiváló

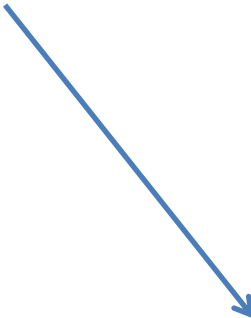
A FECUNDITY gén mutációját hordozzák.



wikipedia.org

merino
gyapjúsál

emberi
hajsál



Átlagos szaporasága 200%



JUHFAJTÁK - ROMNEY

- Egyik legrégebbi fajta
- Jól izmolt
- Korán érő típus
- Gyapjú fürthosszúsága kiemelekdő
- Gyapjúsál átmérője nagyobb, mint a merinó típusnak
- Sántaságra nem hajlamos
- Merinótól nehezebb súlyú



wikipedia.org



JUHFAJTÁK - CORRIEDALE

- Merinó és hosszúgyapjas fajták keresztezéséből
- Nagytestű fajta
- Jól izmolt
- Mérete a merinóhoz hasonló
- Gyapja kiváló, kicsit nagyobb átmérővel, mint a merinóé
- Szapora fajta
- Könnyen kezelhető
- Környezethez adaptálódik
- Nagy gyapjúhozam jellemzi



wikipedia.org



JUHFAJTÁK - RACKA

- Fehér és fekete színváltozata létezik
- Őshonos juh fajta
- Jellemzője a különleges szarva
- Élénk vérmérsékletű, ideges típus
- Kever gyapjút termel
- Gyapjúhozama alacsony
- Szaporasága kevéssel 100% fölött
- Későn érő, generációs intervallum hosszú



[wikipedia.org](https://en.wikipedia.org/wiki/Racka)



JUHFAJTÁK - AWASSI

- Kiváló tejtermelő (több száz liter)
- Gyapjúhozama közepes
- Kevertgyapjas fajta
- Meleg éghajlat alatt nemesítették (Izrael)
- Szaporasága 100-120%
- Zsírfarkú fajta – genetikailag oda deponál (5-7 kg farok)
- Jó a legelőkészsége



wikipedia.org



JUHFAJTÁK - TEXEL

- Kiváló húsjuh
- Hűvösebb éghajlaton nemesítették (Hollandia)
- Négy sonkás – minden végtag erős izomnövekedést mutat
- Húskitermelése a legjobb: 60%
- Húsa faggyús
- Merinótól nagyobb testű
- Szaporasága kiváló
- Szezonális fajta – reprodukciós időszak



wikipedia.org



JUHFAJTÁK - SUFFOLK

- Angliában nemesítették, USA-ban igen elterjedt
- Nagytestű fajta
- Gyapja viszonylag rövid
- Gyapjútermelés testtömeghez képest alacsony
- Nagyon jó hústermelőképességű
- Nagyterstű hízóbárány előállításra alkalmas
- Bárányok húsa nem faggyús



[wikipedia.org](https://en.wikipedia.org/wiki/Suffolk_sheep)



SERTÉSFAJTÁK CSOPORTOSÍTÁSA

- I. Szín szerint
fehér, színes, egyszínű, tarka, szabálytalan
- II. Hasznosítási típus szerint
hússertés, zsírsertés
- III. Termelékenység (kitenyésztettség) szerint
primitív, átmeneti, kultúrfajta
- IV. Fejlődési típus alapján
korai, középkorai, későn érő



wikipedia.org



Nyisalovits, 2011



SERTÉSFAJTÁK - MANGALICA

- Lassú fejlődésű zsírsertés
- Három változatát tenyésztik
- 1970/80 években állománya erősen lecsökkent
- Ma már nem génrezerv, állománya nő
- Őshonos primitív sertésfajtákból alakították ki
- Hízalás alatti súlygyarapodás alacsony
- Szaporulat mindössze 6-7 malac



szőke mangalica



fecskehasú mangalica



vörös mangalica

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



SERTÉSFAJTÁK - DUROC

- Közepesen korán érő hússertés
- Kiváló partner kombinatív keresztezésekben
- Magas súlygyarapodás
- Kedvező karkasz, magas színhúсарány
- Húsminőség átlag feletti
- Stresszrezisztens
- Anyai tulajdonságok gyengék:
 - alacsony malacszám
 - alacsony tejtermelés



wikipedia.org



SERTÉSFAJTÁK - LAPÁLYSERTÉS

- Számos országnak van lapálysertése
- Későn érő fajták
- Szaporulat 10 fölötti
- Jó tejtermelésű, így a malacok választási súlya magas
- Malacelhullás alacsony
- Stresszérzékenység különböző mértékben előfordul
- Keresztezési programokban kedvelt



wikipedia.org



SERTÉSFAJTÁK - HAMPSHIRE

- Közepes hústermelésű fajta
- Jellegzetessége a fehér öv
- Szervezeti szilárdsága jó
- Intenzív súlygyarapodást mutat
- Karkasz kiváló
- Kocák sokáig termelésben tarthatóak
- Kombinálódó készsége nagyon jó
- Stresszérzékenység nem jellemző



wikipedia.org



SERTÉSFAJTÁK - NAGYFEHÉR

- Kiindulási fajta az angol nagyfehér volt
- Későn érő fajta
- Súlygyarapodása jó, de nem kiemelkedő
- Szaporulat magas
- Tejtermelése kiváló
- Választott alomtömeg elérheti a 70 Kg-ot
- Fajtatisztán kiválóan termel
- Hibridek előállításánál szerepeltetve kedvezőbb eredmények is elérhetőek



wikipedia.org



SERTÉSFAJTÁK - PIETRAIN

- Jellegzetessége a szabálytalan tarkaság
- Számos fajtához képest rövidebb lábú, de szélesebb
- Súlygyarapodása közepes
- Négysonkás típus
- Vágott test minősége kiemelkedő
- Húsminőségi problémák előfordulnak
- Stresszérzékeny
- Fajtatisztán termeli kevésbé jellemző
- Keresztezésekben kiváló
- Anyai tulajdonságok közepesek



wikipedia.org



200 fajta található a világban.

Intenzív termelés esetén a hibridek jelentősége folyamatosan nő.

A hibridek előállításához a fajták (vonalak) nélkülözhetetlenek.



wikipedia.org



TYÚKFAJTÁK - LEGHORN

- Tojótípusú fajta
- Számos változata ismert (tollszín, taraj)
- Olasz parlagi tyúkból származik
- Fehérhéjú tojást termel
- Számos nemesítésnek alapanyaga
- Jól honosul, hőstressznek nem kitett fajta
- Kistestű, kakasok 1,9-2,5 kg súlyúak
- Élénk vérmérsékletű
- Kotlási hajlama elenyésző
- Tojástermelése jelentősen elmarad a hibridekétől



wikipedia.org



TYÚKFAJTÁK – NEW HAMPSHIRE

- Vegyes hasznosítású
- *Rhode island* fajtából állították elő
- Háztáji gazdaságokban kiváló
- Viszonylag kistestű,
kakasok súlya 3,5-4,0 kg
- Mérsékleten élénk
- Ellenálló, szilárd szervezetű
- Félintenzív tartásra javasolt
- Egy tojáshoz szükséges takarmány
25-30%-al több, mint a tojóhibrideknél
- Takarmányhasznosítás hizlalásnál igen jó



wikipedia.org



TYÚKFAJTÁK – SUSSEX

- Vegyes hasznosítású fajta
- Több színváltozatát tenyésztik
- Barna héjú tojást tojik
- Egyik legjobb kettős hasznosítású fajta
- Egyik legrégebbi fajta – Angliából
- Négyyszögletes testű
- Élénk állat
- Jó takarmányhasznosítású



wikipedia.org



TYÚKFAJTÁK – RHODE ISLAND

- Vörös és fehér változata létezik
- Vegyes hasznosítású fajta
- Tojástermelése némileg jobb, mint a hústermelése
- Kiváló háztáji gazdaságokba
- Nagyon jó kotlási tulajdonságokkal
- Szervezeti szilárdsága kiemelkedő
- Kakasok súlya elérheti a 4 kg-ot
- Viszonylag jól kezelhető
- Esetenként agresszív



wikipedia.org



TYÚKFAJTÁK – CORNISH

Hústipusú fajta

- Őse az indiai viador tyúk
- Széles körben használt fajta
- Nagytestű
- Kiváló izomzatú
- Magas növekedési erélyű
- Broiler előállításban apai partner
- Kotlásra hajlamos
- Finom tollazatú
- Átlagostól nagyobb helyigényű



wikipedia.org



TYÚK – TETRA SL HIBRID

- Barna színű tojóhibrid
- Hazai előállítású
- Barna héjú tojást termel
- *Rhode island* jellegű hibrid
- Nagyon jó ellenállóképesség
- Jól alkalmazkodik
- Ketreces és mélyalmos rendszerben is használható
- Takarmányhasznosítása kiváló
- Tojástömege 63-64 g



tojotyuk.hu



ELLENŐRZŐ KÉRDÉSEK ÉS FELKÉSZÜLÉS

Témakörhöz kapcsolódó kérdések

Mi a fajták jelentősége? Miért nemesítenek?

Mi jellemzi a holstein-frízt, mint genotípust?

Melyek a sertésfajták meghatározó értékmérő tulajdonságai?

Mi jellemző a házityúk sokszínűségére?

Felhasznált és ajánlott irodalom

Jávor A. szerk (2014): Juhtenyésztés. Mezőgazda Kiadó. 1-221.

Szabó F. szerk (2006): Állattenyésztéstan. Pannon Egyetem. 1-317.

Oklahoma State University (2015. 01. 10.) Breeds of Livestock.

<http://www.ansi.okstate.edu/breeds/>





DEBRECENI EGYETEM

A HÚS MINŐSÉGI PARAMÉTEREI

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SZÉCHENYI 2020



MAGYARORSZÁG
KORMÁNYA

Európai Unió
Európai Szociális
Alap



BEFEKTETÉS A JÖVŐBE

ELŐADÁS VÁZLATA

- **A HÚS DEFINÍCIÓJA**
- **A HÚS ÖSSZETÉTELE**
- **A HÚS ÉRZÉKSZERV TULAJDONSÁGAI**
- **A HÚS TÁPLÁLKOZÁSI TULAJDONSÁGAI**
- **A HÚS ÉLELMISZERBIZTONSÁGI TULAJDONSÁGAI**
- **A HÚS TECHNOLÓGIAI TULAJDONSÁGAI**
- **POST MORTEM FOLYAMATOK**
- **A HŐKEZELÉS HATÁSÁRA LEJÁTSZÓDÓ FOLYAMATOK**



A HÚS

A hús harántcsíktolt izomszövet.

Az izom mellett tartalmaz zsírt (faggyút) és kötőszövetet, ereket és inat.

A hús a melegvérű állatok izomzata, így a belszervek és a halak nem tartoznak ide.

wikipedia.org



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

A HÚS DEFINÍCIÓJA

„All parts of an animal that are intended for, or have been judged as safe and suitable for, human consumption. „

Codex Alimentarius, CAC/RCP 58-2005

Így az állat minden olyan része, amely alkalmas és biztonságos emberi fogyasztásra, húsnak tekinthető.

Ez egy igen tág értelmezés, a hús = izomszövet megközelítéshez képest.



HÚSMINŐSÉG

A húsminőséget számos faktor befolyásolja:

- az állat genotípusa (fajta) és genotípus génekre, allélokra értelmezve,
- a hústermelés, hizlalás során ható környezeti tényezők.

Mindezek hatást gyakorolnak a vágás előtti és a vágás után húsminőségre is.

Az állat vágáskori fiziológiai állapota meghatározó!



A HÚS ÖSSZETÉTELE

Hús	Víz (%)	Fehérje (%)	Zsír (%)	Hamu (%)	Energia (KJ)
Marha	75	22	2	1,2	1160
Borjú	76	21	1	1,2	980
Marhafaggyú	4	1,5	94	0,1	8540
Sertés	75	23	1	1,0	1120
Sertésszalonna	8	3	89	0,7	8120
Csirke	75	23	1	1,2	105

fao.org



A HÚS FEHÉRJÉI

I. Kontrakcióban szerepet játszó fehérjék (tömény sóoldatban oldhatóak)

miozin, aktin, tropomiozin, troponin, titin

II. Vízoldható fehérjék

enzimek, mioglobin – *hússzín befolyásolja*



sok oxigén – oximioglobin - világospiros szín
kevés oxigén – metmioglobin – barnás szín
lassú oxidáció



wikipedia.org

Vörös hús (kérődzők húsa) - szarkoplazma/miofibrillum arány nagy
Fehér hús (baromfi, hal) - szarkoplazma/miofibrillum arány kicsi



A HÚS FEHÉRJÉI

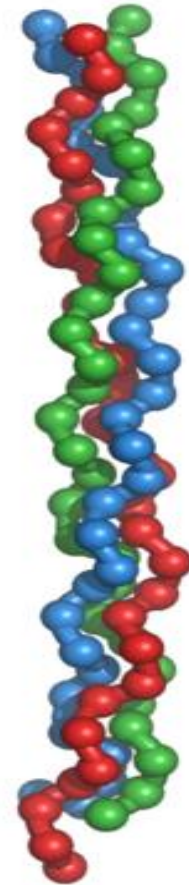
III. Oldhatatlan fehérjék

Ezek főként kötőszöveti fehérjék, az emlősök fehérjéinek legalább 20%-a

Kollagén:

- levágás után denaturálódik a glükózból keletkező tejsav hatására
- hő hatására zselatin képződik

tropokollagén szerkezete



wikipedia.org



A HÚS MINŐSÉGI TULAJDONSÁGAINAK CSOPORTOSÍTÁSA

- Érzékszervi tulajdonságok
- Táplálkozási tulajdonságok
- Élelmiszerbiztonsági tulajdonságok
- Technológiai tulajdonságok



wikipedia.org



A HÚS ÉRZÉKSZERV TULAJDONSÁGAI

- Szín
- Külső megjelenés, forma
- Íz
- Szag
- Márványozottság
- Konzisztencia



wikipedia.org



A HÚS SZÍNE

Számos tényező befolyásolja

mioglobin,
hemoglobin,
citokrómok,
pigmentek

genotípus (fajta)
SNP-k
életkor
stressz
takarmányozás

szállítás
vágóhídi
várákoztatás
Vágás
Kábítás
kivéreztetés



TÁPLÁLKOZÁSBIOLOGIAI TULAJDONSÁGOK, TÁPLÁLÓÉRTÉK

- Fehérjék
- Aminosavak
- Zsírok
- Zsírsavak
- Szénhidrátok
- Vitaminok
- Mikroelemek
- Aromaanyagok



wikipedia.org



A TÁPLÁLÓANYAG-TARTALOM EMÉSZTÉS SORÁN HASZNOSUL

A hőkezelés a denaturálás révén javítja a húsok emészthetőségét.

A fehérhús emészthetősége jobb, mint a vörös húsoké.



wikipedia.org

Nem a színtől, a kötőszövettől függ!

Idősebb állat húsa nehezebben emészthető.



ÉLELMISZERBIZTONSÁGI TULAJDONSÁGOK

- Szennyezőanyagok
- Káros mikroorganizmusok
- Toxinok
- Antinutritív anyagok
- Konzerválószer



wikipedia.org



TECHNOLÓGIAI TULAJDONSÁGOK

- Márványozottság
- Víztartó képesség
- Porhanyósság
- pH
- Fehérje- és zsírállapot



wikipedia.org



A VÍZ JELENLÉTE AZ IZOMSZÖVETBEN

A hús 25% szárazanyag és 75% víz.

A víz eloszlása az izomban:

5% - fehérjék felületén, erősen kötött állapotban

95% - különböző erősségi fokkal kötött víz  „szabad víz”

A víz legnagyobb mennyiségének kötöttségi foka állandóan változik!



A VÍZ JELENLÉTE AZ IZOMSZÖVETBEN

VÍZKÖTŐ- ÉS VÍZFELVEVŐ-KÉPESSÉG

A saját víztartalmat, a felvett vízmennyiséget úgy megkötni, hogy adott nyomás hatására sem adja le.

VÍZTARTÓ-KÉPESSÉG

A saját víztartalmat, a felvett vízmennyiséget úgy megkötni, hogy hőkezelés hatására sem adja le.

Feldolgozott termékként, töltelék áruként miként értéklehető



A LEGGYAKRABBAN ELŐFORDULÓ MINŐSÉGI PROBLÉMA

A PSE és a DFD hús

- Mindkettőről a vágás után szerzünk tudomást.
- Velejárója mindkettőnek a normálistól eltérő pH érték.
- Vágás előtti stressz hozzájárul a kialakulásukhoz.

Kialakítja a vágás után a húspan lejátszódó metabolikus folyamatok abnormalitása.



A LEGGYAKRABBAN ELŐFORDULÓ MINŐSÉGI PROBLÉMA - PSE

A PSE hús:

Genetikai faktora a stresszérzékenység

Környezeti tényező a szállítás, vágóhídi várakozás alatti stresszhatások.

Elsősorban sertésnél és baromfinál fordul elő:

Sertés – a sertés stressz szindrómára érzékeny állatoknál gyakori jelenség
a vágás előtti stressz fokozza a glikolízist, testhőmérsékletet, tejsavtermelést

Baromfi – azonos faktorai vannak, mint a sertésnél
az intenzív hibridek megjelenésével megnőtt az előfordulások gyakorisága



Sertés- és baromfihizlalás során a PSE húshiba előfordulása 0,1 – 10 % közötti.

A LEGGYAKRABBAN ELŐFORDULÓ MINŐSÉGI PROBLÉMA - PSE

Az izomrostok működéséhez, aktiválásához Ca szükséges

Egyes állatoknál stressz hatására $2\times$ Ca menny. szabadul ki az izomsejtekből

A sok Ca intenzív glikolízist indukál a húspan

Nagy mennyiségben keletkezik tejsav

Lecsökken a hús pH értéke

A pH csökkenése miatt az izomproteinek denaturálódnak

A sejtstruktúra megváltozik, összezsugorodnak.



Sejtek víztartóképesége lecsökken, puha lesz a hús



A LEGGYAKRABBAN ELŐFORDULÓ MINŐSÉGI PROBLÉMA - DFD

A sötét, száraz, kemény húsnak post mortem nem csökken le a pH-ja a normál tartományba.

A vizuális megjelenése miatt a fogyasztó ugyanúgy felismeri és nem kedveli, mint a sápadt, vizenyős húst.

Húsipari felhasználása korlátozott

Kialakulásának közvetlen oka: a vágás előtti időszakban az állat energiatartalékai kimerülnek.

Oka lehet:

- hosszabban tartó stressz
- fizikai aktivitás



A LEGGYAKRABBAN ELŐFORDULÓ MINŐSÉGI PROBLÉMA - DFD

Stressz, fizikai aktivitás

A hús glikogénszintje lecsökken

Tejsavtermelés lecsökken
(anaerob glikolízis)

pH érték 6.2 – 6.5
a normál 5.5 helyett

Bizonyos minőségi paraméterek előnyösen változnak:

- Megnő a víztartókéesség
- A hús lédúsabb lesz (következésképpen)



POST MORTEM LEJÁTSZÓDÓ FEHÉRJÉKET ÉRINTŐ FOLYAMATOK

Levágás után hosszabb – rövidebb idő alatt bekövetkezik a
rigor mortis – hullamerevség.

Oka:

- Energiakészletek kimerülnek
- A miofibrilláris fehérjék, aktin, miozin elveszti nyújthatóságát
- Az izom....HÚS tömött lesz.

A rigor mortis beállta függ:

- Állatfaj (kérődzők később)
- Hűtés (a folyamat késlelteti)
- Vágás előtti stressz



RIGOR MORTIS-BÓL PUHA HÚS

A beálló merevség idővel engedni kezd, csökken a tömörittség.

Ennek oka a strukturális fehérjéket érintő proteolízis.

Ebben legnagyobb jelentőséggel a kollagének bírnak, mivel az izomrostok

A többi protein degradációja is zajlik.

A folyamat hetekig tart, ez az érlelés MINŐSÉGJAVÍTÓ FOLYAMAT!

A HÚS PUHÁBB ÉS FINOMABB LESZ.



A HÚS MINŐSÍTÉSE, ÉRTÉKELÉSE

Országoként változó!

.....de mindenhol számít a húskihozatal, mint eladható mennyiség és a hús étkezési minősége.



Petracci – Cavani, 2012



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

A HÚS MINŐSÍTÉSE, ÉRTÉKELÉSE

A húsvizsgálati protokollok hasonlósága miatt, azon tényezők könnyebben összehasonlíthatóak.

Vágott féltest húsformája

Zsír/faggyú borítottság

Zsír/faggyú vastagság

Szín

Textúra

Húskeménység

Márványozottság

Színhúсарány



AZ ELSŐDLEGES SZEMPONT ELTÉRŐ

USA

steakfogyasztás igényeit kielégíteni
abronon hizlalt állatok
elsődleges az izomban található zsír
márványozott hússzelet léduabb, ízletesebb



Ausztrália

minél soványabb a hús, annál értékesebb



wikipedia.org



A HŐKEZELÉS SORÁN LEJÁTSZÓDÓ MOLEKULÁRIS VÁLTOZÁSOK

STRUKTURÁLIS VÁLTOZÁSOK

Hőkezelés hatása az aktinra, miozinra, kollagénnre

Kollagén:

71 °C fölött a denaturálódik és zselészerűvé válik.

Az alacsonyabb hőmérsékleti tartományban főzött hús lédús és puha lesz

Miofibrilláris fehérjék:

40-50 °C között az aktin és miozin denaturálódik

66° to 77 °C között a szálak megrövidülnek

77 °C fölött teljesen denaturálódnak, mely segíti a porhanyósság kialakulását

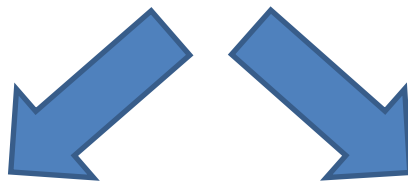


A HŐKEZELÉS SORÁN LEJÁTSZÓDÓ MOLEKULÁRIS VÁLTOZÁSOK

STRUKTURÁLIS VÁLTOZÁSOK

Hőkezelés hatása az aktinra, miozinra, kollagénnre

MIND A KÖTŐSZÖVETI, MIND AZ IZOMFEHÉRJÉK ÁTALAKULÁSÁNAK FOLYAMATA EGYENSÚLYBAN KELL, HOGY LEGYEN!



magas kötőszöveti aránynál lassú, hosszan tartó hőkezelés kell a teljes zselatinizálódáshoz

alacsony kötőszövet-tartalom esetén ideális ha félig sült, így az izomfehérjék nem keményednek meg



A HŐKEZELÉS SORÁN LEJÁTSZÓDÓ MOLEKULÁRIS VÁLTOZÁSOK

AZ EREDETI HÚSSZÍN ÁTALAKUL

A jelenség a mioglobin denaturálódásához kötődik.

Kérődző húsoknál

54 °C maghőmérséklet - mélyvörös

82 °C maghőmérséklet - világos szürke

A molekuláris mechanizmus

**fehérje térszerkezete megváltozik
nem képes az oxigén megkötésére
oximioglobin állapot megszűnik**



A HÚS ÉLVEZETI ÉRTÉKE

Mitől függ, hogy milyen szívesen esszük az adott húst?

A válasz több tényező együttes hatását, eredményét jelenti:

- puhaság, rágósság, lédúság, zamat, illat.....
- a száraz hús gyenge víztartóképeségű
- a márványozott hús nem lesz száraz
- a lédúsabb hús puhábbnak hat (még akkor is, ha a WB érték azonos)
- a zamat és íz jelenlétét vízben oldódó molekulák alakítják
- az illat leginkább szagként, vagyis hibaként jelentkezik



ELLENŐRZŐ KÉRDÉSEK ÉS FELKÉSZÜLÉS

Témakörhöz kapcsolódó kérdések

Mi a hús?

Mi a hús összetétel? Táplálóértéke?

Melyek a hús vízoldható fehérjéi?

Mi befolyásolja a hús színét?

Mit jelent a PSE hús?

Felhasznált és ajánlott irodalom

Barbut S, et al. (2008): Progress in reducing the pale, soft and exudative (PSE) problem in pork and poultry meat. *Meat Science* 79: 46–63.

Encyclopaedia Britannica 2015. <http://www.britannica.com/>

Petracci – Cavani (2012): Muscle growth and poultry meat quality issues. *Nutrients*. 4. 1. 1-12.





DEBRECENI EGYETEM

A CARCASS TULAJDONSÁGOK GENETIKAI HÁTTERE

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014

Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SZÉCHENYI 2020



MAGYARORSZÁG
KORMÁNYA

Európai Unió
Európai Szociális
Alap



BEFEKTETÉS A JÖVŐBE

ELŐADÁS VÁZLATA

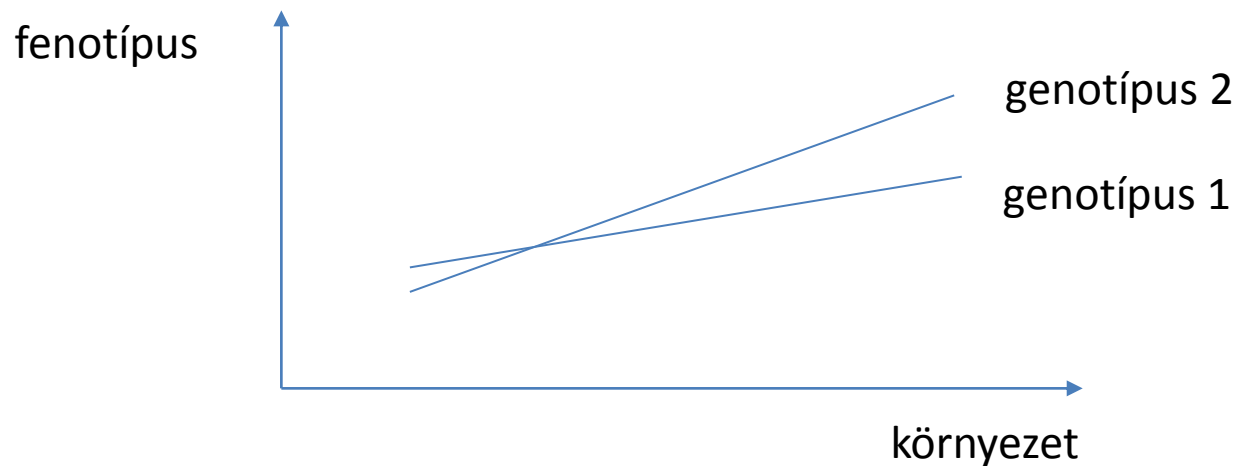
- **A FENOTÍPUS KIALAKULÁSA**
- **A HÚS TULAJDONSÁGAINAK ÖRÖKLŐDHETŐSÉGE**
- **A KARKASZ PARAMÉTEREK ÖRÖKLŐDHETŐSÉGE**
- **GENETIKAI MÓDSZEREK GÉNVÁLTOZATOK DETEKTÁLÁSÁHOZ**
- **JUH KARKASZ MOLEKULÁRIS MARKEREI**
- **SERTÉS KARKASZ MOLEKULÁRIS MARKEREI**
- **SZARVASMARHA KARKASZ MOLEKULÁRIS MARKEREI**



A FENOTÍPUS KÉT TÉNYEZŐ ALAKÍTJA

$$\text{FENOTÍPUS} = \text{GENOTÍPUS} \times \text{KÖRNYEZET}$$

A vizsgált tulajdonságot meghatározza az egyed genetikai háttere és a termelési környezet



GÉNEK BIOLÓGIAI FUNKCIÓJA KÜLÖNBÖZŐ FAJOKBAN

A MENNYISÉGI TULAJDONSÁGOK POLIGÉNESEK

1. Ugyanazon gén ugyanazt a fenotípust eredményezi különböző fajokban.
pl.: duplafarúságot okozó myostatin gén
2. Kevés olyan gén ismert, mely egy adott fenotípusnak markere, kis ill. közepes hatással és ez fajok között is érvényben van.
pl.: PPAR – zsír metabolizmus (több fajban ua. a hatás)
arachidonsav – zsírszövet fejlődése (több fajban ua. a hatás)

Doran et al., 2014

VANNAK GÉNEK/GÉNCSALÁDOK KONZERVÁLT BIOLÓGIAI FUNKCIÓVAL!



A HÚS TULAJDONSÁGAINAK ÖRÖKLŐDHETŐSÉGE (JUH)

minőségi tulajdonság	öröklődhetőség (h ²)
Nyíróerő (kg) 1 napos érlelés	0,27
Nyíróerő (kg) 5 napos érlelés	0,38
pH 24 órával a vágás után	0,18-0,27
Szín - "L" érték (lightness)	0,14-0,45
Szín – "a" érték (redness)	0,02 – merinó
Szín – "a" érték (redness)	0,45 – Scottish Blackface
Metmyoglobin/oxymyoglobin (barnaság indikátora)	0,40
Vas (friss húsbán)	0,12
Cink (friss húsbán)	0,21

Hopkins et al., 2011



A HÚS TULAJDONSÁGAINAK ÖRÖKLŐDHEŐSÉGE (JUH)

minőségi tulajdonság	öröklődhetőség (h2)
Porhanyósság	0,15
Ízletesség	0,11
Általános kedveltség	0,22
Intramuszkuláris zsír	0,32-0,39
Zsírsvösszetétel - EPA	0,18-0,29
Zsírsvösszetétel - DHA	0,16-0,25

Hopkins et al., 2011



CARCASS TULAJDONSÁGOK ÉS ÖRÖKLŐDHEŐSÉG, GENETIKAI, FENOTÍPUSOS KORRELÁCIÓ

Magas genetikai korreláció (SNP alapú) esetén a tulajdonságoknak több közös, azonos irányba ható SNP-jük van.

	szíhús term.	hátfaggyú	carcass súly	rostélyos terület	márványozottság	porhanyósság
szíhús term.	0.44 ± 0.02	0.65 ± 0.06	0.09 ± 0.08	-0.18 ± 0.09	0.66 ± 0.06	0.04 ± 0.07
hátfaggyú	0.65 ± 0.03	0.35 ± 0.04	0.42 ± 0.08	0.46 ± 0.09	0.43 ± 0.08	0.04 ± 0.07
carcass súly	0.16 ± 0.04	0.28 ± 0.03	0.27 ± 0.05	0.89 ± 0.02	-0.16 ± 0.10	0.21 ± 0.07
rostélyos terület	-0.67 ± 0.03	-0.08 ± 0.03	0.55 ± 0.03	0.37 ± 0.03	-0.28 ± 0.10	0.15 ± 0.07
márványozottság	0.24 ± 0.04	0.42 ± 0.03	-0.25 ± 0.04	-0.21 ± 0.04	0.62 ± 0.09	-0.17 ± 0.09
porhanyósság	-0.06 ± 0.04	-0.04 ± 0.03	0.18 ± 0.04	0.15 ± 0.04	-0.25 ± 0.04	0.31 ± 0.08

Lu et al., 2013

Öröklődhetőség: átlósan
 Genetikai korreláció: átló felett
 Fenotípusos korreláció: átló alatt



www.ansi.okstate.edu



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
 Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
 egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

A GENETIKA MÓDOSÍTA A GYAKORLATBAN

- Keresztezés
- Közvetlen szelekció az adott tulajdonságra (fenotípus alapján)
- DNS vizsgálatok alapján:
 - Marker asszisztált szelekció
 - QTL
 - Nagyhatású génekre genotipizálni



GENETIKAI MÓDSZEREK MARKEREK DETEKTÁLÁSÁHOZ

- DNS szekvenálás
- Mikroszatellit analízis (PCR + kapilláris elektroforézis)
- PCR RFLP – restriction fragment length polymorphism
- PCR SSCP – single strand conformation polymorphism
- PCR HA – heteroduplex analyses
- PCR DGGE – denaturing gradient gelelectrophoresis
- PCR TTGE – temporal temperature gradient gelelectrophoresis
- PCR TGGE – temperature gradient gelelectrophoresis
- Tetraprimer PCR



GENETIKAI MÓDSZEREK MARKEREK DETEKTÁLÁSÁHOZ

GWAS – genome wide association studies

Szarvasmarha SNP panelek:

7K SNP chip (Illumina 6909 SNP)

10K SNP chip (Affymetrix 11932 SNP)

50K SNP chip (Illumina Bead chip 54001 SNP version 1)

50K SNP chip (Illumina Bead chip 54609 SNP version 2)

800K SNP chip (Illumina HD chip 777963 SNP)



JUH CARCASS – CALLIPYGE GÉN



kallos - csinos
pyge - fenék



callipyge

normál



Aphrodité Kallipygos
Hellén szobor Kr.e. 150-100

Képek: mlahanas.de

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

JUH CARCASS – CALLIPYGE GÉN

A callipyge gén nagyhatású gén: számos gén által befolyásolt mennyiségi tulajdonságra gyakorol szignifikáns hatást.

Manifesztálódása:

- izomhipertrófia a hátulsó negyednél
- leginkább érintett izom a m. longissimus
- jobb vágási kihozatal
- alacsonyabb faggyúzottság



Heterozigóta egyedeknél
amennyiben az apától örökölték
anyai öröklésnél nem jelenik meg

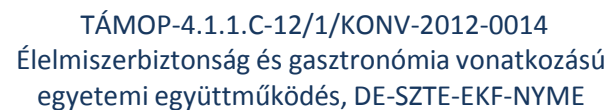
POLÁRIS OVERDOMINANCIA



Lokalizáció:

DLK1-GTL2 régiók között (4,6 cM táv)

A és D variáns blastolva



JUH CARCASS – CALLIPYGE GÉN

.....és egyéb tulajdonságok, melyekre negatív hatást gyakorol:

- Nagyobb nyíróerő
- Csökkent miofibrilláris fragmentációs index (gyengébb post mortem proteolízis)
- Szarkomerek struktúrális bomlása gyengébb
- Emelkedett arány a glikolitikus izomrostok esetében
- Intramuszkuláris zsírtartalom csökken
- Rágósabb, kisebb élvezeti értékű hús



A pozitív és a kedvezőtlen hatás is lokális!



az eltérések a hosszú hátizomban jelentkeznek, ugyanott ahol
a génmutáció izomhipertrófiát okoz.



JUH CARCASS - CARWELL

Elnevezés: Carwell ausztrál dorset állomány, ahol a fenotípus jelentkezett

Fenotípusos változás:

hosszú hátizom keresztmetszete megnő 8-10%-al
kosok súlygyarapodása kedvezőbb



HATÁSA
GYENGÉBB, MINT
A CALLIPYGENEK



Kedvezőtlen hatás:

az érintett hús rágósabb, a fogyasztó által kevésbé kedvelt
(megfelelő érleléssel ellensúlyozható)

Lokalizáció: 18. kromoszóma, callipyge régió



JUH CARCASS – TEXEL IZMOLTSÁG

Elnevezés: QTL-t azonosítottak texel állományban

Fenotípusos változás:

hosszú hátizom keresztmetszete megnő $<10\%$ -al
kosoknál jelentkezik, jerkéknél nem
más izomszövetet nem érint



HATÁSA
GYENGÉBB, MINT
A CALLIPYGENEK



Kedvezőtlen hatás:

csökkent intramuszkuláris zsír, megnőtt nyíróerő
(*rágósság 9 napos érleléssel ellensúlyozható*)



Lokalizáció: 18. kromoszóma, callipyge régió

JUH CARCASS - MYOSTATIN

myostatin: növekedési differenciációs factor 8

Hordozóknál jelentkező hatások:

- Izmoltság
- Faggyúdeponálás
- Több glikolitikus izomrost
- Érzékszervi tulajdonságok romlanak

MyoMAX®

marker teszt kereskedelmi forgalomban

Lokalizáció: 2. kromoszóma



SERTÉS HÚSMINŐSÉG MARKEREK TRANSZKRIPTOM SZEKVENÁLÁSSAL

CW = **carcass súly**

BFT = hátszalonna vastagság

CIE L = hússzín, világos/sötét

CIE a = hússzín, vörös

CIE b = hússzín, sárga

CL = főzési veszteség

DL = csepegési veszteség

Pro = fehérje%

Fat = zsír%

Coll = kollagén%

Moi = nedvességtart.

SF = nyíróerő

WHC = víztartóképeség

pH 24 hr = vágás utáni pH

(24 óra)

pH 45 min = vágás utáni pH

(45 perc)

^b SNV location	^a Meat quality traits														
	CW	BFT	Meat color			CL	DL	Chemical composition				SF	WHC	Postmortem pH	
			CIE L	CIE a	CIE b			Pro	Fat	Coll	Moi			24 hr	45 min
ch9:70258855	○		△			△						△		○	
ch15:34951693						△									
ch10:13969569							○	△						△	
ch7:61651548			△				○						○	△	
ch7:2302809											△			△	
ch16:21885422	△		△					△		○	△			△	
ch13:22924695		△				○									△
ch13:59221591								△							
ch2:13972118					△						△				
ch2:108676311			△	○						△					
ch5:3026394							△					△	△		
ch5:3026507							△	△	△						
ch7:22112616		○			○		○					△	○	○	
ch4:99943976		△								△					
ch16:69410557			△		△	○									

Jung et al., (2012)

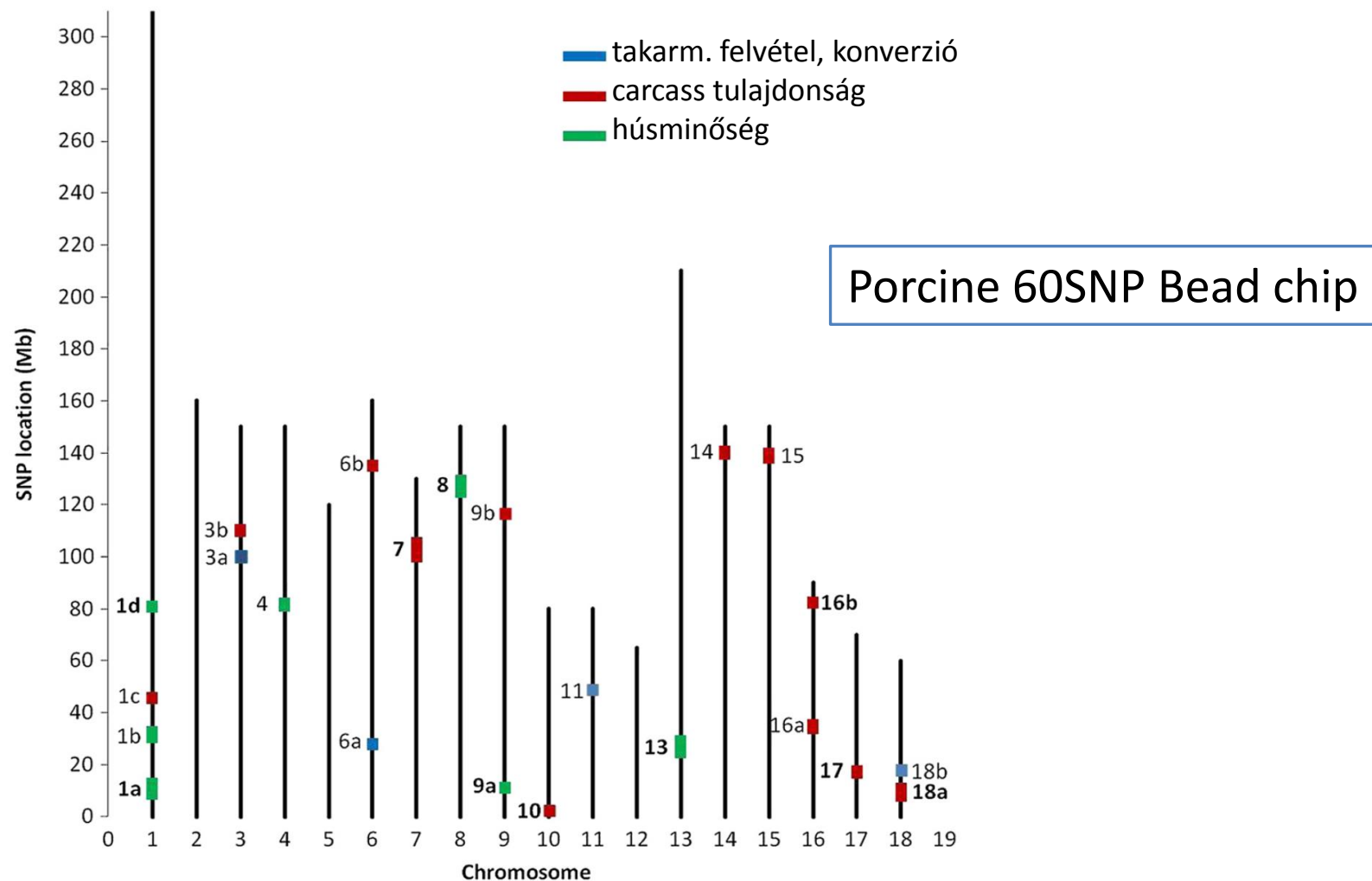


wikipedia.org

○ $P < 0.01$
△ $P < 0.05$

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

VÁGOTT TEST ÉS HÚSMINŐSÉG SNP-K LOKALIZÁCIÓJA A KROMOSZÓMÁKON



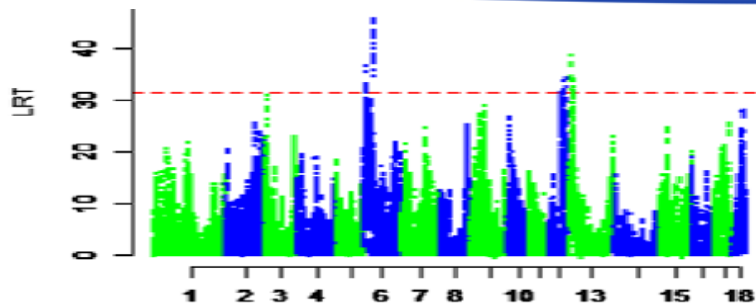
Sanchez et al., 2014

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

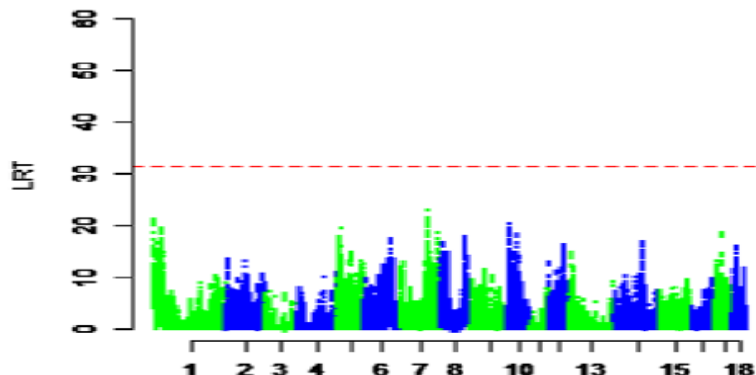


SERTÉS CARCASS TULAJDONSÁGOK VIZSGÁLATA “60 000 SNP” RENDSZERREL

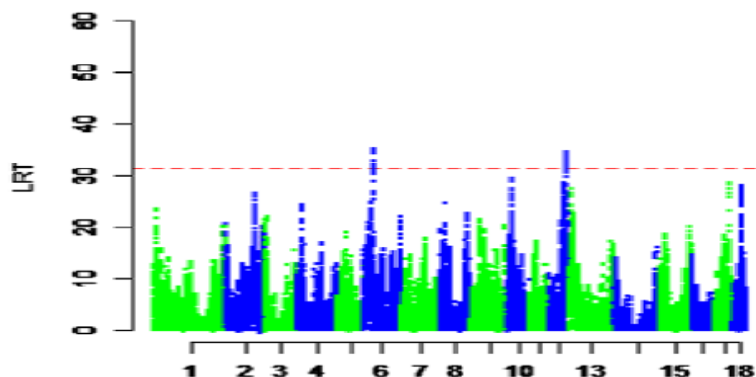
Rothammer et al., 2014



csont ásványianyag tartalom (g)



csont ásványianyag %

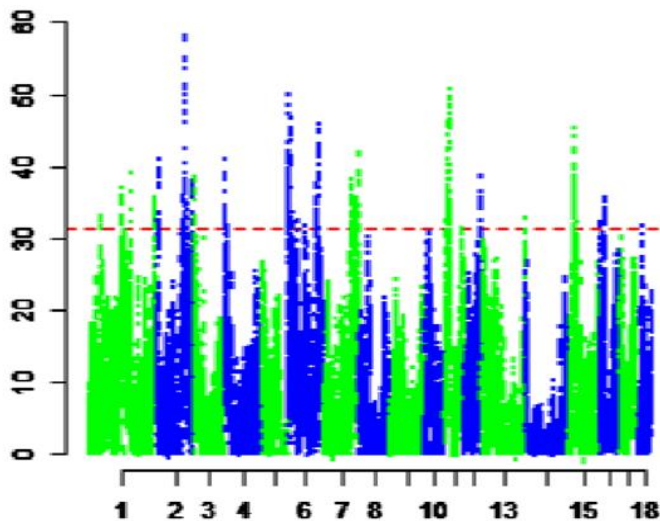


csont ásványianyag sűrűség (g/cm²)

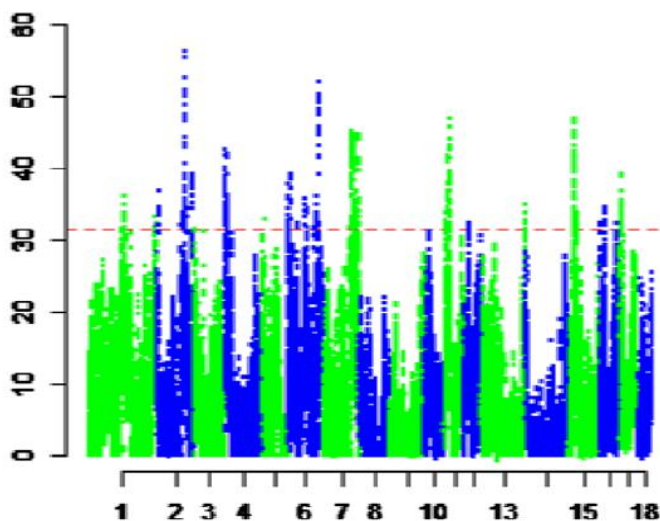
TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SERTÉS CARCASS TULAJDONSÁGOK VIZSGÁLATA “60 000 SNP” RENDSZERREL

Rothammer et al., 2014



zsírtömeg (g)

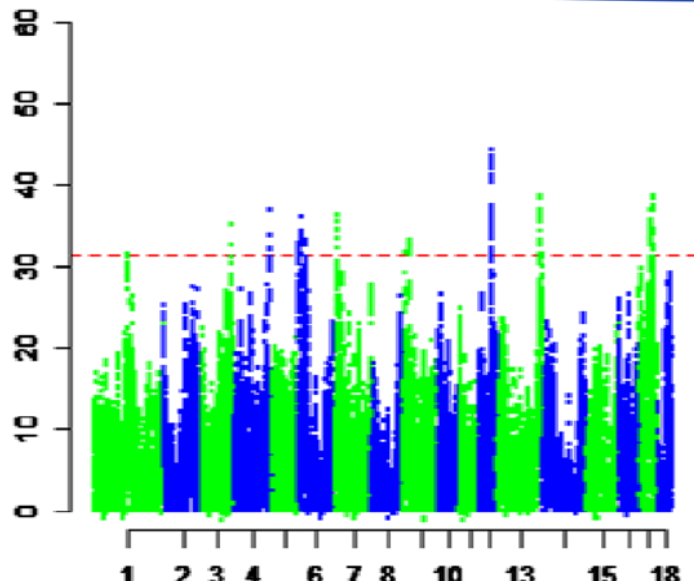


zsír %

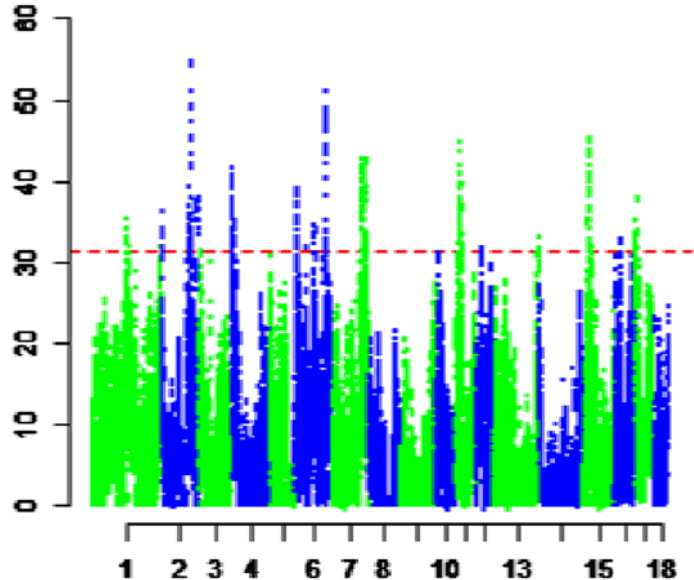
TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SERTÉS CARCASS TULAJDONSÁGOK VIZSGÁLATA “60 000 SNP” RENDSZERREL

Rothammer et al., 2014



színhúsmennyiség



színhús %

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SERTÉS CARCASS TULAJDONSÁGOK VIZSGÁLATA “60 000 SNP” RENDSZERREL

Chr	BMC	BMD	Fat	FatPC	Lean	LeanPC	Weight
1	-	-	5	5	1	3	2
2	-	-	6	6	-	5	3
3	-	-	1	1	2	-	4
4	-	-	3	3	1	3	-
5	-	-	-	1	-	-	-
6	3	1	5	5	3	5	4
7	-	-	5	6	1	4	1
8	-	-	-	-	-	-	-
9	-	-	-	-	2	-	-
10	-	-	-	-	-	-	1
11	-	-	5	4	-	3	-
12	3	1	1	1	1	1	2
13	2	-	1	1	1	1	2
14	-	-	-	-	-	-	-
15	-	-	3	3	-	4	-
16	-	-	2	3	-	1	-
17	-	-	-	2	3	2	-
18	-	-	1	-	-	-	1
Total	8	2	38	41	15	32	20

A tulajdonsággal szignifikáns összefüggések száma az adott kromoszómán

Chr = kromoszóma

BMC = csont ásványianyag tartalom

BMD = csont ásványianyag sűrűség

Fat = zsírmennyiség

FatPC = zsír%

Lean = színhúsmennyiség

LeanPC = színhús %

Weight = elősúly



A LEGERŐSEBB KANDIDÁNS

Rothammer et al., 2014

tulajdonság	kromoszóma	csúcs	Mb	kandidáns gén
Fat	2	133 237 232	5.52	ZNF608
FatPC	2	133 237 232	5.52	ZNF608
LeanPC	2	133 237 232	5.52	ZNF608
Weight	6	8 723 052	1.92	(WWOX)
BMC	6	37 403 520	0.78	- (TSHZ3)
BMD	6	37 403 520	0.78	- (TSHZ3)
Lean	12	42 949 544	4.34	chemokines, NF1



Fat = zsírmennyiség

FatPC = zsír%

LeanPC = színhús %

Weight = elősúly

BMC = csont ásványianyag tart.

BMD = csont ásványianyag sűr.

Lean = színhúsmennyiség



SERTÉS CARCASS – ZNF608

ZNF608: zink finger protein 608

- Emberben összefügg a testtömegindex értékével
- Homológja drosophilában szerepet játszik a táplálék-keresésben
- Minden szövetben expressziót mutat
- Sertésben: 2. kromoszómán
- Szarvasmarhában: 7. kromoszómán



A HELY PREDESZTINÁLHATÓ?

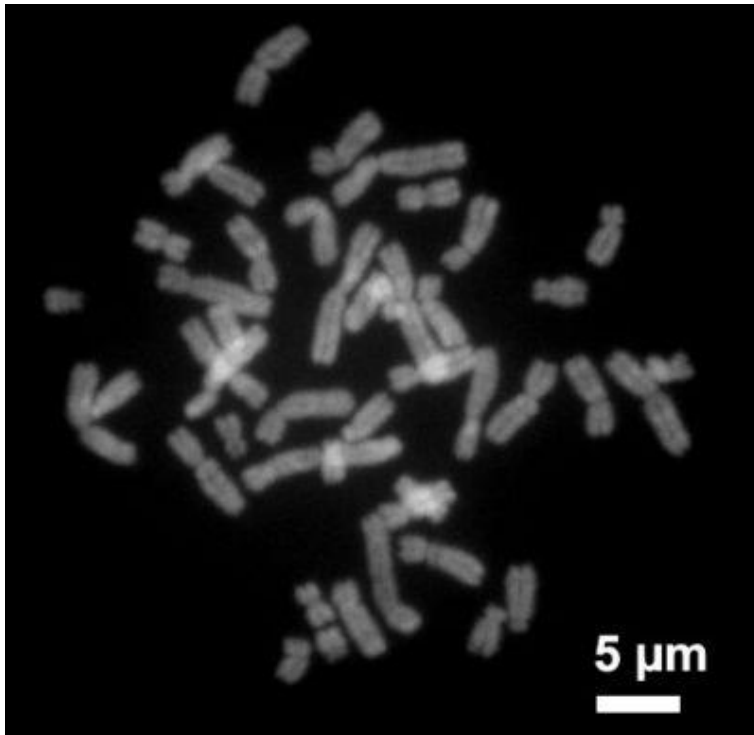
EGY ADOTT TULAJDONSÁG MEGHATÁROZÓ GÉNJE BÁRHOL LEHET?

....bármelyik kromoszómán?

....bármelyik régióban?



A HELY PREDESZTINÁLHATÓ?



wikipedia.org

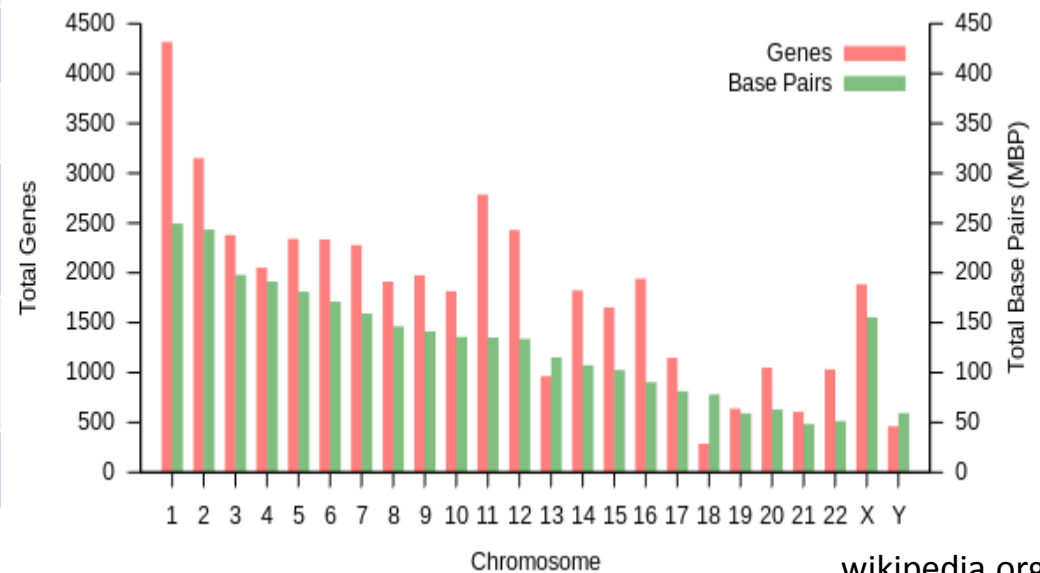
Bizonyos esetekben igen,
de legtöbbször nem.



KROMOSZÓMASZÁM ÉS A GÉNEK ELOSZTLÁSA

Faj	Kromoszómaszám
Juh	54
Szarvasmarha	60
Ló	64
Szamár	62
Sertés	38
Nyúl	44
Galamb	18 + 59-63 microchromos.
Házityúk	8 +2 ivari intermediate chr.
Ember	46

Gének és DNS hossz a kromoszómán

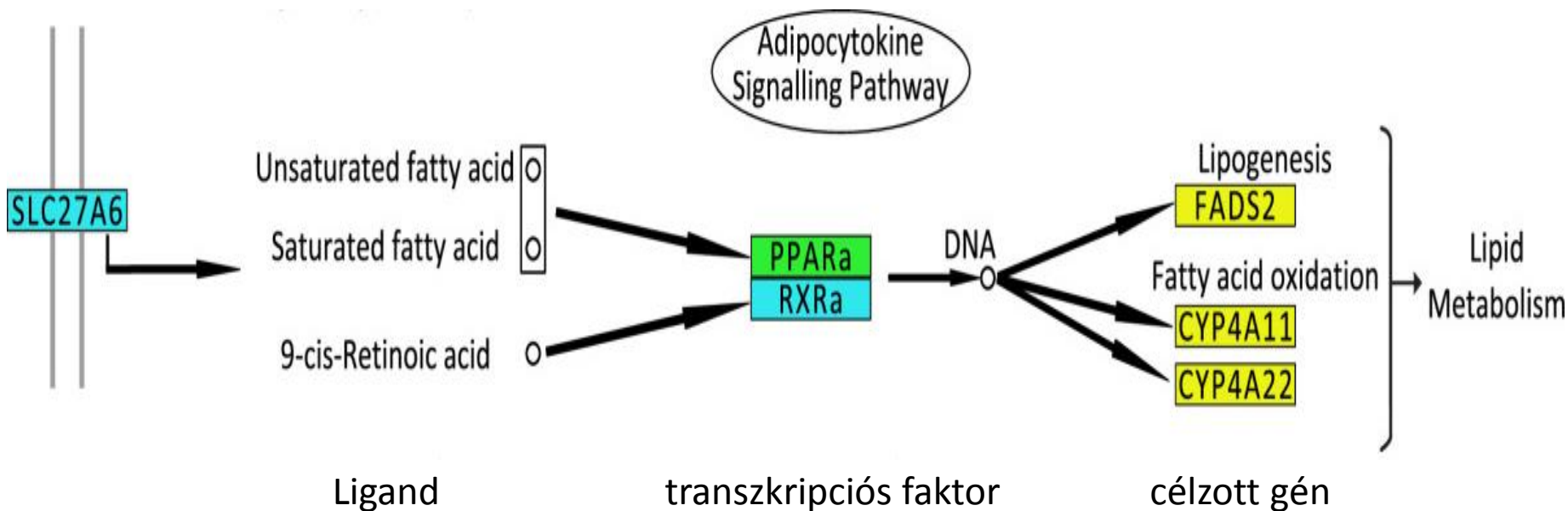


wikipedia.org



PPAR SZIGNALLING ÚTVONAL ÉS A VÁGOTT TEST MINŐSÉGE

PPAR: Peroxiszóma proliferator-aktivált receptor



Doran et al., 2014



Kék szín: carcass konformáció

Zöld szín: carcass súly

Sárga szín: carcass zsír

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

PPAR GÉN SZEREPE, ÚTVONAL JELENTŐSÉGE

A PPAR-ok olyan transzkripciós faktorok, melyek szerepe meghatározó a :

- Zsírszövet fejlődésének szabályozásában
- Lipogenezisben
- Vázizom lipid metabolizmusban
- Zsírsavkötő fehérjék expressziójában
- Energia homeosztázisban



FOSZFATIDIL-INOZITOLOK SZEREPE, ÚTVONAL JELENTŐSÉGE

- Sejten belüli fehérje-relokalizáció
- Sejtnövekedés
- Proliferáció

Az útvonalak a környezeti hatásokra indulnak be:

- Takarmány
- Környezeti stressz

Fenotípusos paramétereknél igazolt hatás:

- Carcass súly
- Carcass faggyú
- Carcass konformáció



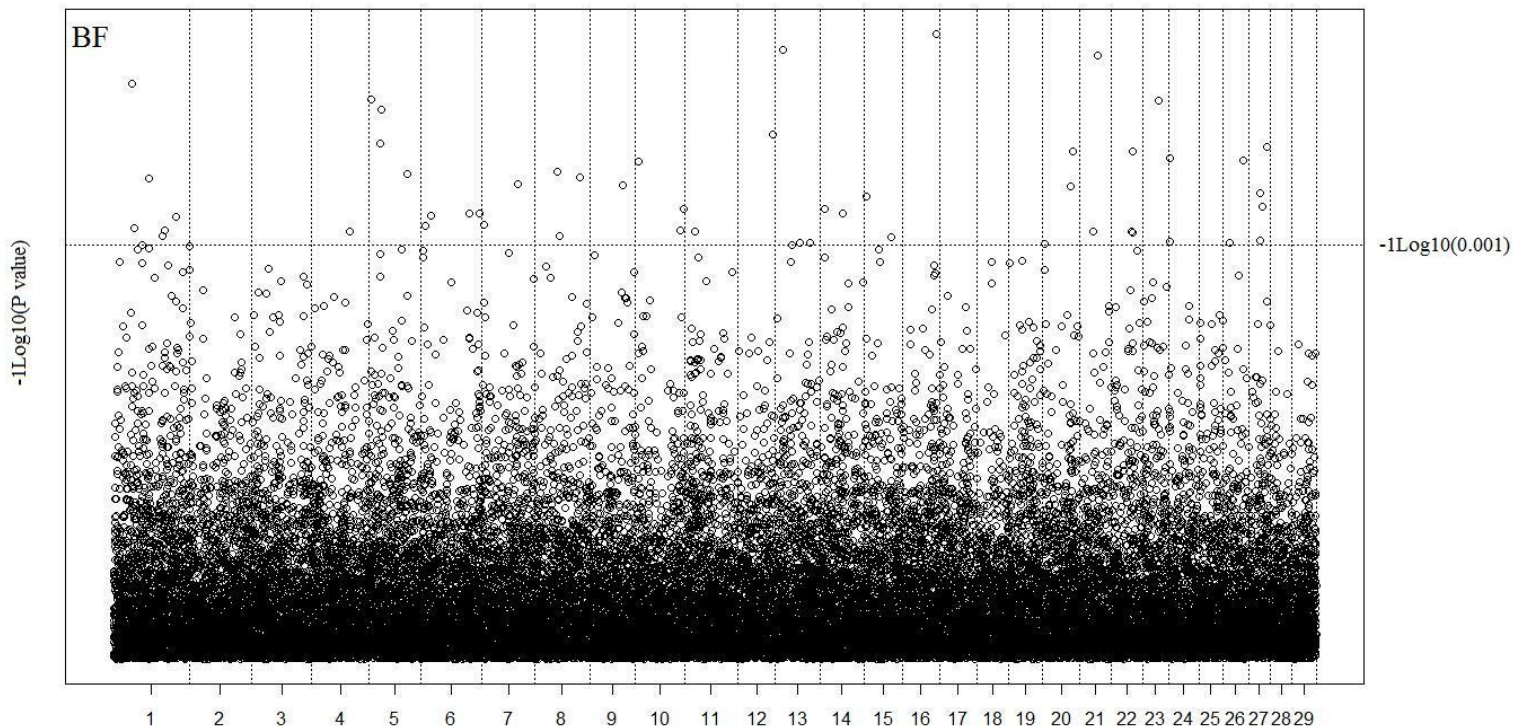
A MARHA HÁTFAGGYÚVASTAGSÁGÁT MEGHATÁROZÓ SNP-K



www.ansi.okstate.edu

50K SNP chip

szignifikancia erőssége



kromoszómális lokalizáció

Lu et al. (2013)

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



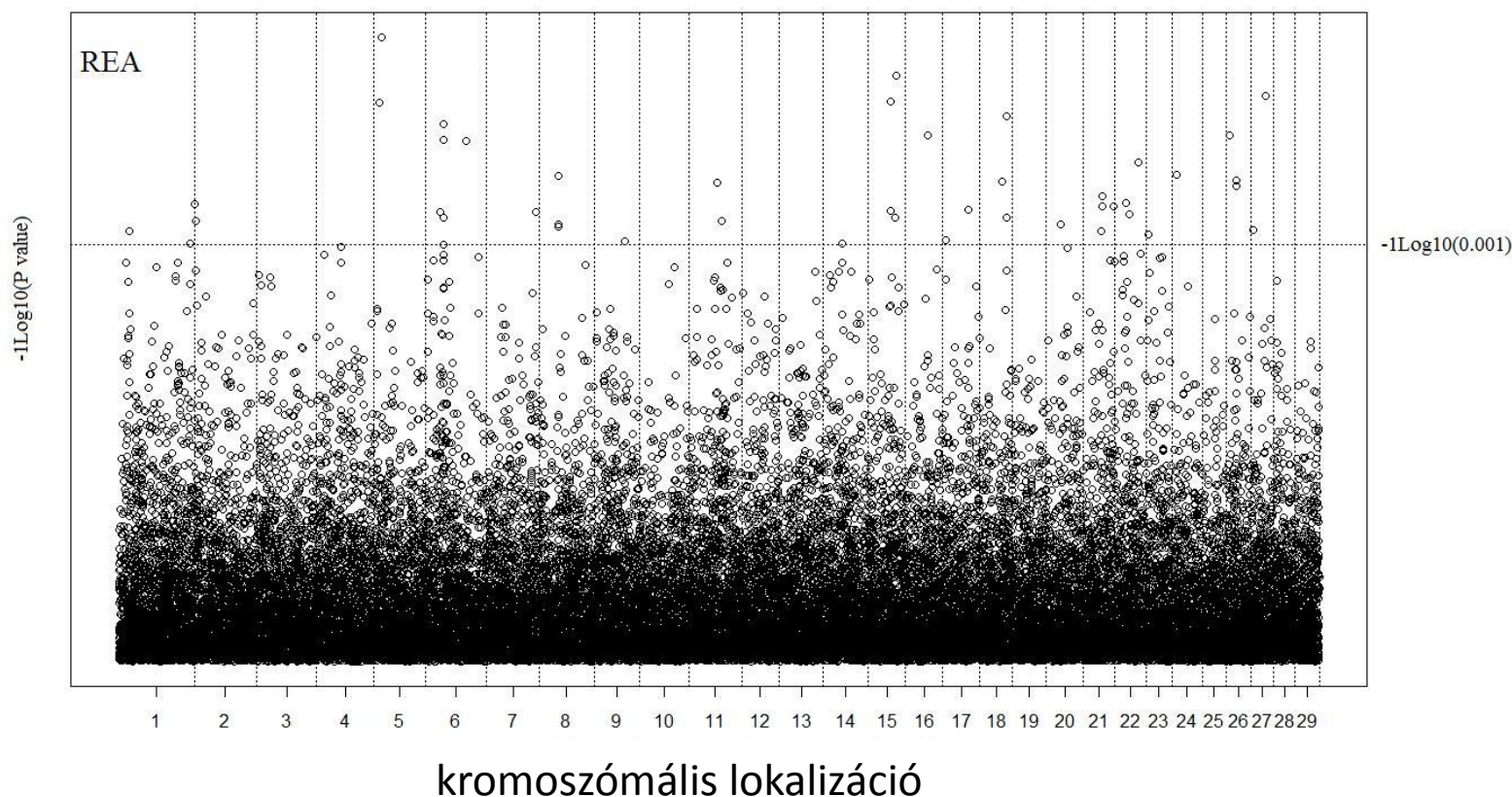
A MARHA ROSTÉLYOSÁNAK KERESZT-METSZETÉT MEGHATÁROZÓ SNP-K



www.ansi.okstate.edu

50K SNP chip

szignifikancia erőssége



Lu et al. (2013)

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

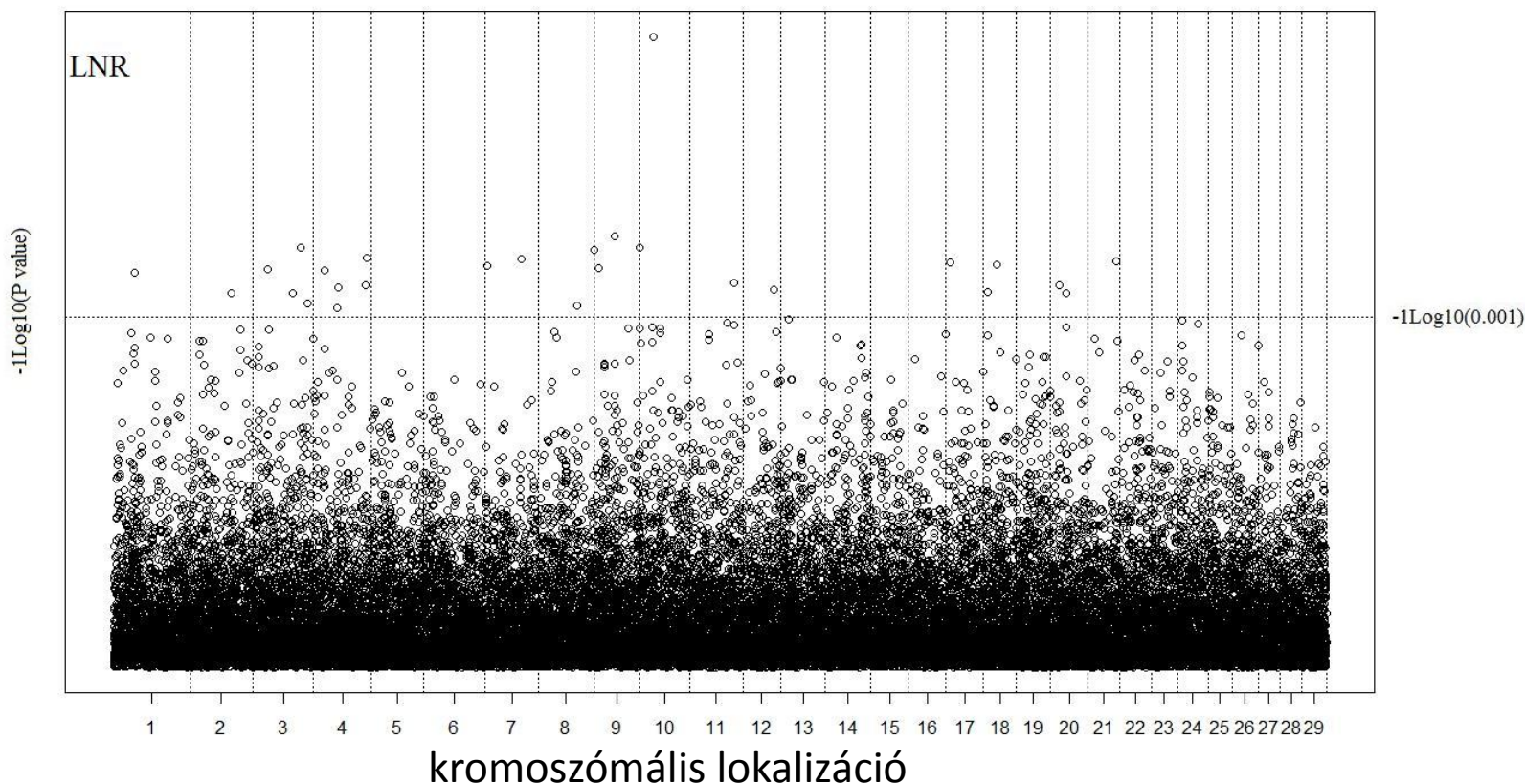
A MARHA SZÍNHÚSARÁNYÁT MEGHATÁROZÓ SNP-K



www.ansi.okstate.edu

50K SNP chip

szignifikancia erőssége



Lu et al. (2013)

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

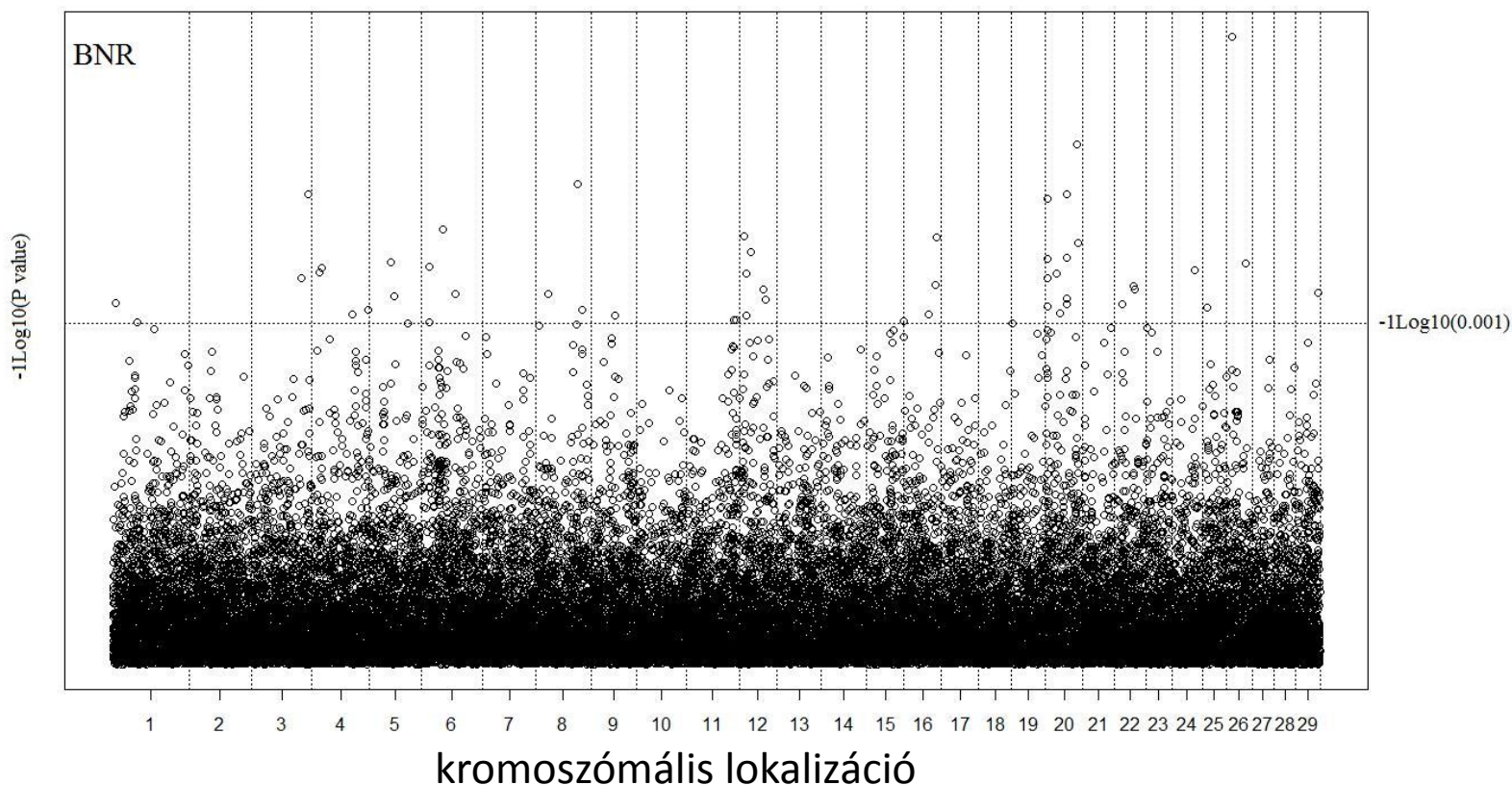
A MARHA CSONTARÁNYÁT MEGHATÁROZÓ SNP-K



www.ansi.okstate.edu

50K SNP chip

szignifikancia erőssége



Lu et al. (2013)

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

ELLENŐRZŐ KÉRDÉSEK

Témakörhöz kapcsolódó kérdések

A GÉNEK HATÁSA UNIFORM?

HOGYAN ÖRÖKLŐDIK A HÚS RÁGÓSSÁGA?

MI A GWAS?

MI A CALLIPYGE? MI A SZEREPE?

MI A SOKGÉNES SNP RENDSZEREK ELŐNYE?

MI A ZNF608?

MI A PPAR GÉN SZEREPE?



Felhasznált és ajánlott irodalom

- Hopkins et al. (2011): Genetic related effects on sheep meat quality. Small Ruminant Research. 101. 160-172.
- Sanchez et al. (2014): A genome wide association study of production traits in a commercial population of Large white pigs: evidence of haplotypes affecting meat quality. Genetics Selection Evolution. 46. 12.
- Rothammer et al. (2014): Genome-wide QTL mapping of nine body composition and bone mineral density traits in pigs. Genetics Selection Evolution. 46. 68.
- Doran et al. (2014): Whole genome association study identifies regions of the bovine genome and biological pathways involved in carcass trait performance in Holstein-Friesian cattle. BMC Genomics. 15. 837.
- Lu et al. (2013): Genome-wide association analyses for carcass quality in crossbred beef cattle. BMC Genetics. 14. 80.
- Jung et al. (2012): RNA-Seq Approach for Genetic Improvement of Meat Quality in Pig and Evolutionary Insight into the Substrate Specificity of Animal Carbonyl Reductases. PLoS ONE 7(9): e42198.





DEBRECENI EGYETEM

A HÚS PORHANYÓSSÁGA ÉS A KAPCSOLÓDÓ TULAJDONSÁGOK MARKEREI

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014

Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SZÉCHENYI 2020



MAGYARORSZÁG
KORMÁNYA

Európai Unió
Európai Szociális
Alap



BEFEKTETÉS A JÖVŐBE

ELŐADÁS VÁZLATA

- **A PORHANYÓSSÁG, MINT MEGHATÁROZÓ MINŐSÉGI FAKTOR**
- **SERTÉSHÚS PORHANYÓSSÁGÁNAK VIZSGÁLATA MICROARRAY-EL**
- **ZSÍRTULAJDONSÁGOK ÉS PORHANYÓSSÁG**
- **MARHAHÚS PORHANYÓSSÁGÁNAK SNP-I**
- **AZ ANKYRIN1 GÉN FUNKCIÓJA, SZEREPE**



PORHANYÓSSÁG

.....a legmeghatározóbb faktor az ízletességet, élvezeti értéket és felhasználhatóságot tekintve.



A HÚS PORHANYÓSSÁGA

A hús porhanyósságát **genetikai és környezeti tényezők** határozzák meg.



azok a gének vannak legerősebb hatással, melyek meghatározzák a *post mortem* proteolízis folyamataiban....
.....azaz az izomszövet fehérjéinek degradációjában

A friss hús porhanyóssága is eltér egyedek és fajták között, azonos környezeti körülmények esetén is.



SERTÉSHÚS PORHANYÓSSÁGÁNAK FAKTORAI

MICROARRAY

NAGY FEHÉR X LANDRACE / NAGY FEHÉR SERTÉSEK

1. csoport: rágós hús 57 N nyíróerő
2. csoport: porhanyós hús 35 N nyíróerő

vastag: emelkedett expr.
dőlt: csökkent expr.

PRKAR2A, HERPUD1, RPL9, KIAA0368, RPS7, RPL12, UBE2B, PABPC4, RPLP2, RPL19, RPL32, FXR1, RPS25, UBA52, UBE2D3, SQSTM1, CTNNB1, MT-RNR1, USP25, EIF4B, NCKAP1, CAPN3 TPM1, FHL1, HIST2H2BE (includes others), GAPDH, RDX, SH3GLB1, TTN, USO1, HSPA8, RB1, GPI, UBE2B, SCP2, NEB, CTNNB1, CDH13, EIF4B, NCKAP1, CAPN3, BOD1, GNPAT, SQSTM1 TPM1, FHL1, TRDN, PGM1, GAPDH, HERPUD1, TMBIM6, TTN, USO1, RB1, GPI, ERP44, UBE2B, NEB, CTNNB1, CAPN3

DEK, TPM1, RB1, GPI, UBE2B, PMF1, RB1CC1, DDX3X, UBE2D3, CTNNB1, CDH13, BOD1 GPI, CS, SCP2, GYG1, PGM1, GAPDH, PPP1CB, SH3GLB1, TPI1, CTNNB1, PHKA1 GPI, UBE2B, GNPAT, RDX, CTNNB1, CDH13

HIPK3, PRKAR2A, PPP1CB, SH3GLB1, HERPUD1, TTN, MSRB3, HSPA8, ERP44, UBE2B, PCMT1, RB1CC1, UBE2D3, UBA52, SQSTM1, ADPRH, USP25

KIAA0368, UBE2B, HERPUD1, UBE2D3, SQSTM1, USP25, CAPN3

TPM1, CACNA1S, KLF10, DDX3X, TOB1, TTN, BPGM, RB1, GPI, UBE2D3, MBNL1, CTNNB1, CDH13, NCKAP1, EIF4B



SERTÉSHÚS PORHANYÓSSÁGÁNAK FAKTORAI

MICROARRAY

NAGY FEHÉR X LANDRACE / NAGY FEHÉR SERTÉSEK

Expressziós változás által érintett útvonalak (gének szerepe):

Metabolikus útvonal:

- glikolízis/glükoneogenezis
- glioxilát és dikarboxilát metabolizmus
- Citrát ciklus
- Pentóz foszfát útvonal
- Inozitol metabolizmus
- Glicerofszfolipid metabolizmus



SERTÉSHÚS PORHANYÓSSÁGÁNAK FAKTORAI

MICROARRAY

NAGY FEHÉR X LANDRACE / NAGY FEHÉR SERTÉSEK

Expressziós változás által érintett útvonalak (gének szerepe):

Szignalling útvonal:

- Aktin citoszkeleton szignalling
- Fehérje ubikináció
- Kalcium szignalling
- RhoA szignalling
- Aktin alapú motilitás szabályozása



SERTÉSHÚS PORHANYÓSSÁGÁNAK FAKTORAI

MICROARRAY

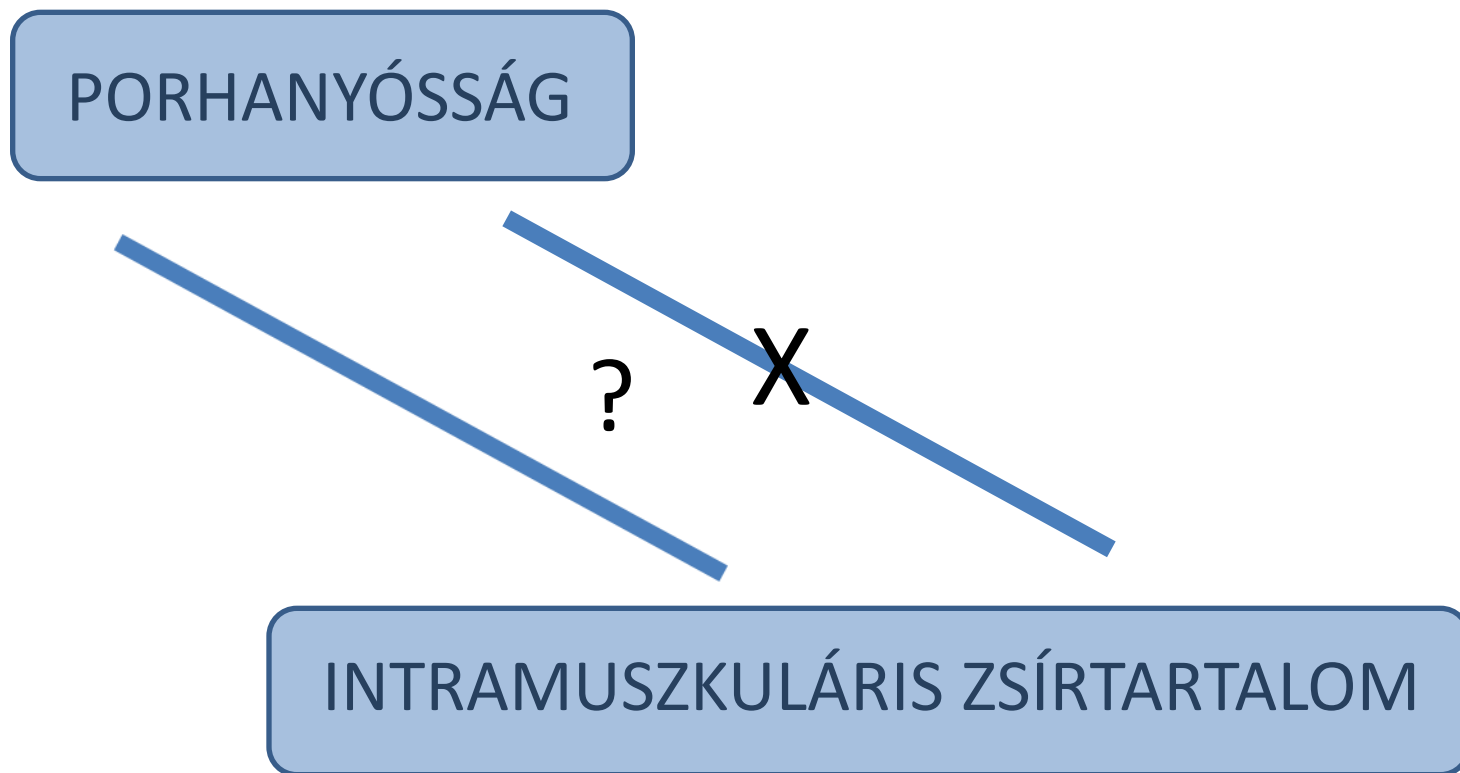
NAGY FEHÉR X LANDRACE / NAGY FEHÉR SERTÉSEK

Expressziós változást mutata géneknek a sejtfunkcióban betöltött szerepük:

- Fehérjeszintézis
- Sejten belüli szerveződés
- Sejtfunkció és fenntartás
- Sejtciklus
- Szénhidrát metabolizmus
- Sejtek közötti interakció
- Poszttranszlációs módosítások
- Fehérje degradáció



SERTÉSHÚS PORHANYÓSSÁGÁNAK FAKTORAI



Az intramuszkuláris zsír% jelentősége vita tárgyát képezi a porhanyósság tekintetében.



SERTÉSHÚS PORHANYÓSSÁGÁT BEFOLYÁSOLHATJA AZ IMF

PORHANYÓSSÁG

9%-ban magyarázza a varianciát

INTRAMUSZKULÁRIS ZSÍRTARTALOM



INTRAMUSZKULÁRIS ZSÍR% ÉS PORHANYÓSSÁG KÖZÖS GÉNEXPRESSZIÓS MARKEREI

Nem volt összefüggés a sertéshús intramuszkuláris zsír% és porhanyósság között!

.....de.....

egyes gének szerepet játszanak mindkét tulajdonság kialakulásában:

Egyirányú expressziós változás:

- A-FABP
- Lipid oxidációs gének

Ellentétes expressziós változás:

- Ubikitin konjugáló enzim
- Peptidáz
- Proteaszóma alegység gén



SNP-K, MELYEK HATNAK A FAGGYÚVASTAGSÁGRA ÉS A PORHANYÓSSÁGRA



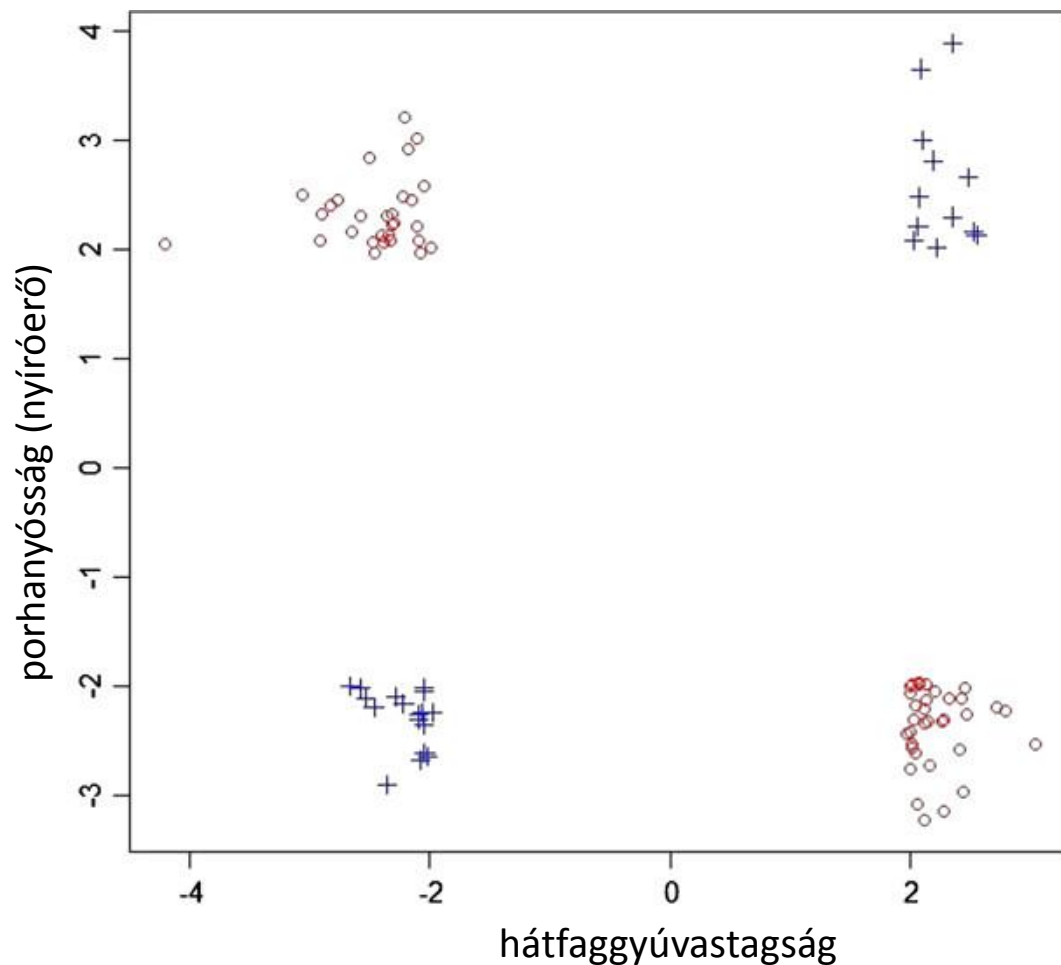
www.ansi.okstate.edu

50K SNP chip, szarvasmarha:

- 29 SNP mindkét tulajdonságnál azonos irányba hat (kék kereszt)
- 63 SNP egyik tulajdonságra kedvezően, másokra kedvezőtlenül (vörös kör)



Lu et al., 2013



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

MARHAHÚS PORHANYÓSSÁG ÉS A SZELEKCIÓ



www.ansi.okstate.edu

Számos tulajdonság mérhető élő állaton.

- Felvételezés
- Képalkotó eljárások (ultrahang)

Legfontosabb limitáló tényezők:

Márványozottság – becsülhető

Porhanyósság – semmilyen információnk nincs

*Levágás után információ
a tenyészállatról?*



Szelekciós programokban a genetikai markerek ma már 30%-al pontosabbak lehetnek, mint a szülői átlagos tenyészérték (eddig rendszer)

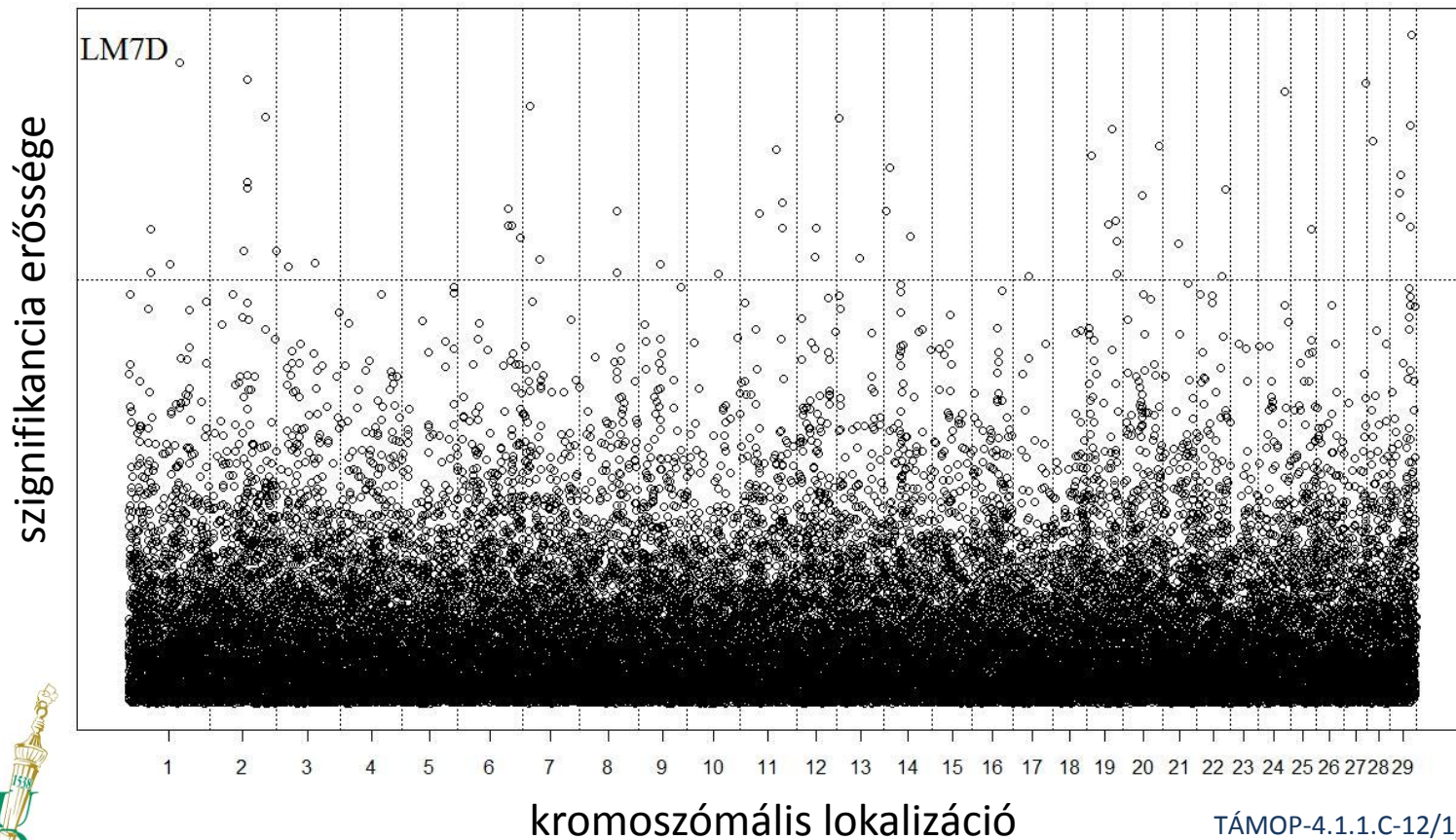


A MARHAHÚS PORHANYÓSSÁGÁT (NYÍRÓERŐ) MEGHATÁROZÓ SNP-K



www.ansi.okstate.edu

50K SNP chip



Lu et al. (2013)

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

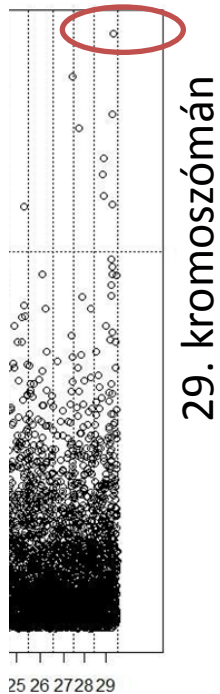


A MARHAHÚS PORHANYÓSSÁGÁT (NYÍRÓERŐ) MEGHATÁROZÓ RÉGIÓ (GÉN)



www.ansi.okstate.edu

calpain



A két legerősebb marker:

- 1) Calpain - 4% mértékben magyarázzák a
- 2) BTA 60019 a 25. kromoszómán - 3% nyíróerő változatosságát

G allél következménye:

- Warner-Bratzler nyíróerő megnövekedik
- napi súlygyarapodás intenzívebb

**Szelekciós
cél?**

Lu et al. (2013)



Lu et al. (2013)

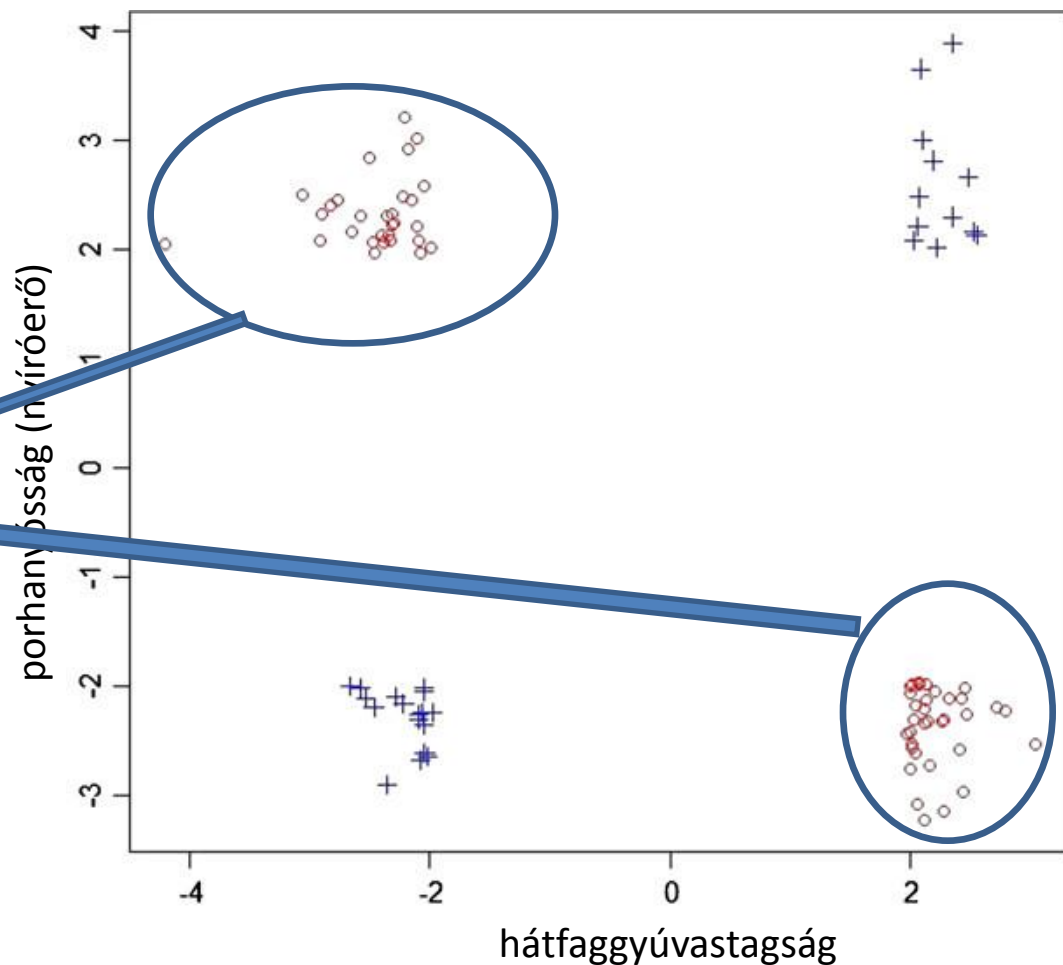
TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SNP-K, MELYEK HATNAK A FAGGYÚVASTAGSÁGRA ÉS A PORHANYÓSSÁGRA

Lu et al., 2013

Ezek szelekcióban problémás markerek:

- ellentétes hatás
- több tulajdonságra hat
- aszimmetrikus korreláció
- nem elegendő a tulajdonságok eltérő súlyozása



AZ ANKYRIN1 GÉN FUNKCIÓJA

Lokalizáció: BTA27

Ankyrin fehérje membránkötő doménje



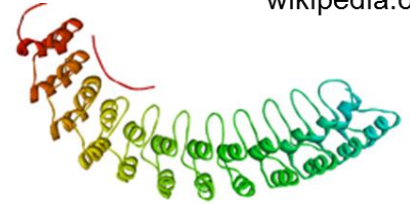
wikipedia.org

- A citoszkeleton strukturális fehérjéje
- Kapcsolat a miofibrillumok, szarkolemma és szarkoplazmatikus retikulum között
- A calpain targetje, ami a post mortem proteolízisben játszik szerepet
- Alapvetően érzékeny a proteolízisre
- Proteolízise a sejtingegritásra komoly hatást gyakorol



AZ ANKYRIN1 GÉN SEJTSZEREPE ÉS ABBÓL KÖVETKEZŐ HÚSMINŐSÉG

wikipedia.org



calpain targetje:

A post mortem proteolízis alapvetően meghatározza a hús textúráját, porhanyósságát

sejtintegritásra komoly hatást gyakorol:

A hús érzékszervi és technológiai paraméterei megváltoznak



AZ ANKYRIN1 GÉNBEN LEÍRT SNP-K

CTGAGTGACTGAGCACTGTAATGATCATTCCTGTTGTTGAGTCACCTAAGTCATGTCOGACTCTTTGTGACCCCATGGACCACAGTA
CGCCAGGCCTCCTGTCCATCCCAACTCCAGAGTTTACTCAGACTCATGTCCACTGAGTTGGTGATGCCATOCAMCCATCTCAT

(SNP7) CAC-

binding

CCTTTGTGTCCTCCTGCTTCAGTCTTTCCAGCATCAGGGTCTTTTCCAATGAATCAGTCTTTCACATCAGGTGGC

(SNP6) GR

CAAAGGATTGGAGCTTCATCTGCAGCATCAGTCCTTCCAATGAACAATCAGGACTGATTTCTTTATTAAACATTGCTGGTTTGAT
GATACTTATAGTGGGTATTTTAGCCTAAAGGTGCCCTGGAACCTGYTTTGCCCTCCCAACCCCTCAGTGCTGGTCTGCTGGGG

TATA box

TATA box

Sp1

(SNP5)

Sp1

ATGGCCSGGCCCCCTCAGCTGGRGGTTCCAGCTGCTGTGGGAACAGAGTGTACGGAGCGGCCCTTGGTGGTGGTTTTTACCACA

(SNP4) Sp1

(SNP3) NF-Kappa-B

GCTGTAGCCTCACAGAAGGGCCCGCTTGATCTGCGGAAAAGCTGAGGCCAGATGGCTGCCATCGGGGCCCTGGACCAGCCTCA
GTGCAGAGGGTGGCCAAGGGCCAGGAGAGAGGCTGGAGAGACTTTTCTCAGGCAGGACAGAACCAGTAGCGTCAATACAGCTGG
AGAAGCAAAAACCCCATGTGTTACACCTGAGTGTGTAACACAGCCCATGCAGGGCAGGCCTCGTATTTCATCCACTCCCTCTGCC

Sp1

ACCGACTGCGATTCCAGGGCACCGTGTCCTCACTGGATAAAGCYGCTCCGGGCAGGTGCCCCCTCATCCGGTCAGTGATGGACGGA

GATA (SNP2) Sp1

TGTTGCAAAGAAGCCTTCCATGCCAGGCCTCAGGAGCGTGGCGGTGGCTGGAACCGCTGGGCAGCCCTAACTCTTGGCCCTTTTC
CCTCCTAGGCACTGTTTCTGGTGACTCACCTCTGGTTCOCAGGAATGTGGTTATTTTGGAGCCCAATGTTATTAAGATGGTGCCCA

Sp1

TATA box

GATTCCCTGCAAAATCAGCCATGAATGAAGACAGGGCCCCCCGGGAAAGCCTGTGAAAACCTAGACCCYGTGTCCCTGCAGCTCAG

GC-rich region

(SNP1) GR

GACTCCGAAGAGCCGTTTGCCCATGGGAGGGAAGCTACCTTCACTTGGGGAAC

TSS

Start-codon

Aslan et al. (2010)



AZ ANKYRIN1 GÉNBEN LEÍRT SNP-K

CTGAGT GACTGAGCACTGTAATGATCATTCCTGTTGTTGAGTCACCTAAGTCATGTCCGACTCTTTGTGACCCCATGGACCACAGTACGCCAGGCCTCCCTGTCCATCCCCAACTCCAGAGTTTACTCAGACTCATGTCCACTGAGTTGGTGATGCCATCCAMCCATCTCAT				
NP7) CAC-				
binding	Pozíció TSS-hez		allélok	
CCTTTGT Y GTCCTTCTCCTCCTGCCTTCAGTC				ACATCAGGTGGC
(SNP6) GP				
CAAAGGATTGGAT	SNP1	-24	C/T	TGCTGGTTTGAT
GATACTTATAGT				GGTCTGCTGGGG
TATA box				
ATGGCCSGGCC	SNP2	-307	C/T	TTTTTACCACA
(SNP4) Sp1				
GCTGTAGCCTCA	SNP3	-672	A/G	GGACCAGCCTCA
GTGCAGAGGGTG				CAATACAGCTGG
AGAAGCAAAAAC	SNP4	-687	C/G	ACTCCTCTGCC
ACCGACTGCGAT	SNP5	-733	C/T	GTGATGGACGGA
TGTTGCAAAAGA				
CCTCCTAGGCAC	SNP6	-944	C/T	TTGGCCCTTTTC
Sp1				AGATGGTGCCCA
GATTCCCTGCA	SNP7	-961	A/C	box
				XCTGCAGCTCAG
				(SNP1) GP
GACTCCGAAGAGCCGTTTGCCCATGGGAGGGAAGCTACCTTCACTTGGGGAAC				
TSS	Start-codon			

Aslan et al. (2010)



AZ ANKYRIN1 GÉN SNP-K ÉS HÚSMINŐSÉG

A mért és a szubjektív porhanyóssági értéket is befolyásolják

SNP	Minőségi tulajdonság	P érték
SNP1	Érzékszervi porhanyósság (izom 1)	0,0002
SNP1	Nyíróerő (izom 1)	0,0258
SNP1	Nyíróerő (izom 2)	0,0336
SNP3	Érzékszervi porhanyósság (izom 1)	0,0460
SNP3	Érzékszervi porhanyósság (izom 2)	0,0493
SNP3	Nyíróerő (izom 2)	0,0051
SNP5	Érzékszervi porhanyósság (izom 1)	0,0037
SNP5	Nyíróerő (izom 1)	0,0084
SNP5	Nyíróerő (izom 2)	0,0038



www.ansi.okstate.edu



Aslan et al. (2010)

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

AZ ANKYRIN1 GÉN SNP MOLEKULÁRIS HATÁSA

SNP1

A T allél hatására glükokortikoid receptor motívum alakul ki. A glükokortikoid receptor egy transzkripciós faktor, amit hormonhatás befolyásol és szabályozza számos biológiai folyamatban szerepet játszó gén expresszióját.

SNP4

A C allél hatására Sp1 motívum alakul ki. Az Sp1 motívum a leptin konszenzus szekvenciájához kötődik és befolyásolja az aktivitást.

A G allél kötőhelyet alakít ki a zinc finger nuclear proteinhez. ...melynek funkciója számos promóter aktiválása, repressziója

Aslan et al. (2010)



AZ ANKYRIN1 GÉN SNP MOLEKULÁRIS HATÁSA

Aslan et al. (2010)

SNP1 (-24) C/T szubsztitúció

T allél kódolja a motívumot:

CAGGGACACAGGGTCTAGG*	-15	-33
ACCCTGTGTCC	-28	-18
TGTGTC	-24	-19

SNP4 (-687) C/G szubsztitúció

C allél kódolja a motívumot:

ATGGCCCCGGCCCCCT	-666	-669
GCCCCGGCCCC		
	-690	-681

G allél kódolja a motívumot:

GATGGCCGG	-694	-686
-----------	------	------



ELLENŐRZŐ KÉRDÉSEK

Témakörhöz kapcsolódó kérdések

Hogyan változik a hús porhanyóssága és mi befolyásolja?

Milyen kapcsolat áll fenn a porhanyósság és a génexpresszió között?

Az intramuszkuláris zsír összefüggésben áll a porhanyóssággal?

A marhahús rágósságának faktorai mely kromoszómán lokalizálódnak?

Milyen marker a calpain?

Mi az ankyrin1 gén hatása?



Felhasznált és ajánlott irodalom

- Bolormaa et al. (2013): Accuracy of prediction of genomic breeding values for residual feed intake and carcass and meat quality traits in *Bos Taurus*, *Bos indicus*, and composite beef cattle. *Journal of Animal Science*. 91. 3088-3104.
- Sanchez et al. (2014): A genome wide association study of production traits in a commercial population of Large white pigs: evidence of haplotypes affecting meat quality. *Genetics Selection Evolution*. 46. 12.
- Lu et al. (2013): Genome-wide association analyses for carcass quality in crossbred beef cattle. *BMC Genetics*. 14. 80.
- Ryan et al. (2012): SNP variation in the promoter of the *PRKAG3* gene and association with meat quality traits in pig. *BMC Genetics*. 13. 66.
- Fernandez et al. (2012): Genome-wide linkage analysis of QTL for growth and body composition employing the PorcineSNP60 BeadChip. *BMC Genetics*. 13. 41.
- Gregersen et al. (2012): Genome-wide association scan and phased haplotype construction for quantitative trait loci affecting boar taint in three pig breeds. *BMC Genomics*. 13. 22.
- Grindflek et al. (2011): Large scale genome-wide association and LDLA mapping study identifies QTLs for boar taint and related sex steroids. *BMC Genomics*. 12. 362.
- Ramos et al. (2011): The distal end of porcine chromosome 6p is involved in the regulation of skatole levels in boars. *BMC Genetics*. 12. 35.
- Jung et al. (2012): RNA-Seq Approach for Genetic Improvement of Meat Quality in Pig and Evolutionary Insight into the Substrate Specificity of Animal Carbonyl Reductases. *PLoS ONE* 7(9): e42198.
- Murray – Johnson (1998): Impact of the halothane gene on muscle quality and pre-slaughter deaths in Western Canadian pigs. *Canadian Journal of Animal Science*. 78. 4. 543-548.
- Jung et al. (2012): RNA-Seq Approach for Genetic Improvement of Meat Quality in Pig and Evolutionary Insight into the Substrate Specificity of Animal Carbonyl Reductases. *PLoS ONE* 7(9): e42198.





DEBRECENI EGYETEM

A HÚS TECHNOLÓGIAI MINŐSÉGÉNEK ÉS ÉLVEZETI ÉRTÉKÉNEK MARKEREI

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014

Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SZÉCHENYI 2020



MAGYARORSZÁG
KORMÁNYA

Európai Unió
Európai Szociális
Alap



BEFEKTETÉS A JÖVŐBE

ELŐADÁS VÁZLATA

- **A HÚS TECHNOLOGIAI MINŐSÉGÉNEK SNP-I KROMOSZÓMÁKON**
- **AZ ELTÉRŐ TECHNOLOGIAI MINŐSÉGŰ HÚSOK TRANSZKRIPTOMJA IS KÜLÖNBÖZIK**
- **A HISTONE H1.3-LIKE FEHÉRJE JELENTŐSÉGE**
- **A PRKAG3 FUNKCIÓJA MEGHATÁROZÓ**
- **AZ ANKYRIN1 HAT A HÚS KEMÉNYSÉGÉRE ÉS ÉLVEZETI ÉRTÉKÉRE**
- **A KANSZAG MARKEREI**
- **NEMI HORMONOK MARKEREI**
- **A JPH3 GÉN**

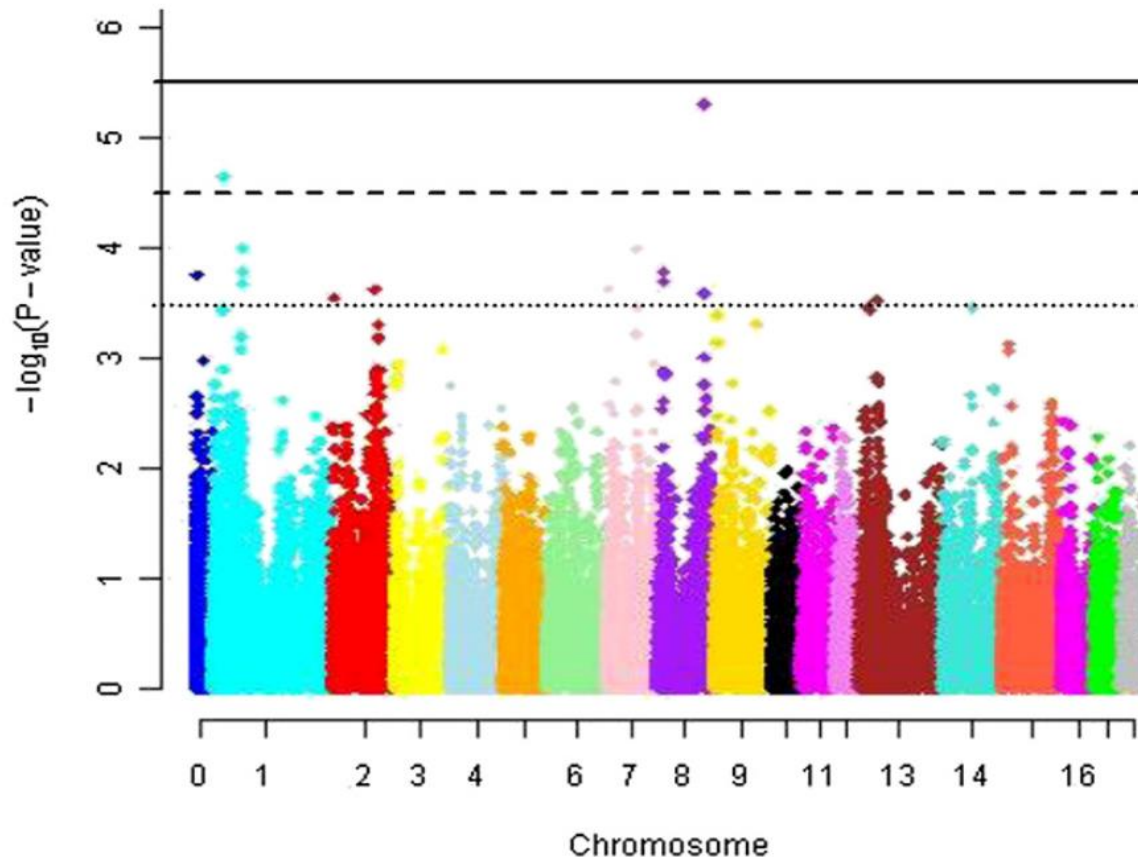


A TECHNOLÓGIAI MINŐSÉG MOLEKULÁRIS MARKEREI



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

A HÚS MINŐSÉGI INDEX DNS HÁTTERE



SNP-k hatása a
vizsgált tulajdonságra

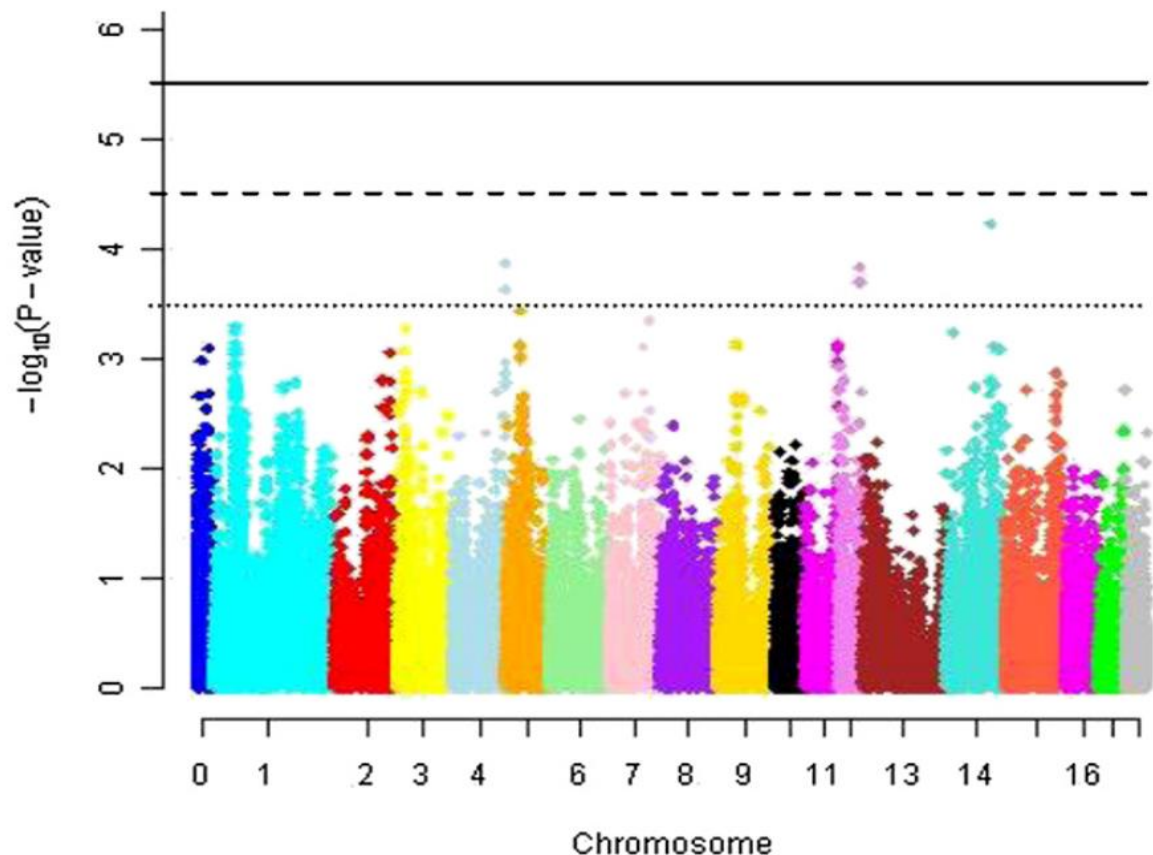
Sanchez et al., 2014

0. kromoszóma: 2140 SNP, nem lokalizált a sus Scrofa 10.2-ben



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

A HÚS VÍZTARTÓ-KÉPESSÉGÉNEK DNS HÁTTERE



SNP-k hatása a
vizsgált tulajdonságra

Sanchez et al., 2014

0. kromoszóma: 2140 SNP, nem lokalizált a sus Scrofa 10.2-ben



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SZÖVETSPECIFIKUS TRANSZKRIPTOM ANALÍZIS ÉS A HÚSMINŐSÉG

A transzkriptom vizsgálata során az adott szövetben termelődő mRNS-ek szekvenálása történik.

A teljes genom szekvenáláshoz képest az adott időpontban nem expresszálódó géneket nem vizsgáljuk, illetve nem vizsgáljuk az expresszálódó gének intronjait.

Szövettípus:

IZOM – előnye, hogy magát a terméket vizsgáljuk

MÁJ – metabolikus enzimeket termel, így hatást gyakorol számos folyamatra



SERTÉS HÚSMINŐSÉG MARKEREK TRANSZKRIPTOM SZEKVENÁLÁSSAL

CW = carcass súly
BFT = hátszalonna vastagság
CIE L = hússzín, világos/sötét
CIE a = hússzín, vörös
CIE b = hússzín, sárga
CL = **főzési veszteség**
DL = **csepegési veszteség**
Pro = fehérje%
Fat = zsír%
Coll = kollagén%
Moi = nedvességtart.
SF = nyíróerő
WHC = **vízretartóképesség**
pH 24 hr = vágás utáni pH
(24 óra)
pH 45 min = vágás utáni pH
(45 perc)

SNV location	Meat quality traits										
	CW	BFT	Meat color			Chemical composition				SF	WHC
			CIE L	CIE a	CIE b	Pro	Fat	Coll	Moi		Postmortem pH 24 hr 45 min
ch9:70258855	○		△							△	○
ch15:34951693											
ch10:13969569						△					△
ch7:61651548			△								△
ch7:2302809									△		△
ch16:21885422	△		△			△		○	△		△
ch13:22924695		△									△
ch13:59221591						△					
ch2:13972118					△				△		
ch2:108676311			△	○				△			
ch5:3026394										△	△
ch5:3026507						△	△				
ch7:22112616		○			○					△	○
ch4:99943976		△						△			
ch16:69410557			△		△						

Jung et al., (2012)



wikipedia.org

○ $P < 0.01$
△ $P < 0.05$

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

CH7:G.22112616A>G SNV A HISTONE H1.3-LIKE PROTEIN GÉNJÉBEN TALÁLHATÓ

CW = carcass súly
 BFT = hátszalonna vastagság
 CIE L = hússzín, világos/sötét
 CIE a = hússzín, vörös
 CIE b = hússzín, sárga
 CL = főzési veszteség
 DL = **csepegési veszteség**
 Pro = fehérje%
 Fat = zsír%
 Coll = kollagén%
 Moi = nedvességtart.
 SF = nyíróerő
 WHC = **vízretartóképesség**
 pH 24 hr = vágás utáni pH
 (24 óra)
 pH 45 min = vágás utáni pH
 (45 perc)

SNV location	Meat quality traits															
	CW	BFT	Meat color			CL	DL	Chemical composition				SF	WHC	Postmortem pH		
			CIE L	CIE a	CIE b			Pro	Fat	Coll	Moi			24 hr	45 min	
ch9:70258855	○		△			△						△			○	
ch15:34951693						△										
ch10:13969569							○	△							△	
ch7:61651548			△				○						○		△	
ch7:2302809												△			△	
ch16:21885422	△		△					△			○	△			△	
ch13:22924695		△				○										△
ch13:59221591								△								
ch2:13972118					△							△				
ch2:108676311			△	○							△					
ch5:3026394							△					△	△			
ch5:3026507							△	△	△							
ch7:22112616		○			○		○					△	○		○	
ch4:99943976		△									△					
ch16:69410557			△		△	○										

Jung et al., (2012)



○ $P < 0.01$
 △ $P < 0.05$

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
 Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
 egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

HISTONE H1.3-LIKE PROTEIN

A polimorfizmus treonin/alanin cserét jelent

A legtöbb húsminőségi tulajdonsággal a hiszton H1.3-szerű fehérje áll korrelációban.

Szerepe van a génexpresszió szabályozásában.
Poszt-transzlációs módosításokra utalnak a szakaszok:
metiláció, ubikináció, acetiláció, foszforiláció.

*SNV location	*Meat quality traits														
	CW	BFT	Meat color			CL	DL	Chemical composition				SF	WHC	Postmortem pH	
			CIE L	CIE a	CIE b			Pro	Fat	Coll	Mol			24 hr	45 min
chr9:70258855	○		△			△						△		○	
chr15:34951693						△									
chr10:13969569							○	△						△	
chr7:61651548			△				○						○	△	
chr7:2302809											△			△	
chr16:21885422	△		△					△		○	△			△	
chr13:22924695		△				○								△	
chr13:59221591								△							
chr2:13972118					△						△				
chr2:108676311			△	○						△					
chr5:3026394							△					△	△		
chr5:3026507							△	△	△						
chr7:22112616		○			○		○					△	○	○	
chr4:99943976		△								△					
chr16:69410557			△		△	○									

Jung et al., (2012)

A sokrétű hatás oka:

A post mortem metabolizmus génexpressziójának epigenetikai szabályozásában tölt be szerepet.



CSEPEGÉSI VESZTESÉG - PRKAG3

A sertés PRKAG3 génben leírt SNP-k:

Ryan et al. (2012)

c/EBP (A)		SPI (C)		Ik-L (G)					
-995	-968	-671	-583	-480	-461	-311	-221	-158	-58
[A/G]	[G/A]	[A/G]	[C/T]	[C/T]	[C/T]	[A/G]	[G/A]	[C/G]	[A/G]

PRKAG3 expresszója korrelál húsminőségi tulajdonságokkal

tulajdonság	r érték
csepegési veszteség	0,562
főzési veszteség (1 nap)	0,503
főzési veszteség (7 nap)	0,354



CSEPEGÉSI VESZTESÉG - PRKAG3

Ryan et al. (2012)

c/EBP (A)		SP1 (C)				Ik-1 (G)			
-995	-968	-671	-583	-480	-461	-311	-221	-158	-58
[A/G]	[G/A]	[A/G]	[C/T]	[C/T]	[C/T]	[A/G]	[G/A]	[C/G]	[A/G]

**A polimorfizmusok jellege,
pozíciója és az allél-
gyakoriságok különböző
fajtáknál.**

SNP	NCBI	pozíció	nagyfehér	duroc	pietrain
g.-995A>G	472333124	-995	0.45 (G)	0.28 (G)	0.23 (G)
g.-968G>A	472333125	-968	0.48 (A)	0.28 (A)	0.23 (A)
g.-671A>G	472333126	-671	0.48 (G)	0.28 (G)	0.23 (G)
g.-583C>T	472333127	-583	0.48 (T)	0.28 (T)	0.23 (T)
g.-480C>T	472333128	-480	0.05 (T)	0.05 (T)	0.00 (T)
g.-461C>T	472333129	-461	0.00 (T)	0.17 (T)	0.00 (T)
g.-311A>G	472333130	-311	0.36 (G)	0.07 (G)	0.11 (G)
g.-221G>A	472333131	-221	0.37 (A)	0.07 (A)	0.11 (A)
g.-158C>G	472333132	-158	0.42 (C)	0.30 (G)	0.27 (G)
g.-58A>G	472333133	-58	0.43 (A)	0.30 (G)	0.27 (G)
I199V		2774	0.34	0.17	0.42



PRKAG3 SNP HATÁSA A HÚSMINŐSÉGRE

Az SNP befolyásol vagy nem? - FAJTAFÜGGŐ

nagyfehér

duroc

	g.-995A>G Promoter region				g.-311A>G Promoter region				g.-995A>G Promoter region				g.-311A>G Promoter region			
	p-value	AA	AG	GG	p-value	AA	AG	GG	p-value	AA	AG	GG	p-value	AA	AG	GG
		n = 55	n = 37	n = 6		n = 56	n = 37	n = 5		n = 20	n = 54	n = 22		n = 45	n = 47	n = 5
csepeg. %	0.002	2.41 (0.19)	3.22 (0.18)	3.68 (0.44)	0.009	2.46 (0.16)	3.22 (0.18)	3.46 (0.51)	0.204	2.08 (0.27)	2.46 (0.15)	2.77 (0.23)	0.181	2.38 (0.16)	2.37 (0.15)	3.29 (0.47)
pHULT	0.0003	5.67 (0.01)	5.59 (0.02)	5.52 (0.04)	0.0002	5.67 (0.01)	5.60 (0.02)	5.43 (0.05)	0.345	5.67 (0.02)	5.63 (0.01)	5.63 (0.02)	0.172	5.65 (0.01)	5.64 (0.01)	5.56 (0.04)
pHUSM	0.637	5.55 (0.01)	5.55 (0.02)	5.51 (0.04)	0.639	5.55 (0.01)	5.54 (0.02)	5.50 (0.05)	0.684	5.55 (0.02)	5.53 (0.01)	5.54 (0.02)	0.710	5.53 (0.04)	5.53 (0.01)	5.51 (0.04)
pH ₄₅ LT	0.038	6.60 (0.03)	6.51 (0.03)	6.51 (0.08)	0.056	6.67 (0.03)	6.56 (0.03)	6.60 (0.10)	0.767	6.58 (0.05)	6.55 (0.03)	6.59 (0.05)	0.827	6.55 (0.03)	6.57 (0.03)	6.51 (0.09)
pH ₄₅ SM	0.139	6.6 (0.03)	6.62 (0.03)	6.51 (0.03)	0.118	6.60 (0.03)	6.50 (0.03)	6.60 (0.09)	0.684	6.57 (0.05)	6.47 (0.03)	6.51 (0.05)	0.811	6.51 (0.03)	6.51 (0.03)	6.45 (0.09)
ECULT	0.029	2.93 (0.10)	3.34 (0.12)	3.47 (0.30)	0.109	2.97 (0.10)	3.27 (0.11)	3.55 (0.34)	0.130	3.20 (0.20)	3.38 (0.11)	2.93 (0.19)	0.890	3.23 (0.12)	3.25 (0.12)	3.06 (0.38)
ECUSM	0.069	3.73 (0.17)	4.17 (0.20)	4.87 (0.50)	0.200	3.70 (0.17)	4.20 (0.20)	4.10 (0.57)	0.310	3.90 (0.17)	3.83 (0.10)	4.13 (0.16)	0.454	4.04 (0.10)	3.85 (0.10)	3.97 (0.32)
szín																
L *	0.064	45.62 (0.47)	47.44 (0.55)	47.28 (1.40)	0.077	45.65 (0.47)	47.31 (0.55)	47.88 (1.55)	0.785	45.83 (0.68)	46.20 (0.39)	46.51 (0.64)	0.997	46.09 (0.41)	46.13 (0.41)	46.16 (1.27)
b *	0.052	3.27 (0.22)	4.02 (0.25)	4.52 (0.64)	0.023	3.26 (0.21)	3.99 (0.25)	5.05 (0.70)	0.706	3.30 (0.32)	3.49 (0.18)	3.69 (0.30)	0.502	3.42 (0.19)	3.44 (0.19)	4.15 (0.59)
zsírsav																
IMF% LT	0.467	0.95 (0.07)	1.04 (0.08)	1.19 (0.20)	0.343	0.94 (0.07)	1.05 (0.08)	1.25 (0.22)	0.918	1.86 (0.15)	1.79 (0.08)	1.82 (0.14)	0.538	1.84 (0.09)	1.83 (0.09)	1.53 (0.27)
IMF% SM	0.536	1.15 (0.06)	1.24 (0.07)	1.27 (0.17)	0.334	1.13 (0.06)	1.25 (0.07)	1.36 (0.19)	0.689	2.23 (0.17)	2.09 (0.10)	2.21 (0.16)	0.869	2.14 (0.10)	2.18 (0.10)	2.02 (0.32)

Ryan et al. (2012)



PRKAG3 SNP HATÁSA A HÚSMINŐSÉGRE

vagy fajtánként más tulajdonságra hat – ugyanaz az SNP

I199V lókus

	nagyfehér				duroc				pietrain			
	p-value	II	IV	VV	p-value	II	IV	VV	p-value	II	IV	VV
		n = 6	n = 41	n = 51		n = 4	n = 30	n = 64		n = 30	n = 45	n = 21
csepeg. %	0.016	1.66 (0.49)	2.66 (0.18)	3.09 (0.15)	0.039	1.21 (0.54)	2.26 (0.20)	2.58 (0.13)	0.016	2.46 (0.2)	2.90 (0.19)	3.57 (0.30)
pHULT	0.656	5.67 (0.05)	5.63 (0.01)	5.63 (0.02)	0.164	5.67 (0.07)	5.66 (0.02)	5.63 (0.01)	0.459	5.66 (0.02)	5.65 (0.02)	5.61 (0.03)
pHUSM	0.591	5.57 (0.04)	5.55 (0.02)	5.53 (0.01)	0.015	5.65 (0.04)	5.54 (0.02)	5.53 (0.01)	0.165	5.58 (0.02)	5.55 (0.06)	5.52 (0.02)
pH ₄₅ LT	0.216	6.68 (0.03)	6.56 (0.03)	6.60 (0.10)	0.491	6.44 (0.11)	6.56 (0.04)	6.57 (0.03)	0.053	6.52 (0.02)	6.60 (0.02)	6.51 (0.04)
pH ₄₅ SM	0.420	6.60 (0.03)	6.50 (0.03)	6.55 (0.09)	0.717	5.67 (0.05)	5.67 (0.02)	5.63 (0.01)	0.333	6.41 (0.04)	6.45 (0.04)	6.34 (0.06)
ECULT	0.605	2.81 (0.32)	3.10 (0.12)	3.15 (0.10)	0.096	2.60 (0.44)	3.47 (0.16)	3.13 (0.10)	0.072	3.28 (0.12)	3.12 (0.10)	3.60 (0.16)
ECUSM	0.212	4.75 (0.53)	3.78 (0.20)	4.05 (0.17)	0.745	4.19 (0.41)	3.89 (0.15)	4.00 (0.10)	0.019	4.08 (0.25)	4.23 (0.20)	5.23 (0.32)
szín												
L *	0.842	47.10 (1.49)	46.20 (0.57)	46.54 (0.48)	0.300	44.25 (1.49)	45.72 (0.53)	46.38 (0.35)	0.0004	45.90 (0.65)	47.40 (0.53)	46.00 (0.85)
b *	0.978	3.57 (0.68)	3.70 (0.26)	3.64 (0.22)	0.123	2.94 (0.69)	3.07 (0.24)	3.69 (0.16)	0.167	3.81 (0.19)	2.80 (0.25)	3.68 (0.25)
zsírsav												
IMF% LT	0.035	1.48 (0.20)	1.04 (0.08)	0.93 (0.07)	0.086	1.87 (0.31)	2.03 (0.11)	1.71 (0.07)	0.002	1.43 (0.07)	1.20 (0.06)	1.01 (0.09)
IMF% SM	0.316	1.13 (0.06)	1.25 (0.07)	1.36 (0.19)	0.858	2.14 (0.38)	2.22 (0.14)	2.12 (0.09)	0.356	1.56 (0.08)	1.46 (0.07)	1.37 (0.10)

Ryan et al. (2012)



AZ ANKYRIN1 GÉN A MARHAHÚS KEMÉNYSÉGÉRE ÉS TEXTÚRÁJÁRA IS HAT

SNP	Minőségi tulajdonság	P érték
SNP1	Keményység (izom 1)	0,0628
SNP1	Textúra (izom 1)	0,0015
SNP1	Textúra (izom 2)	0,0152
SNP2	Textúra (izom 1)	0,0996
SNP2	Textúra (izom 2)	0,0827
SNP3	Textúra (izom 2)	0,0021
SNP4	Textúra (izom 1)	0,0006
SNP4	Keményység (izom 2)	0,0479
SNP5	Textúra (izom 2)	0,0044



www.ansi.okstate.edu



Aslan et al. (2010)

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

A HALOTÁN GÉN - STRESSZÉRZÉKENYSÉG

Stresszérzékeny sertéseknél a húsminőséggel gond van.

A PSE előfordulásában meghatározó szerepet játszik.

- A halványabb, puha hús előfordulása többszöröse a hordozó egyedeknél!
- Szignifikáns hatást gyakorol az elhullásra is.

A PSE hús előfordulását csak kis részben magyarázza a gén.

Vizsgálatok egyéb eredményei:

A halotán gént hordozó egyedek hús világosabb színű és kevésbé kemény lesz.

A halotán gén a karkasz tulajdonságokra nem gyakorol hatást.

Más tanulmány szerint a halotán nem hordozó egyedek súlygyarapodása kedvezőbb és a húsminősége is jobb



...és, amelyek még befolyásolják a kedveltséget

A hús élvezeti értéke



AZ ANKYRIN1 GÉN ÉS A MARHAHÚS ÍZE, LÉDÚSSÁGA



www.ansi.okstate.edu

SNP	Minőségi tulajdonság	P érték
SNP1	Lédússág (izom 1)	0,0713
SNP1	Lédússág (izom 2)	0,0970
SNP3	Íz (izom 1)	0,0496

Aslan et al. (2010)

Nincs olyan haplotípusa az 5 SNP-nek, mely hatást gyakorolna az ízre, illetve a lédússágra.



A KANSERTÉS HÚSÁNAK KELLEMETLEN SZAGA

Az ivarérett állatoknál, a herében termelődő androsztenonok (főként) felelősek a húspan és zsírban megjelenő kanszagért.

-Herélés

állatjólét?

-immunalapú vakcinázás

GnRF aktív analógja a használt anitgén fehérjéhez kötve a termelődő antitest megköti a GhRF-t, így nem lesz androszteron, majd az abból kialakuló szkatol.

Teljes genomanalízissel azonosított kandidáns markerek:

- 46 QTL régió
- 25 haplotípus
- 3 egyedi marker

Gregersen et al. (2012)



KANSZAG ÉS GÉNEK

Androsztenon-szintre ható gének:

CYB5A

SRD5A2

LOC100518755

CYP21A2

*a gén régiójában van a legerősebb
haplotípus, mely a fenotípusos
variancia 18%-áért felelős*

Indol (szkatol) jellegű molekulák szintjére ható gének:

SULT1A1

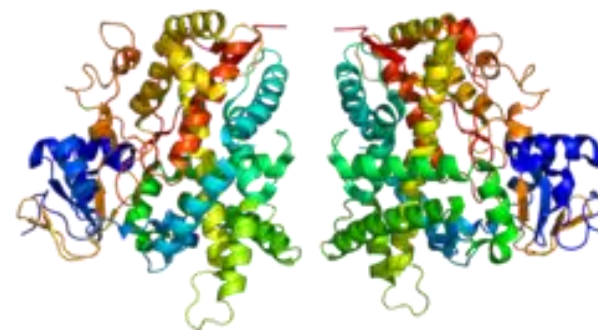
CYP2E1



CYP2E1 GÉN ÉS A SERTÉSHÚS KANSZAGA

Cytochrome P450, family 2, subfamily E, polypeptide 1

- Monooxygenáz
- Katalizálja a szteroidok, bizonyos lipidek szintézisét
- Endoplazmatikus retikulumban található
- Számos szubsztrátja létezik



wikipedia.org

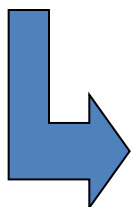
Humán tanulmányok alapján meghatározó az elhízásban és az inzulin-rezisztenciában.

Xenobiotikumok metabolizmusában szerepel.



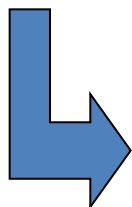
KÍSÉRLETES EREDMÉNY NÉLKÜL, MELY GÉNEK PREDESZTINÁLHATÓK?

Androsztenon szintézis pregnenolonból és progeszteronból indul ki.



A folyamat szabályozásában részt vesz a neuroendokrin rendszer is.

Szkatol és androsztenon degradáció a májban játszódik le.



I. Fázis metabolizmus:

-androsztenon
-szkatol

II. Fázis metabolizmus:

CYP17A1

CYP5

CYP21

3-hidroxiszteroid dehidrogenáz

CYP2E1

CYP2A

aldehid-oxidáz

Szulfotranszferázok

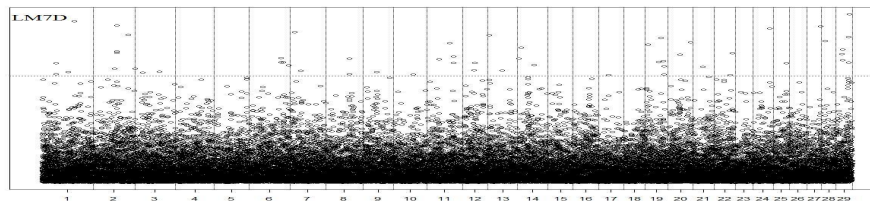
Uridin difoszfát-glucuronozitranszferáz



MILYEN KÍSÉRLETES MÓDON KÖZELÍTHETJÜK MEG A KÉRDÉST?

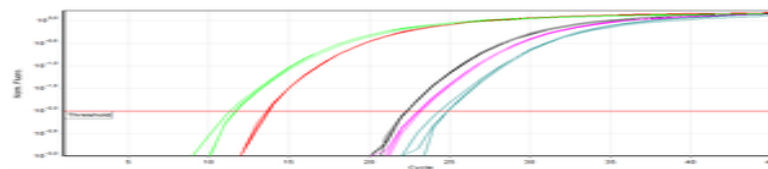
1. GÉN

Kromoszómális, genomi régió lokalizációja QTL-ek, QTN-ek, gének detektálásához.



2. GÉNEXPRESSZIÓ

A génexpresszió mértéke alapján indol, androsztenon koncentrációval összefüggésbe hozható gének.



wikipedia.org



A KIHÍVÁS – ELLENTÉTES SZELEKCIÓ HASONLÓ MOLEKULÁKRA

Az alaptétel:

**Az androsztenon bioszintézise hasonló módon történik,
mint a szex szteroidok (ösztrogén, tesztoszteron).**

*Miként szelektáljunk az androsztenon ellen, úgy,
hogy a többi hormon termelődése ne csökkenjen?*



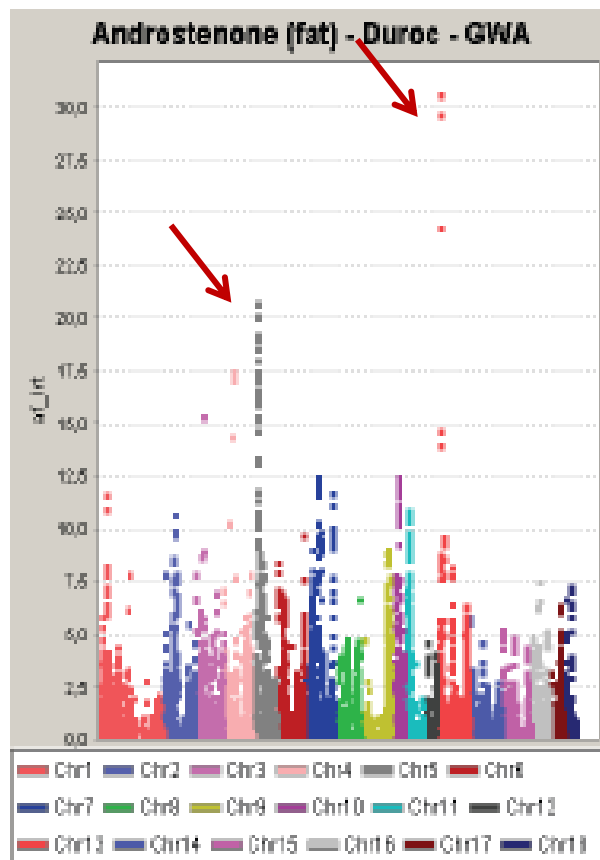
GWAS tanulmányok alapján a **szkatoI QTL-ek többsége nem befolyásolja
A többi szexhormon termelődését.**



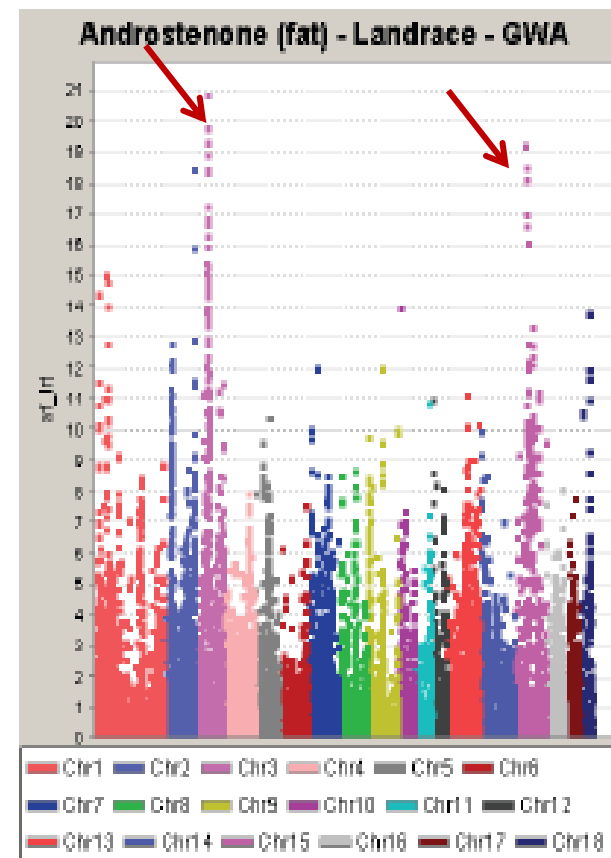
ANDROSZTENON MARKEREI KÉT SERTÉSFAJTÁBAN

Grindflek et al. (2011)

DUROC



LANDRACE



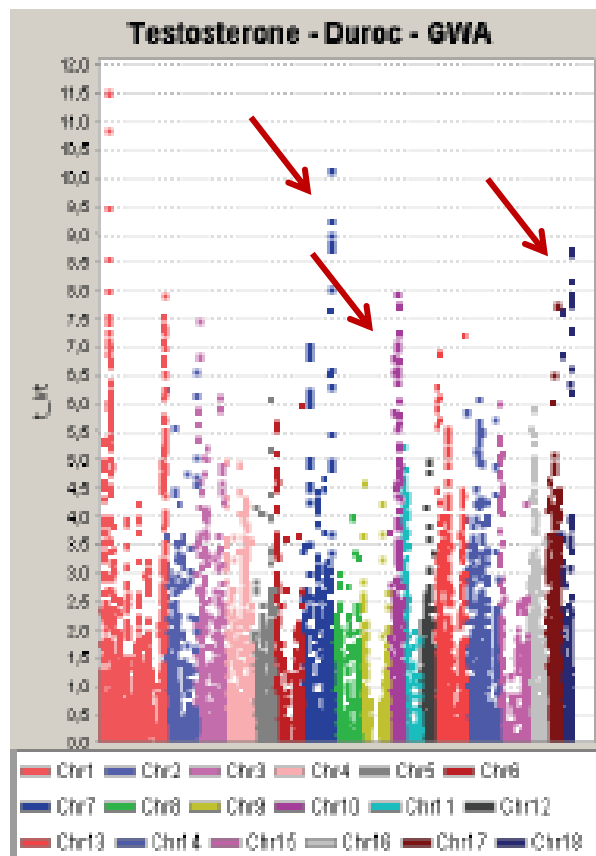
TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



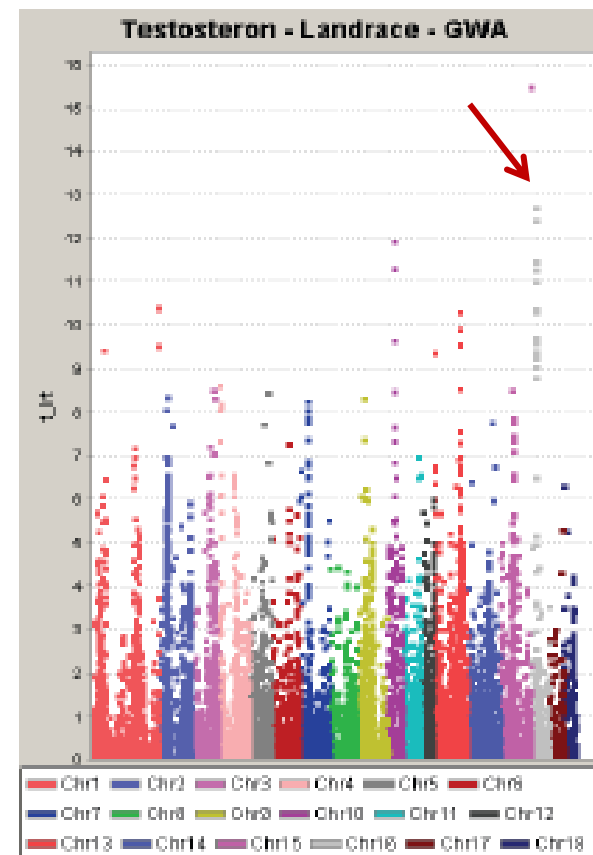
TESZTOSZTERON MARKEREI KÉT SERTÉSFAJTÁBAN

Grindflek et al. (2011)

DUROC



LANDRACE



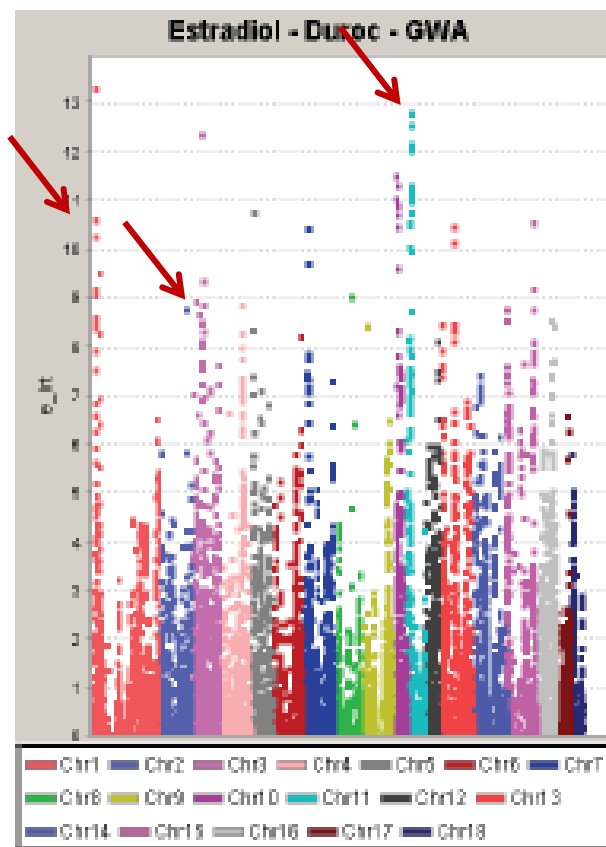
TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



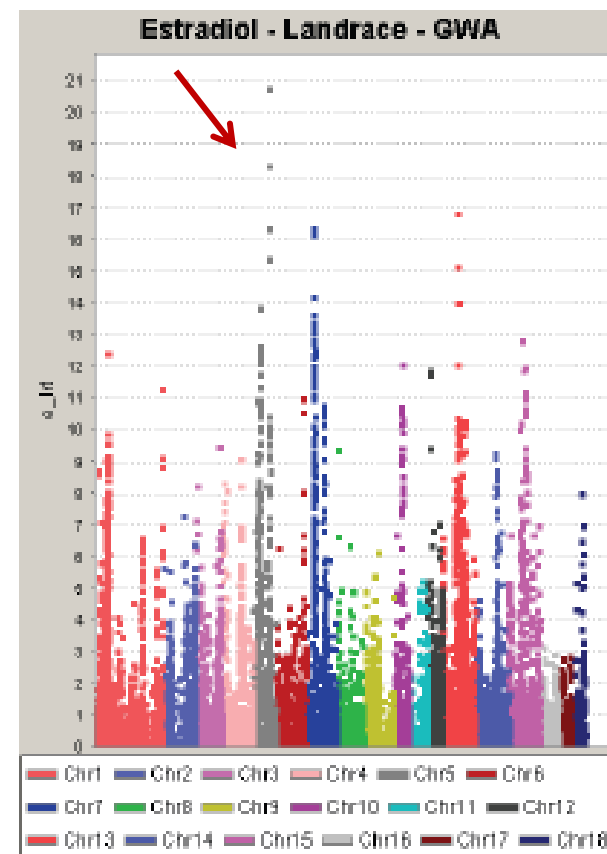
ÖSZTRADIOL MARKEREI KÉT SERTÉSFAJTÁBAN

Grindflek et al. (2011)

DUROC



LANDRACE



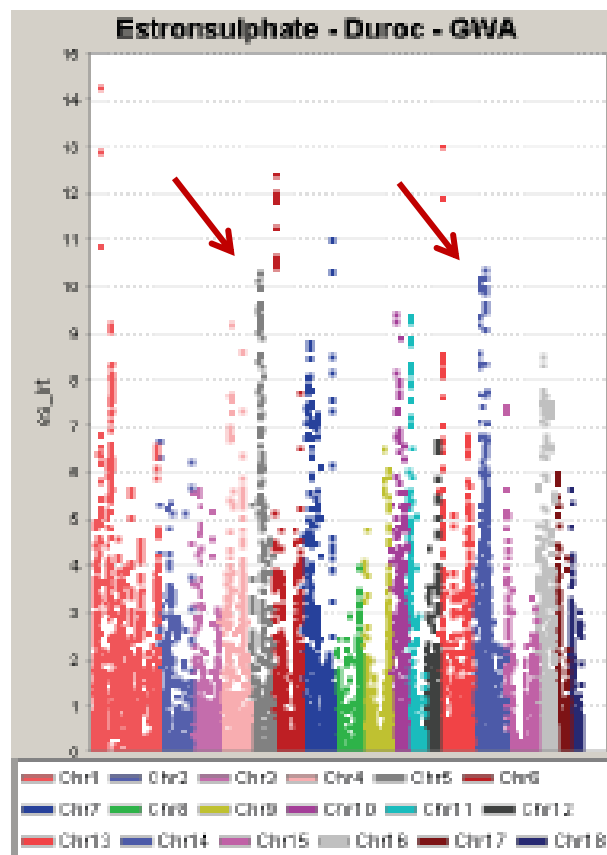
TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



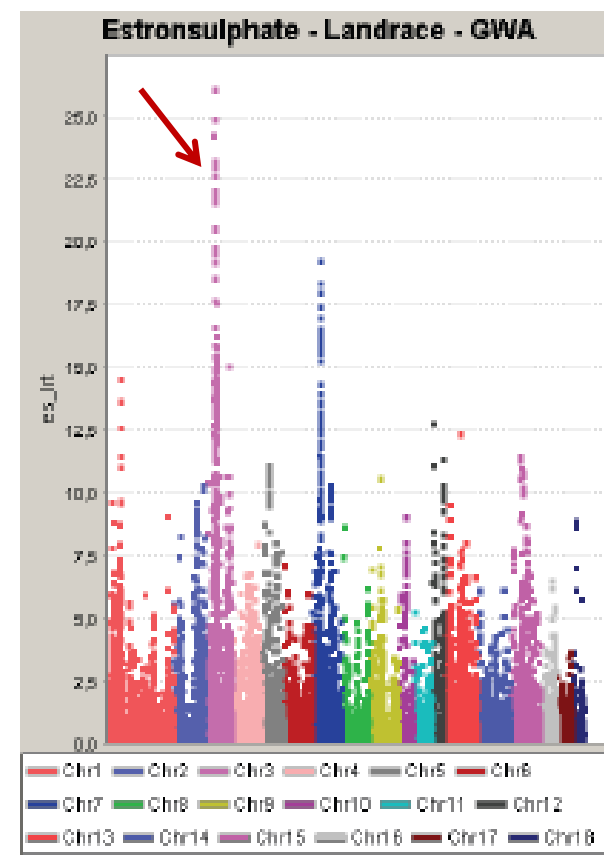
ESZTRONSZULFÁT MARKEREI KÉT SERTÉSFAJTÁBAN

Grindflek et al. (2011)

DUROC



LANDRACE



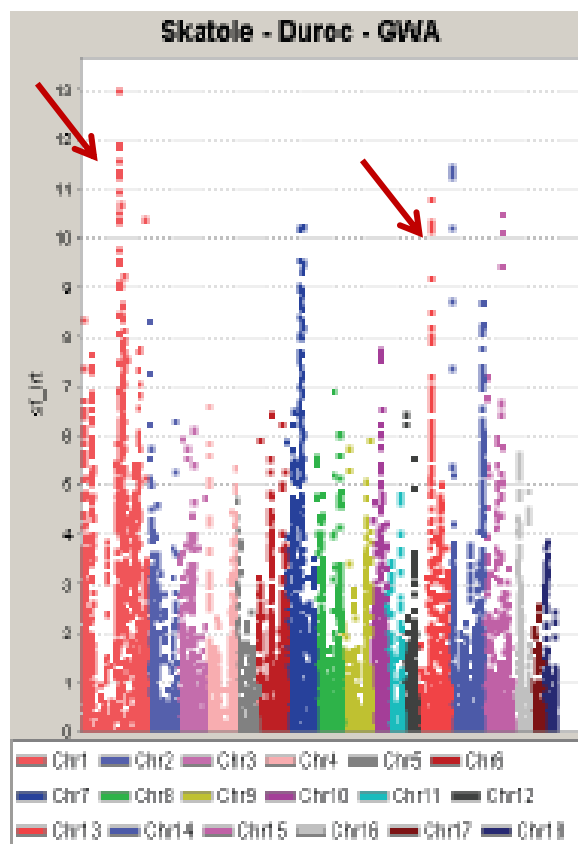
TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



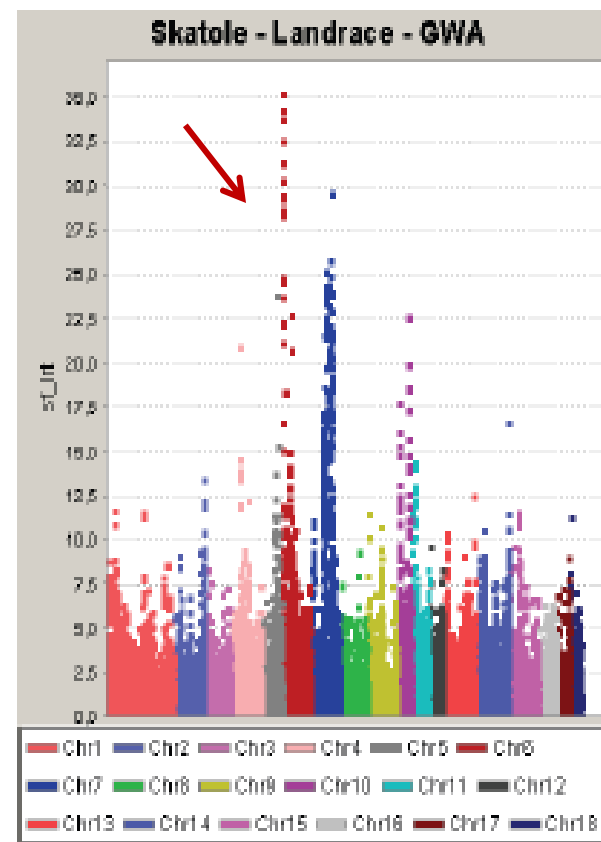
SZKATOL MARKEREI KÉT SERTÉSFAJTÁBAN

Grindflek et al. (2011)

DUROC



LANDRACE



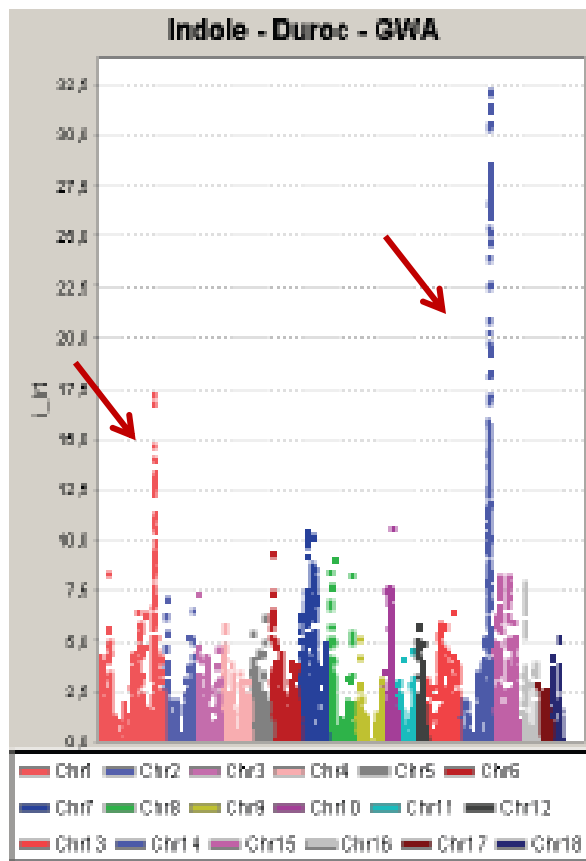
TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



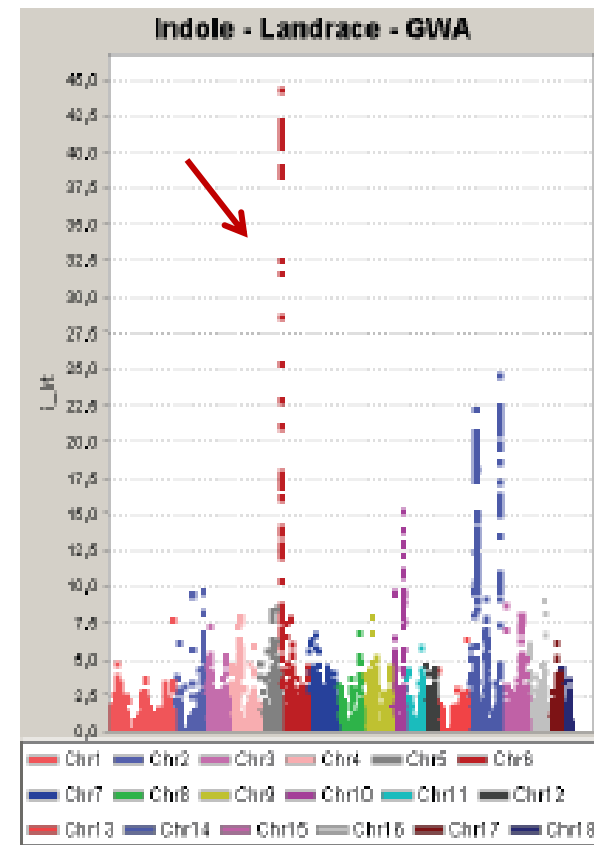
INDOL MARKEREI KÉT SERTÉSFAJTÁBAN

Grindflek et al. (2011)

DUROC



LANDRACE

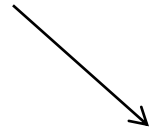


TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



A 2000 EGYEDES SERTÉS GWAS KONKLÚZIÓJA „ILLAT” ANYAGOKRA ÉS HORMONOKRA

- Számos QTL hat az androsztenon és szkatol mennyiségére
- Ebből következik, hogy egy-egy QTL egyedi hatása elenyésző
- A legtöbb androsztenon QTL egyben öszrogén QTL is
- **A legtöbb QTL fajtaspecifikus**

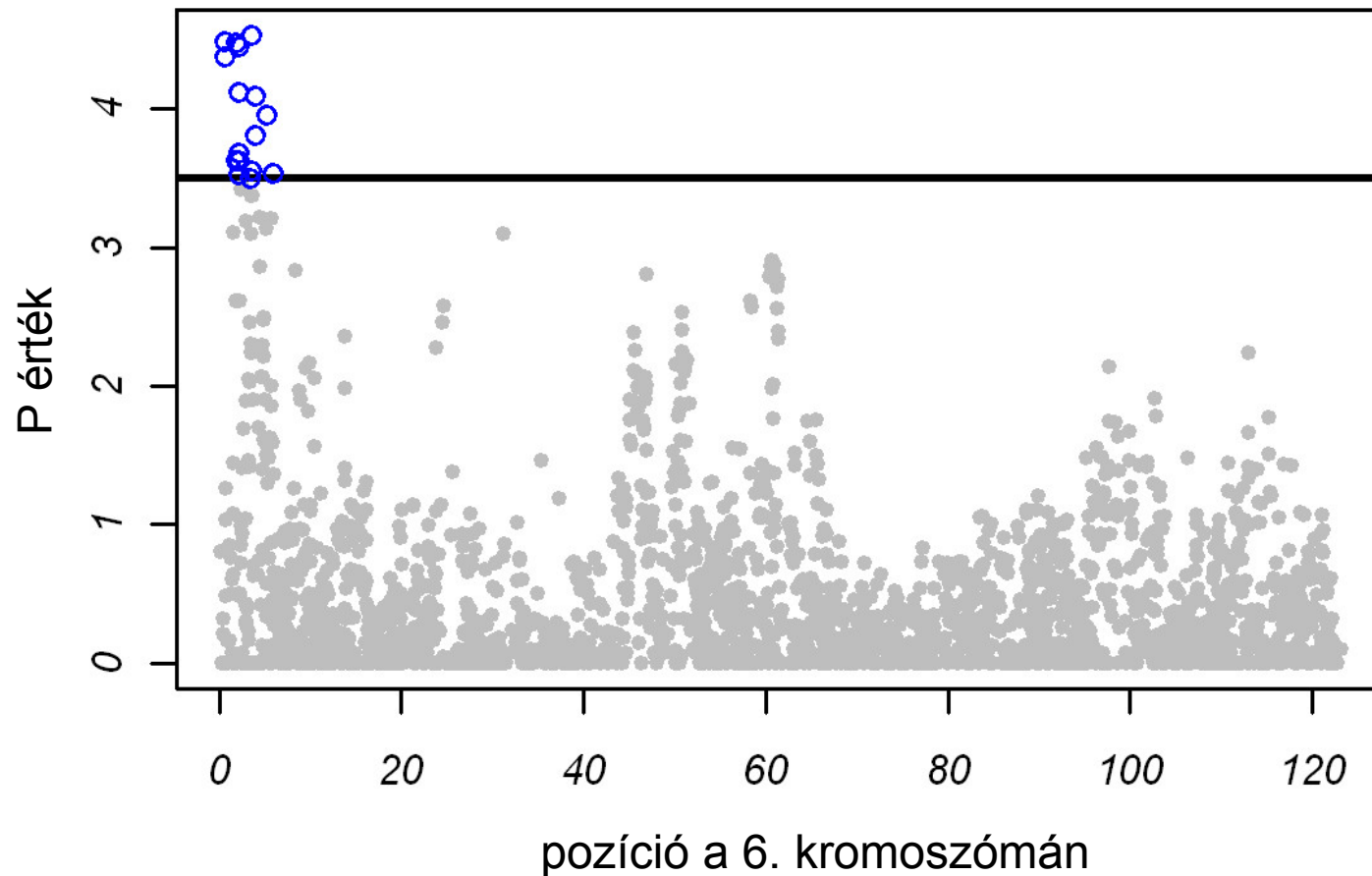


Fajtaspecifikusan kell QTL keresést végezni!



A SERTÉS 6. KROMOSZÓMÁJA A KANSZAG ERŐS RÉGIÓJA

Ramos et al. (2011)



16 szignifikáns SNP a kromoszóma elején!

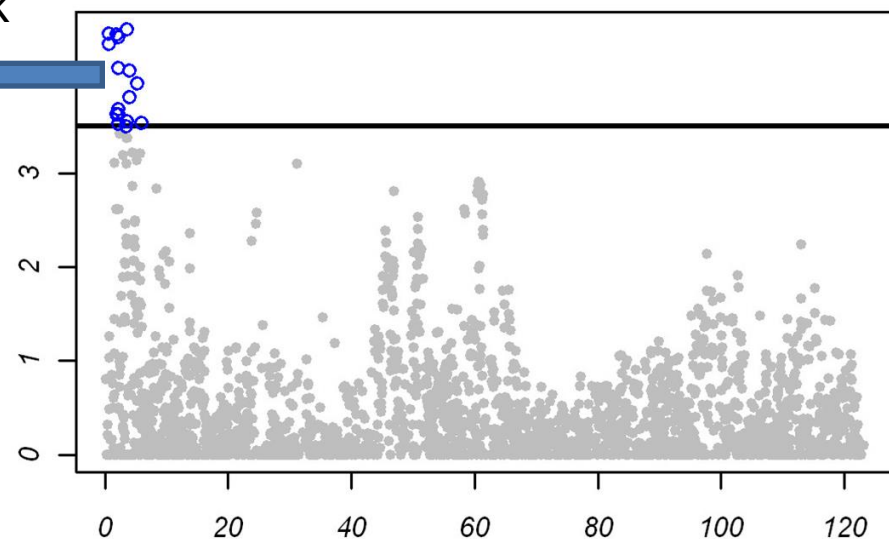
TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

A SNP-K GÉNHEZ TARTOZÁSA

Ramos et al. (2011)

SNP	Position
<i>Region 1</i>	
MARC0019446	636,696
ASGA0084674	645,690
<i>Region 2</i>	
MARC0044930	1,795,517
ASGA0096130	1,802,015
ASGA0098975	1,939,519
ALGA0107039	2,113,937
ALGA0116170	2,117,567
ALGA0115841	2,125,025
ALGA0110693	2,156,144
<i>Region 3</i>	
ALGA0115538	3,353,995
MARC0034202	3,573,079
ALGA0034369	3,596,641
MARC0067306	3,923,036
MARC0019712	3,936,297
<i>Isolated Markers</i>	
MARC0009863	5,222,760
ALGA0113531	5,901,175

Ezek a markerek



3 nagyobb régióba csoportosíthatóak.
A távolság (bázis) gyakran igen kicsi.



A 6. KROMOSZÓMA SZIGNIFIKÁNS SNP-I ÉS A SZKATOL KONCENTRÁCIÓ

SNP	genotípus	N	átlag	szórás	fenotípusos variancia magy.
MARC0019446	TT	224	74.7	78.0	0.06 ± 0.06
	GT	457	89.1	90.5	
	GG	185	114.6	125.1	
ALGA0107039	GG	507	78.9	85.6	0.19 ± 0.16
	GT	335	101.8	100.5	
	TT	39	181.7	174.0	
ALGA0034369	AA	496	76.4	79.5	0.22 ± 0.18
	AG	329	101.6	103.1	
	GG	54	165.8	150.8	
MARC0009863	GG	208	88.9	109.2	0.04 ± 0.03
	AG	456	86.3	85.6	
	AA	200	103.9	102.3	
ALGA0113531	TT	242	100.2	99.4	0.03 ± 0.02
	GT	464	85.9	86.7	
	GG	153	93.3	121.2	

Ramos et al. (2011)

A zsír szkatolkoncentrációját befolyásolja a genotípus.

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



JPH3 GÉNT TÖBB SNP IS ERŐSÍTI

JPH3 = junctophilin 3

Két marker is a génen belül helyezkedik el:

MARC0019446, ASGA0084674

- A génhiba neurodegeneratív megbetegedést okoz
- Emberben a Huntingtonnal hozták összefüggésbe.
- Membránomplex stabilizálásában vesz részt.
- A komplex információátadó a sejtfelszín és a sejt belső régiói között.

A szkatol-koncentrációban betöltött szerepe statisztikailag igazolt, azonban az összefüggés magyarázata még nem ismert.



SERTÉS HÚSMINŐSÉG MARKEREK TRANSZKRIPTOM SZEKVENÁLÁSSAL

CW = carcass súly
BFT = hátszalonna vastagság
CIE L = hússzín, világos/sötét
CIE a = hússzín, vörös
CIE b = hússzín, sárga
CL = főzési veszteség
DL = csepegési veszteség
Pro = fehérje%
Fat = zsír%
Coll = kollagén%
Moi = nedvességtart.
SF = nyíróerő
WHC = víztartóképeség
pH 24 hr = vágás utáni pH
(24 óra)
pH 45 min = vágás utáni pH
(45 perc)

SNV location	Meat quality traits														
	CW	BFT	Meat color			CL	DL	Chemical composition				SF	WHC	Postmortem pH	
			CIE L	CIE a	CIE b			Pro	Fat	Coll	Moi			24 hr	45 min
ch9:70258855	○		△			△						△		○	
ch15:34951693						△									
ch10:13969569							○	△						△	
ch7:61651548			△				○						○	△	
ch7:2302809											△			△	
ch16:21885422	△		△					△		○	△			△	
ch13:22924695		△					○								△
ch13:59221591								△							
ch2:13972118															
ch2:108676311			△	○							△				
ch5:3026394							△					△	△		
ch5:3026507							△	△	△						
ch7:22112616		○			○		○					△	○	○	
ch4:99943976		△									△				
ch16:69410557			△		△	○									

Jung et al., (2012)



wikipedia.org

○ $P < 0.01$
△ $P < 0.05$

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

ELLENŐRZŐ KÉRDÉSEK

Témakörhöz kapcsolódó kérdések

Mi a transzkriptom analízis?

Miként használható ennek eredménye a markerkeresésben?

Mire hat a histone H1.3-like protein?

Mi a csepegési veszteség meghatározó markere?

A halotán génnek mi a szerepe?

Mely gének befolyásolják a kanszag kialakulását?

Lehet ellentétes szelekciót végezni hasonló molekulákra?

Mi a szkatol és az indol?

A JPH3 génnek mi a hatása a húsminőségre?



Felhasznált és ajánlott irodalom

- Bolormaa et al. (2013): Accuracy of prediction of genomic breeding values for residual feed intake and carcass and meat quality traits in *Bos Taurus*, *Bos indicus*, and composite beef cattle. *Journal of Animal Science*. 91. 3088-3104.
- Sanchez et al. (2014): A genome wide association study of production traits in a commercial population of Large white pigs: evidence of haplotypes affecting meat quality. *Genetics Selection Evolution*. 46. 12.
- Lu et al. (2013): Genome-wide association analyses for carcass quality in crossbred beef cattle. *BMC Genetics*. 14. 80.
- Ryan et al. (2012): SNP variation in the promoter of the *PRKAG3* gene and association with meat quality traits in pig. *BMC Genetics*. 13. 66.
- Fernandez et al. (2012): Genome-wide linkage analysis of QTL for growth and body composition employing the PorcineSNP60 BeadChip. *BMC Genetics*. 13. 41.
- Gregersen et al. (2012): Genome-wide association scan and phased haplotype construction for quantitative trait loci affecting boar taint in three pig breeds. *BMC Genomics*. 13. 22.
- Grindflek et al. (2011): Large scale genome-wide association and LDLA mapping study identifies QTLs for boar taint and related sex steroids. *BMC Genomics*. 12. 362.
- Ramos et al. (2011): The distal end of porcine chromosome 6p is involved in the regulation of skatole levels in boars. *BMC Genetics*. 12. 35.
- Jung et al. (2012): RNA-Seq Approach for Genetic Improvement of Meat Quality in Pig and Evolutionary Insight into the Substrate Specificity of Animal Carbonyl Reductases. *PLoS ONE* 7(9): e42198.
- Murray – Johnson (1998): Impact of the halothane gene on muscle quality and pre-slaughter deaths in Western Canadian pigs. *Canadian Journal of Animal Science*. 78. 4. 543-548.
- Jung et al. (2012): RNA-Seq Approach for Genetic Improvement of Meat Quality in Pig and Evolutionary Insight into the Substrate Specificity of Animal Carbonyl Reductases. *PLoS ONE* 7(9): e42198.





DEBRECENI EGYETEM

A HÚS KÉMHAATÁSÁNAK ÉS SZÍNÉNEK MOLEKULÁRIS HÁTTERE

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014

Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SZÉCHENYI 2020



MAGYARORSZÁG
KORMÁNYA

Európai Unió
Európai Szociális
Alap



BEFEKTETÉS A JÖVŐBE

ELŐADÁS VÁZLATA

- **AZ LxAxB ÉRTÉKEK GENETIKAI MARKEREI**
- **SERTÉSHÚS SZÍNÉNEK MARKEREI**
- **A POU1F1 SZEREPE ÉS FUNKCIÓJA**
- **CSIRKEHÚS SZÍNÉNEK MARKEREI**
- **BŐRSZÍN FAKTORA A BCD02**
- **A BCM01 HATÁSA KOMPLEX**
- **A VÁGÁS UTÁNI KÉMHATÁS SNP-I**
- **A VÁGÁS UTÁNI KÉMHATÁS EXPRESSZIÓS FAKTORAI**
- **A PRKAG3, MINT KANDIDÁNS GÉN**



A HÚS SZÍNE

A hús színe (L, a, b) genetikailag kódolt, melyet számos környezeti tényező befolyásol.



SERTÉSHÚS SZÍNÉNEK QTL POZÍCIÓJA

kromoszóma	pozíció cM-ban
1	60-90
2	0-15
5	50-65
6	50-86
15	44-60
17	30-70

víztartalom

nyíróerő

Ezen régiókban egyéb húsminőségi paraméterek is találhatóak

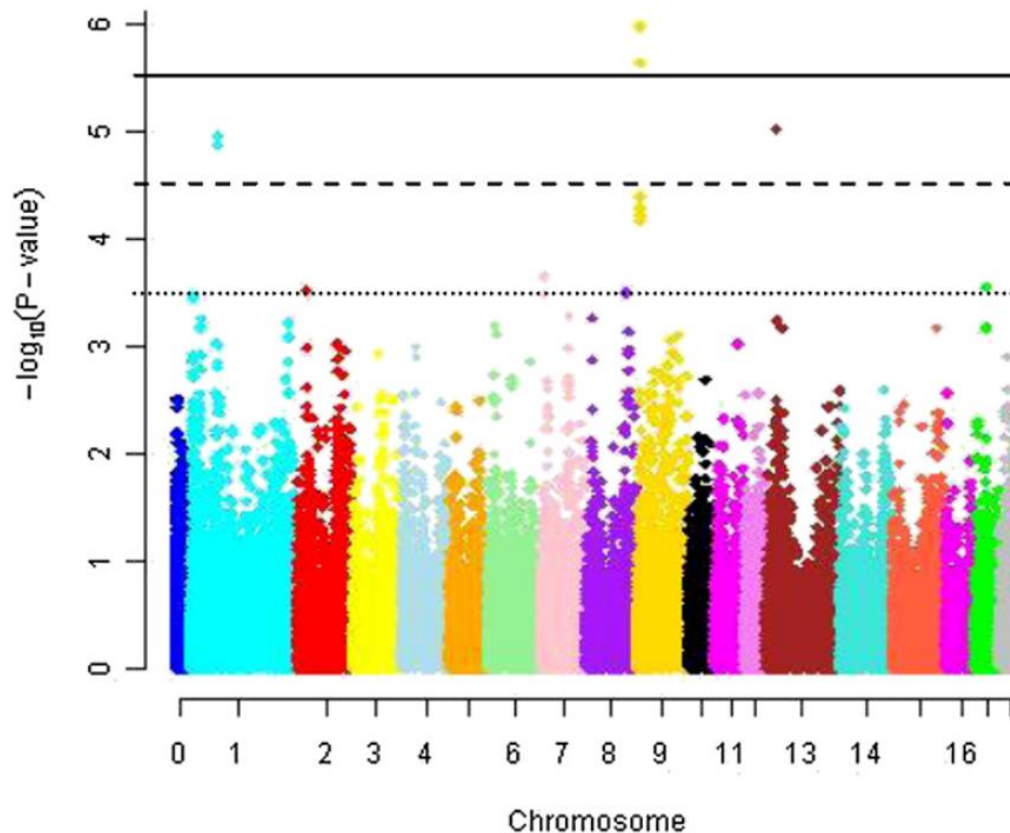


ELTÉRŐ SERTÉSHÚS L X A X B SZÍNEK GENETIKAI MARKEREI

L x a x b	marker
L	MC4R
	IGF2NC
	SDH860
	ADP
	PRK89
	PRKQTN
a	IGF2NC
	FHL3
	PRKQTN
b	PRKQTN
	MC5R
	IGF2NC
	PRK89



A HÚSSZÍN “L” ÉRTÉK DNS HÁTTERE



SNP-k hatása a
vizsgált tulajdonságra

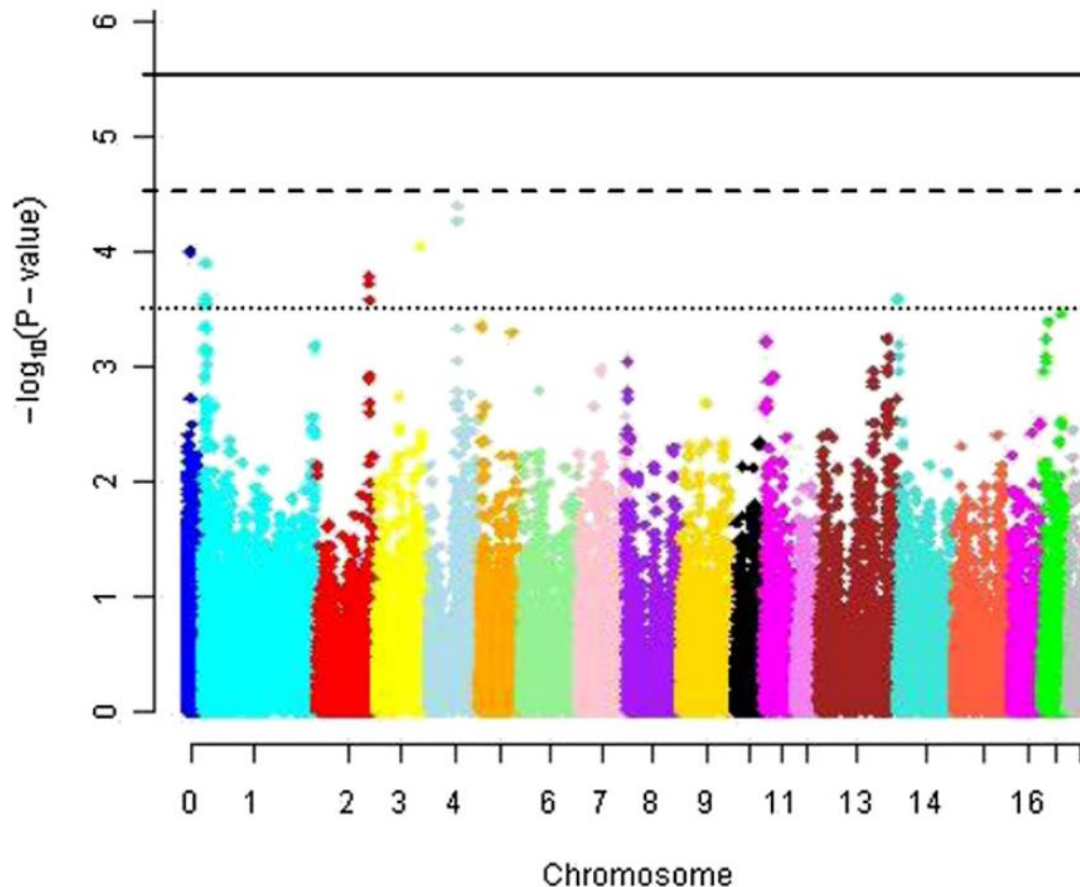
Sanchez et al., 2014

0. kromoszóma: 2140 SNP, nem lokalizált a sus Scrofa 10.2-ben



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

A HÚSSZÍN “A” ÉRTÉK DNS HÁTTERE



SNP-k hatása a vizsgált tulajdonságra

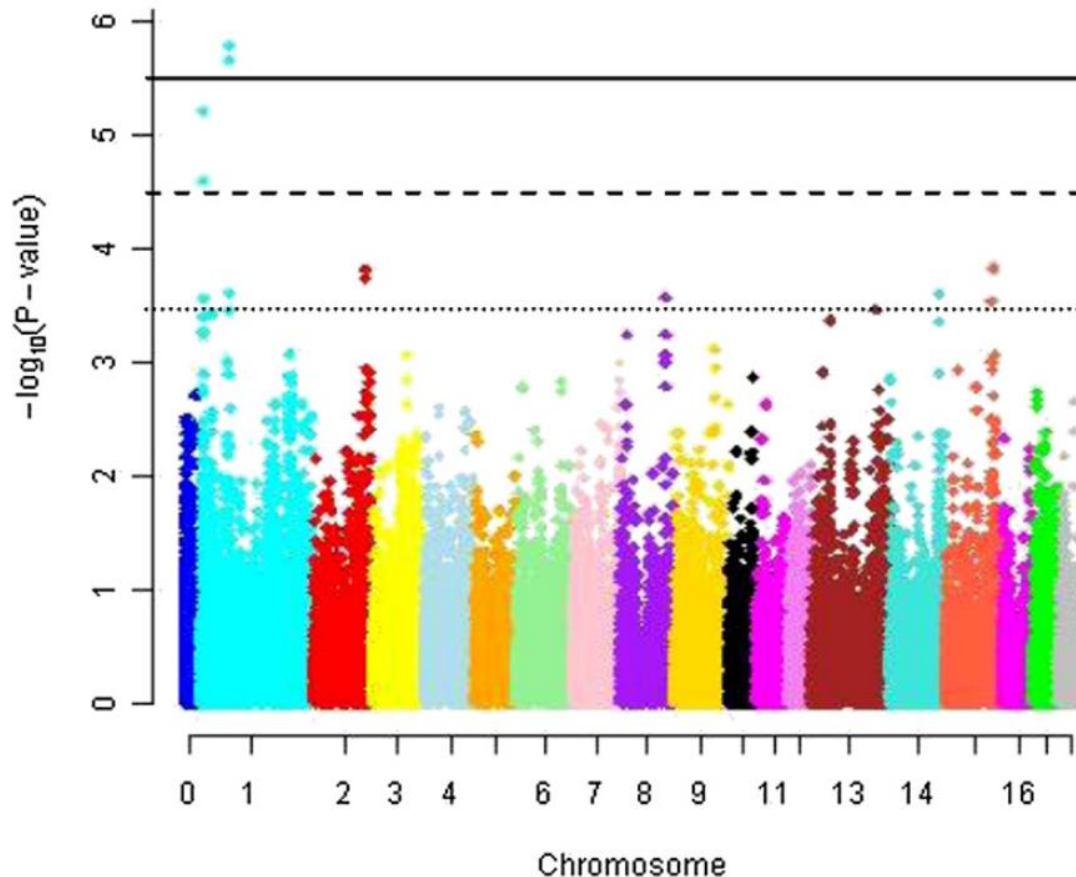
Sanchez et al., 2014

0. kromoszóma: 2140 SNP, nem lokalizált a sus Scrofa 10.2-ben



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

A HÚSSZÍN “B” ÉRTÉK DNS HÁTTERE



SNP-k hatása a
vizsgált tulajdonságra

Sanchez et al., 2014

0. kromoszóma: 2140 SNP, nem lokalizált a sus Scrofa 10.2-ben



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SERTÉS HÚSMINŐSÉG MARKEREK TRANSZKRIPTOM SZEKVENÁLÁSSAL

CW = carcass súly
 BFT = hátszalonna vastagság
 CIE L = hússzín, világos/sötét
 CIE a = hússzín, vörös
 CIE b = hússzín, sárga
 CL = főzési veszteség
 DL = csepegési veszteség
 Pro = fehérje%
 Fat = zsír%
 Coll = kollagén%
 Moi = nedvességtart.
 SF = nyíróerő
 WHC = víztartókéesség
 pH 24 hr = vágás utáni pH
 (24 óra)
 pH 45 min = vágás utáni pH
 (45 perc)

^b SNV location	^a Meat quality traits														
	CW	BFT	Meat color			CL	DL	Chemical composition				SF	WHC	Postmortem pH	
			CIE L	CIE a	CIE b			Pro	Fat	Coll	Moi			24 hr	45 min
ch9:70258855	○		△			△						△		○	
ch15:34951693						△									
ch10:13969569							○	△						△	
ch7:61651548			△				○						○	△	
ch7:2302809											△			△	
ch16:21885422	△		△					△		○	△			△	
ch13:22924695		△				○									△
ch13:59221591								△							
ch2:13972118					△						△				
ch2:108676311			△	○						△					
ch5:3026394							△					△	△		
ch5:3026507							△	△	△						
ch7:22112616		○			○		○					△	○	○	
ch4:99943976		△								△					
ch16:69410557			△		△	○									

Jung et al., (2012)



wikipedia.org

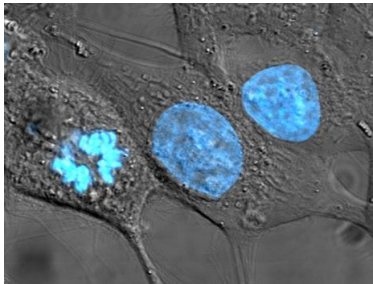
○ $P < 0.01$
 △ $P < 0.05$

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
 Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
 egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

A POU1F1 SZEREPE ÉS FUNKCIÓJA

A POU1F1 gén: POU domain, class 1, transcription factor 1, Pit 1

- ☐ hipofízisben termelődik
- ☐ szerepe van a növekedés szabályozásában
- ☐ növekedési hormon, prolactin szekréciót befolyásol
- ☐ sertés 13. kromoszomán található



SEJT ÉS SZÖVET



- ☐ Súlygyarapodás
- ☐ Carcass súly
- ☐ Hátszalonna vastagság
- ☐ Színhúsmennyiség



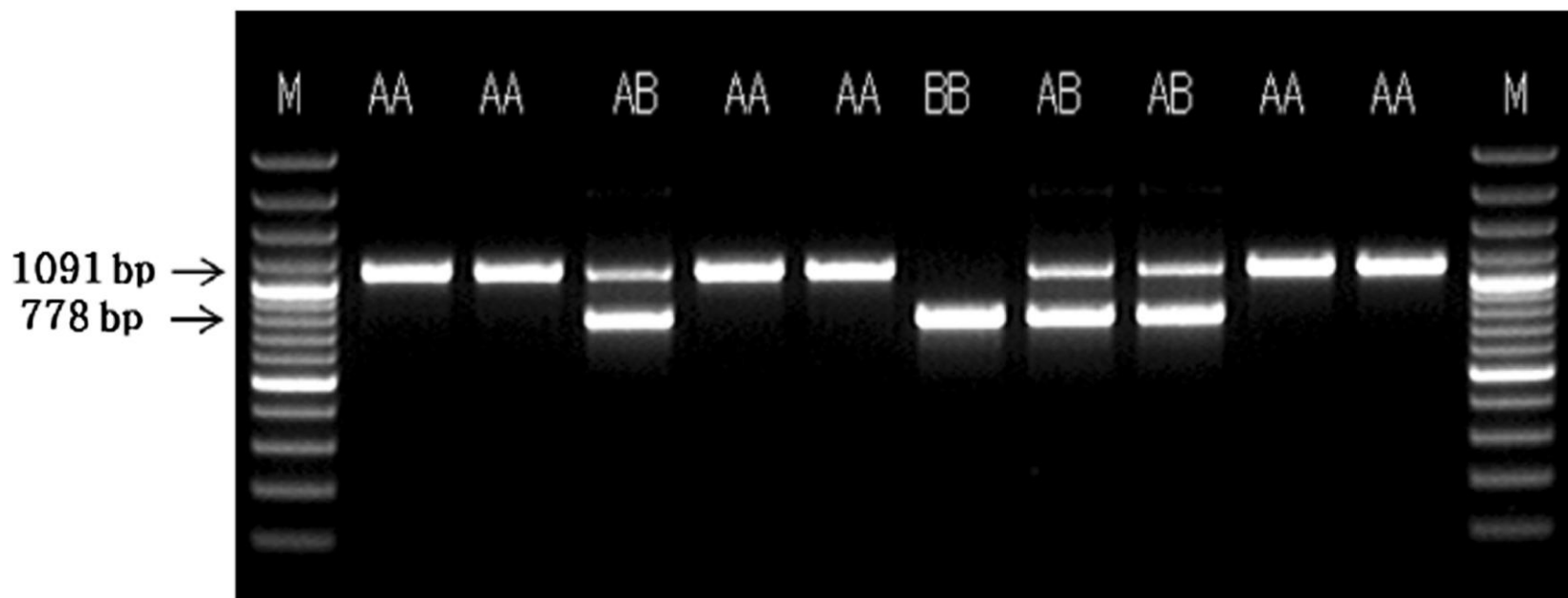
wikipedia.org



A SERTÉS POU1F1 INTRON 1 POLIMORFIZMUS DETEKTÁLÁSA

313 bp ins/del

Az 1. intron PCR termékének agaróz gélelektroforézise



Kim et al., 2014

AA genotípus: 1091 bp

AB genotípus: 778 bp + 1091 bp

BB genotípus: 778 bp



A POU1F1 INTRON 1 POLIMORFIZMUS HATÁSA A SERTÉS HÚSMINŐSÉGÉRE

A POU1F1 hatással van a fogyasztói döntésre! - vörösség

	Genotype				Significant F-value
	AA	AB	BB	Mean $\pm$ SD	
hátszalonna vastagság (mm)	13.09 $\pm$ 0.92	12.14 $\pm$ 1.92	13.33 $\pm$ 1.86	12.59 $\pm$ 0.77	0.107 ^{NS}
carcass súly (kg)	78.76 $\pm$ 1.98 ^b	92.00 $\pm$ 7.61 ^a	92.33 $\pm$ 14.68 ^a	81.86 $\pm$ 2.26	3.474 [*]
L	39.54 $\pm$ 0.91	37.94 $\pm$ 1.78	38.11 $\pm$ 3.56	39.17 $\pm$ 0.79	0.343 ^{NS}
a	17.42 $\pm$ 0.53 ^{ab}	18.36 $\pm$ 1.73 ^a	14.04 $\pm$ 3.55 ^b	17.30 $\pm$ 0.52	3.258 [*]
b	10.87 $\pm$ 0.40	10.90 $\pm$ 0.91	9.78 $\pm$ 1.92	10.79 $\pm$ 0.36	0.327 ^{NS}
pH	5.70 $\pm$ 0.62	5.67 $\pm$ 0.13	5.59 $\pm$ 0.05	5.69 $\pm$ 0.05	0.195 ^{NS}
színmegh. szemmel #	4.05 $\pm$ 0.17	4.63 $\pm$ 0.42	5.00 $\pm$ 0.07	4.22 $\pm$ 0.16	2.102 ^{NS}

1= halvány, sápadt; 7= sötét lilásvörös

Kim et al., 2014



HÁZITYÚK HÚS SZÍNÉNEK EXPRESSZIÓS MARKEREI

	alacsony értékű csoport	magas értékű csoport
hússzín, L érték	51.53 ± 1.74	62.50 ± 1.14**
hússzín, b érték	11.07 ± 0.98	21.23 ± 1.34**

mRNS expresszió különbsége házityúknál

		alacsony értékű csoport	magas értékű csoport
L*	COL1A2	1.01 ± 0.19**	0.24 ± 0.19
	PSMD12	1.01 ± 0.16*	0.67 ± 0.04
	KPNA2	1.00 ± 0.09	1.76 ± 0.37*

Sun et al., 2013



A TYÚK BŐRSZÍNÉT BEFOLYÁSOLÓ MARKEREK

Szín- paraméter	kromoszóma	pozíció	allél	Legközelebbi gén
L	2	99182734	G/A	PTPN2
L	13	10586210	G/A	SPINK5
L	13	11284741	G/A	CLINT1
L	21	3645146	G/A	PGD
a	19	2083895	G/A	MIR1587
b	6	33306370	G/A	BUB3

Sun et al., 2013



BÉTA KAROTIN DIOXIGENÁZ 2 (BCD02)

Sárga bőrű tyúkok

Fehér bőrű tyúkok

a karotinoidok jelenléte vagy hiánya határozza meg

Homozigóta recesszív egyedek



A mutáció gátolja a BCD02 expresszióját a bőrben (más szövetben nem).

Domináns allélt hordozó egyedek



A beta karotin dioxigenáz 2 a
színes karotinoidokat színtelen apokarotinoidokká alakítja

..... amennyiben termelődik a BCD02 fehérje.

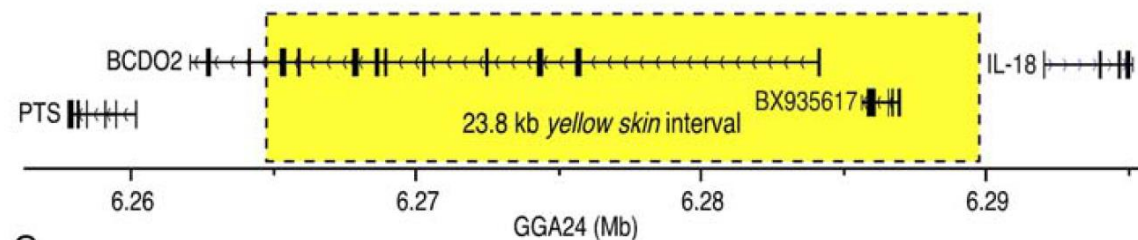
Az allélok fajtán belül gyakran fixálódtak, így lehetnek pl. sárga bőrű fajták.



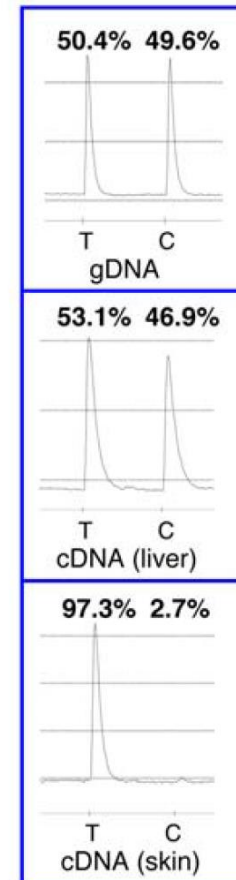
BCD02 EXPRESSZIÓJA ÉS LOKALIZÁCIÓJA

Eriksson et al. (2008)

A sárga bőrszínnel korreláló kromoszómarégió

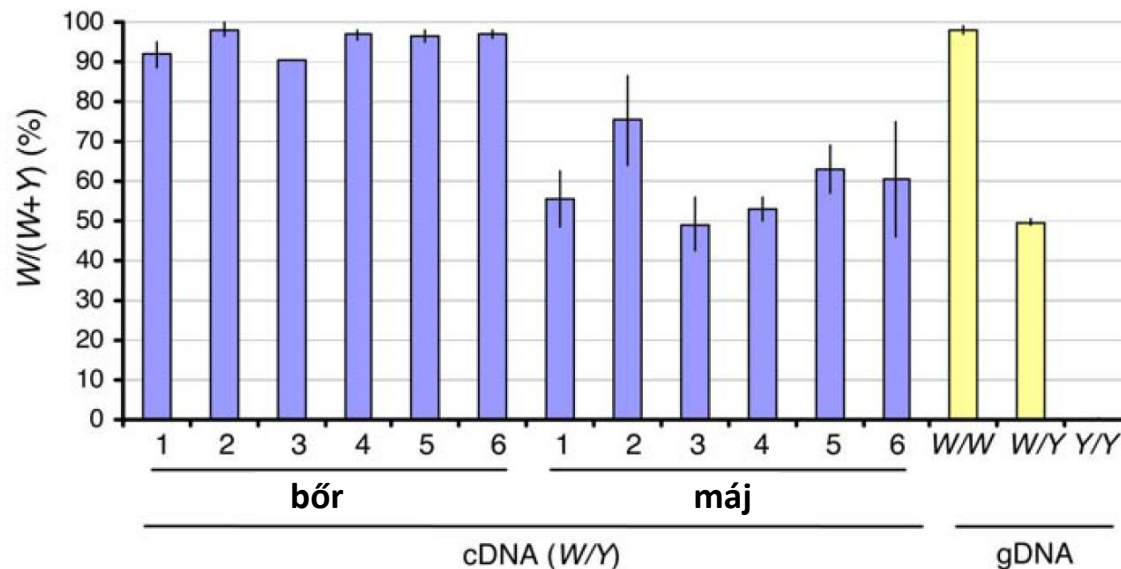


B



Sárga bőrű heterozigóta egyed (T/C) BCD02 expr.

C

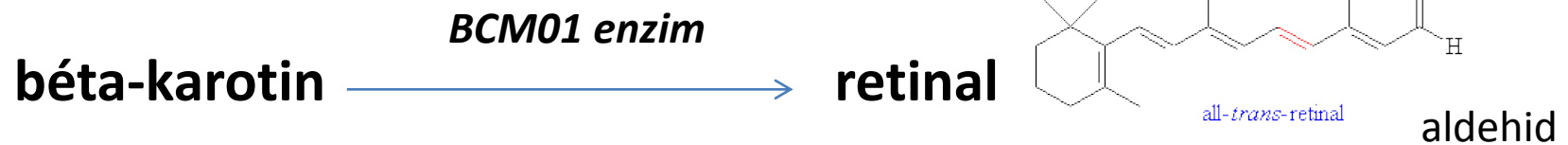


6 heterozigóta tyúk expressziója



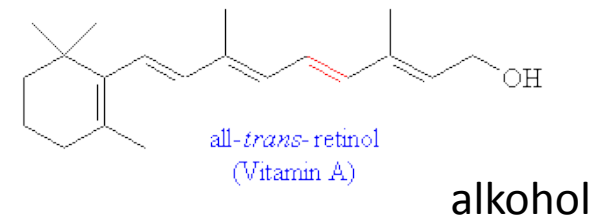
BCM01, KAROTIN, A VITAMIN

BCM01 (b-carotene 15, 15'-monooxygenase 1) egy béta karotin monooxygenáz



SZÍNESBŐL

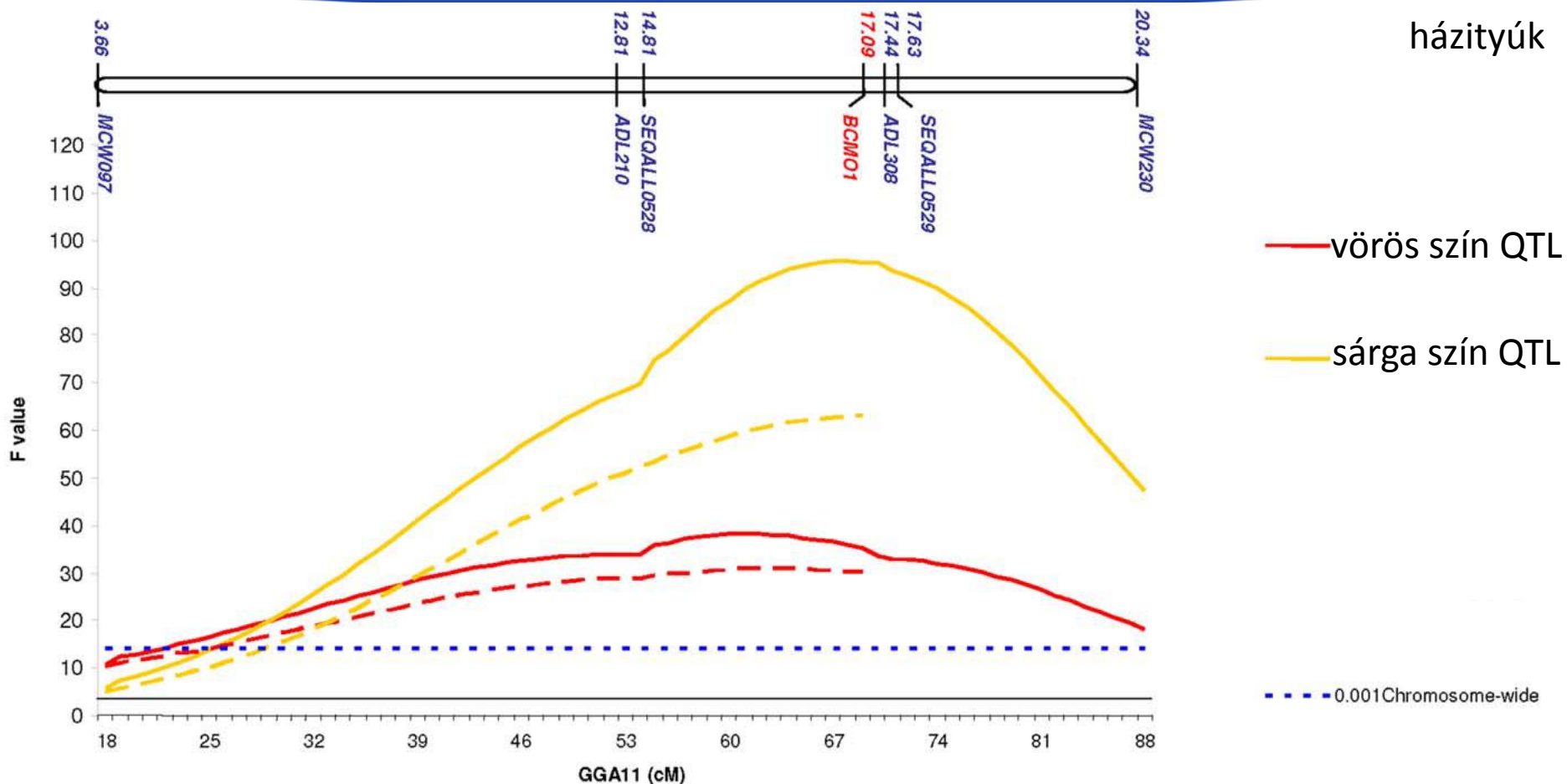
SZÍNTELEN



A retinol a retinal prekursora.



A SÁRGASÁG ÉS A VÖRÖSSÉG QTL-E A GGA11-EN ÉS A BCM01 LOKALIZÁCIÓJA



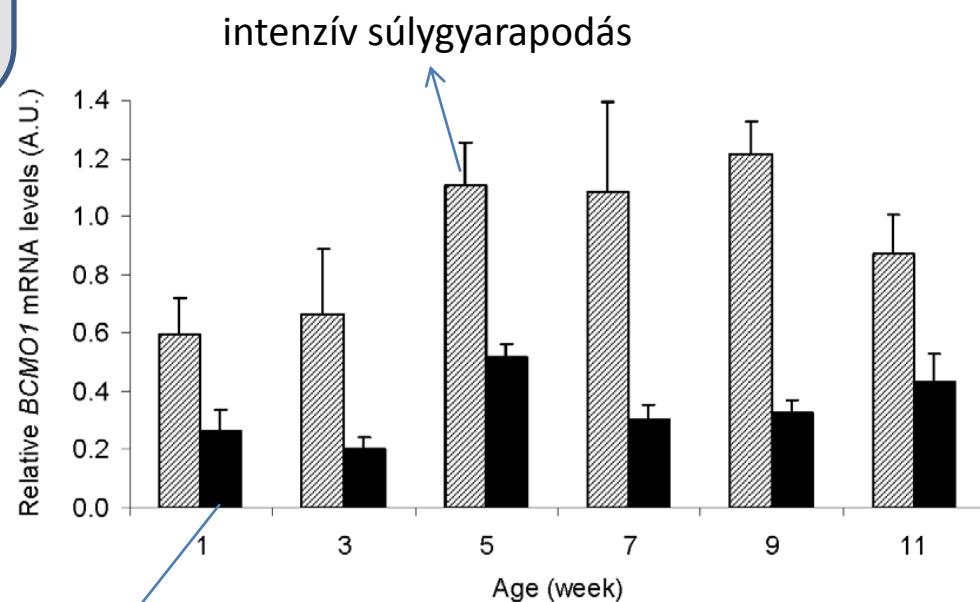
Le Bihan-Duval et al. (2011)



A BCM01 A HÚSTERMELŐKÉPESSÉGGEL IS KAPCSOLATBAN ÁLL

házityúk

Az életkortól függetlenül, a broiler-előállítás teljes időszakában magasabb expressziót mutatnak az intenzív hibridek.



Le Bihan-Duval et al. (2011)

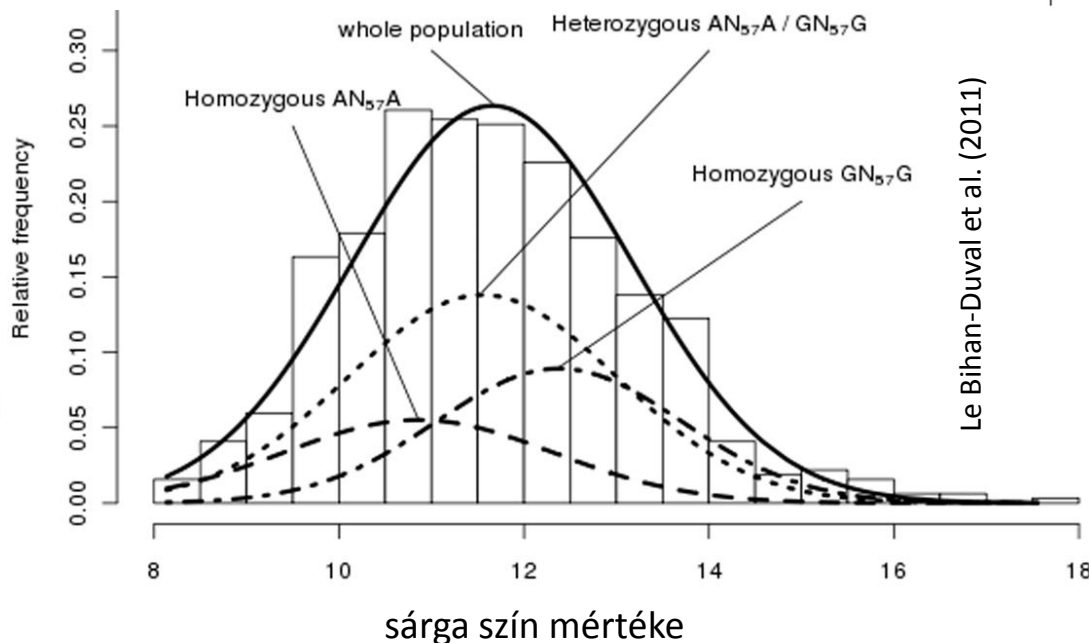
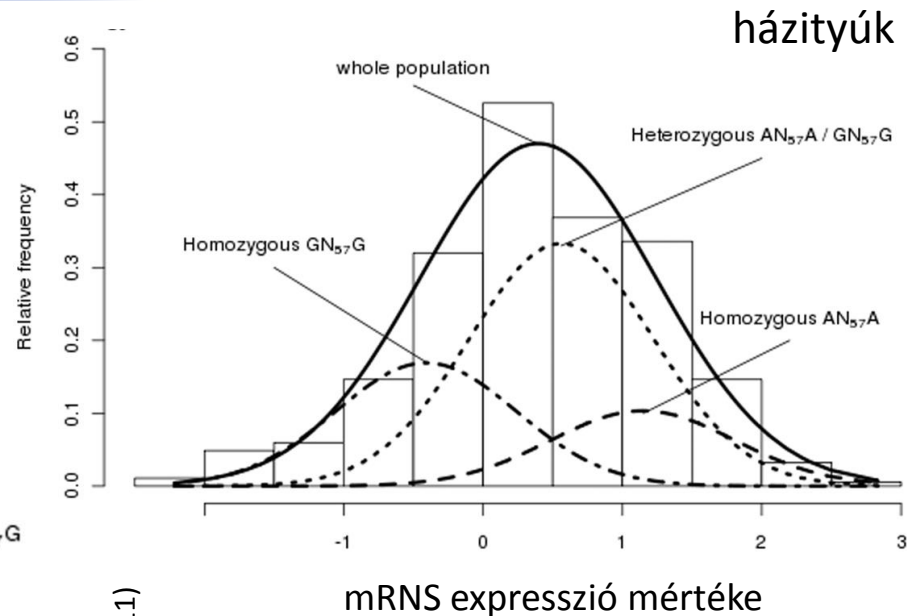
alacsony napi súlygyarapodás

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



BCM01 HAPLOTÍPUS ÉS A BCM01 EXPRESSZIÓJA, ILLETVE A HÚS SZÍNE

A genotípus (haplotípus) számít!



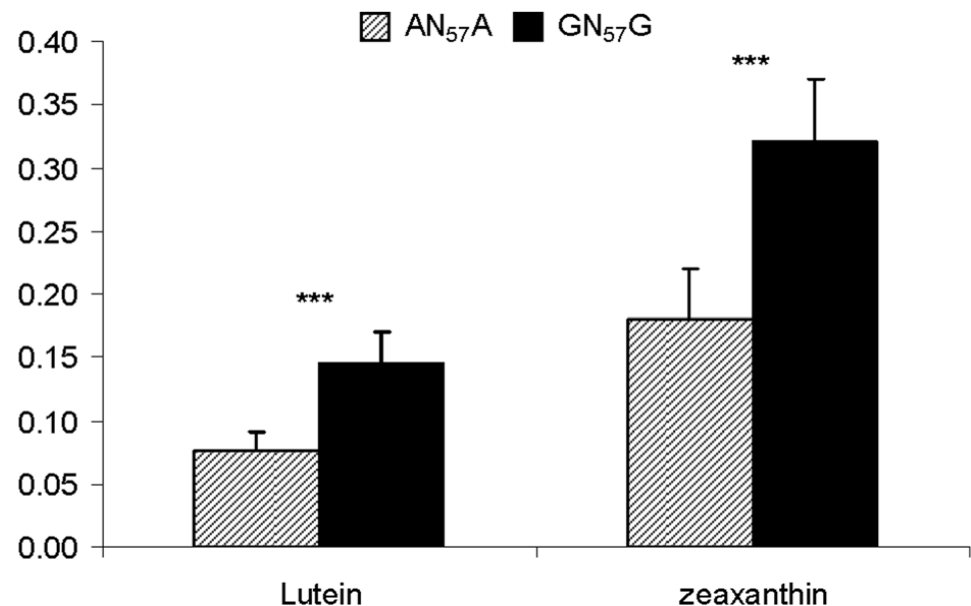
Le Bihan-Duval et al. (2011)



A BCM01 GENOTÍPUS ÉS A LUTEIN, ZEAXANTIN KONCENTRÁCIÓ

Le Bihan-Duval et al. (2011)

Az izomszövet karotinoid pigment-koncentrációja és a BCM01 haplotípus szignifikáns kapcsolatban áll.



A marker hatása
fenotípusosan (húsminőség) és a hatóanyagok (színanyagok)
szintjén is igazolódott.

háztitűk



A SERTÉSHÚS SZÍNE, KÉMHATÁSA – *PRKAG3 EXPRESSZIÓJA*

A sertés PRKAG3 génben leírt SNP-k:

Ryan et al. (2012)

c/EBP (A)		SPI (C)		Ik-L (G)					
-995	-968	-671	-583	-480	-461	-311	-221	-158	-58
[A/G]	[G/A]	[A/G]	[C/T]	[C/T]	[C/T]	[A/G]	[G/A]	[C/G]	[A/G]

PRKAG3 expresszója korrelál húsminőségi tulajdonságokkal

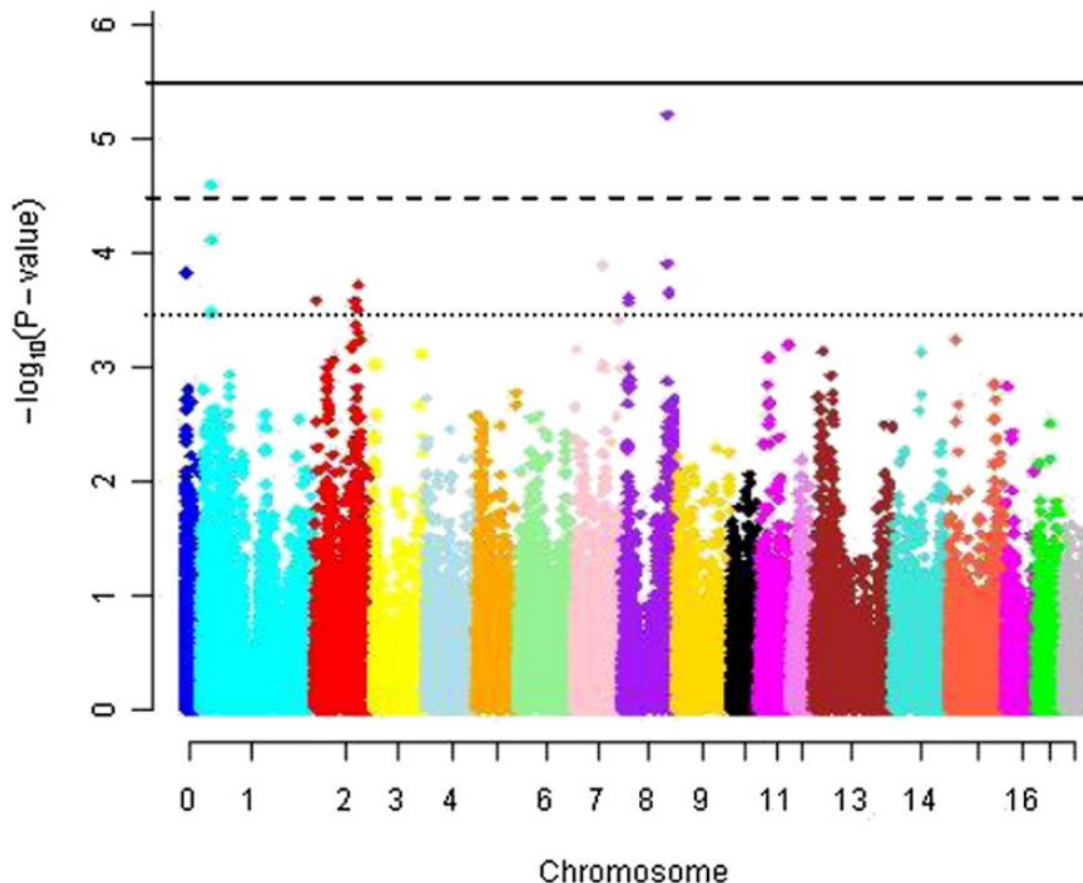
tulajdonság	r érték
L érték (1. nap)	0,540
L érték (3. nap)	0,436
L érték (7. nap)	0,362
pH	-0,504



A hús pH értéke *post mortem*



A HÚS KÉMHA-TÁSÁNAK DNS HÁTTERE



pH 24h

SNP-k hatása a
vizsgált tulajdonságra

Sanchez et al., 2014

0. kromoszóma: 2140 SNP, nem lokalizált a sus Scrofa 10.2-ben



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SERTÉS HÚSMINŐSÉG MARKEREK TRANSZKRIPTOM SZEKVENÁLÁSSAL

CW = carcass súly
 BFT = hátszalonna vastagság
 CIE L = hússzín, világos/sötét
 CIE a = hússzín, vörös
 CIE b = hússzín, sárga
 CL = főzési veszteség
 DL = csepegési veszteség
 Pro = fehérje%
 Fat = zsír%
 Coll = kollagén%
 Moi = nedvességtart.
 SF = nyíróerő
 WHC = víztartókéesség
 pH 24 hr = vágás utáni pH
 (24 óra)
 pH 45 min = vágás utáni pH
 (45 perc)

^b SNV location	^a Meat quality traits														
	CW	BFT	Meat color			CL	DL	Chemical composition				SF	WHC	Postmortem pH	
			CIE <i>L</i>	CIE <i>a</i>	CIE <i>b</i>			Pro	Fat	Coll	Moi			24 hr	45 min
ch9:70258855	○		△			△						△		○	
ch15:34951693						△									
ch10:13969569							○	△						△	
ch7:61651548			△				○						○	△	
ch7:2302809											△			△	
ch16:21885422	△		△					△		○	△			△	
ch13:22924695		△				○									△
ch13:59221591								△							
ch2:13972118					△						△				
ch2:108676311			△	○						△					
ch5:3026394							△					△	△		
ch5:3026507							△	△	△						
ch7:22112616		○			○		○					△	○	○	
ch4:99943976		△								△					
ch16:69410557			△		△	○									

Jung et al., (2012)



wikipedia.org

○ $P < 0.01$
 △ $P < 0.05$

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
 Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
 egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

PRKAG3 – EGY LEHETSÉGES MARKER

cell-specific regulatory subunit gamma 3 of AMP-activated protein kinase (AMPK)

Az AMP aktivált protein kináz felelős a sejtszintű metabolikus stresszért.

Legismertebb mutációja az egyedül Hampshire-ben leírt **PRKAG3 200Q**



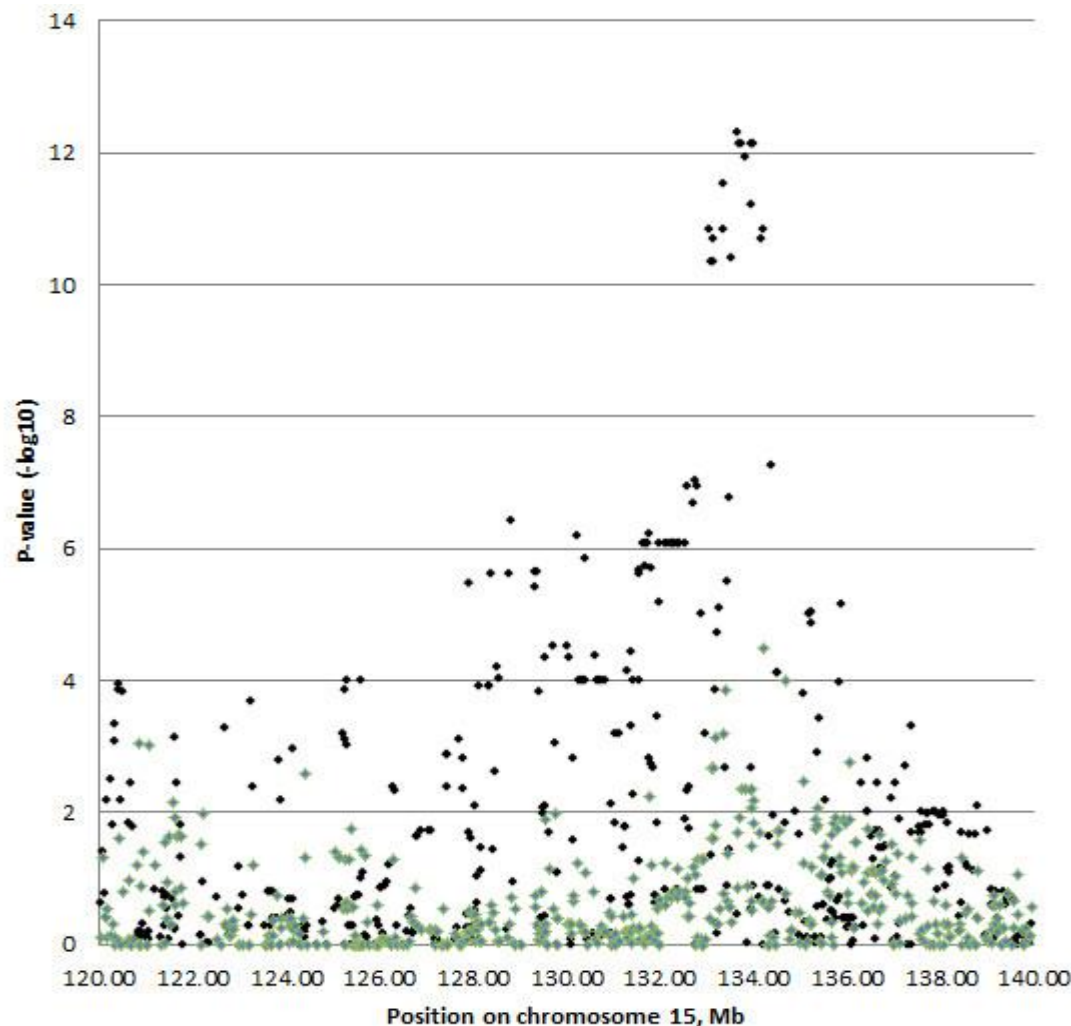
több glikogén a vázizomban



vágás utáni pH lecsökken



SERTÉS 15. KROMOSZÓMÁN SNP DETEKTÁLÁS HÚS PH-RA



Teljes genomot érintő
marker SNP keresés a
15. kromoszómán, a
PRKAG3 régiójában
talált SNP-ket.



ELLENŐRZŐ KÉRDÉSEK

Témakörhöz kapcsolódó kérdések

A szín QTL-e több régióban is jelen van?

Az L a b markerek azonosak?

Sejtszinten mit befolyásol a POU1F1?

A sertés- és a csirkehús expressziós faktorai azonosak?

A bőrszín szelekcióval befolyásolható?

Mire hat a BCD02 gén?

Összefügg a BCM01 a színanyagokkal?

A sertéshús pH-jának SNP-i milyen szórást mutatnak (chr. 15)?



Felhasznált és ajánlott irodalom

- Rohrer et al. (2012): Association of single nucleotide polymorphism (SNP) markers in candidate genes and QTL regions with pork quality traits in commercial pigs. *Meat Science*. 92. 511-518.
- Sanchez et al. (2014): A genome wide association study of production traits in a commercial population of Large white pigs: evidence of haplotypes affecting meat quality. *Genetics Selection Evolution*. 46. 12.
- Sun et al. (2013): The identification of 14 new genes for meat quality traits in chicken using a genome-wide association study. *BMC Genomics*. 14. 458.
- Kimet al. (2014): Association of genotype of POU1F1 intron 1 with carcass characteristics in crossbred pigs. *Journal of Animal Science and Technology*. 56. 25.
- Uimari – Sironen (2014): A combination of two variants in *PRKAG3* is needed for a positive effect on meat quality in pigs. *BMC Genetics* 15. 29.
- Le Bihan-Duval et al. (2011): Detection of a Cis eQTL Controlling *BMCO1* Gene Expression Leads to the Identification of a QTG for Chicken Breast Meat Color. *Plos ONE*. 6(7): e14825. doi:10.1371/journal.pone.0014825
- Eriksson et al. (2008): Identification of the *Yellow Skin* Gene Reveals a Hybrid Origin of the Domestic Chicken. *PLoS Genetics*. 4. 2. e1000010. doi:10.1371/journal.pgen.1000010
- Ryan et al. (2012): SNP variation in the promoter of the *PRKAG3* gene and association with meat quality traits in pig. *BMC Genetics*. 13. 66.
- Jung et al. (2012): RNA-Seq Approach for Genetic Improvement of Meat Quality in Pig and Evolutionary Insight into the Substrate Specificity of Animal Carbonyl Reductases. *PLoS ONE* 7(9): e42198.





DEBRECENI EGYETEM

A MÁRVÁNYOZOTTSÁG ÉS A KARKASZ ZSÍR KANDIDÁNS DNS RÉGIÓI

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SZÉCHENYI 2020



MAGYARORSZÁG
KORMÁNYA

Európai Unió
Európai Szociális
Alap



BEFEKTETÉS A JÖVŐBE

ELŐADÁS VÁZLATA

- **A HÚS MÁRVÁNYOZOTTSÁGA – SPECIÁLIS GENOTÍPUS**
- **A GENOMIKUS TENYÉSZÉRTÉK ÉS A MÁRVÁNYOZOTTSÁG**
- **FTO GÉN ÉS A MÁRVÁNYOZOTTSÁG**
- **INTRAMUSZKULÁRIS ZSÍR EXPRESSZIÓS FAKTORAI**
- **ABDOMINÁLIS ZSÍR SNP-I**
- **ABDOMINÁLIS ZSÍR MOLEKULÁRIS HÁTTERE mRNS EREDMÉNYEK ALAPJÁN**
- **FAGGYÚDEPONÁLÁST MEGHATÁROZÓ GÉNEK A GENOMBAN**



MÁRVÁNYOZOTTSÁG – QTL ÉS SNP

WAGYU SZARVASMARHA

A japán fekete marha a wagyu alapfajtája.

SNP chip tanulmányt végeztek genomikus tenyésztéértébecsléshez.

Legfontosabb húsminőségi paramétere az extrém márványozottság.



a különleges húsa:



wikipedia.org



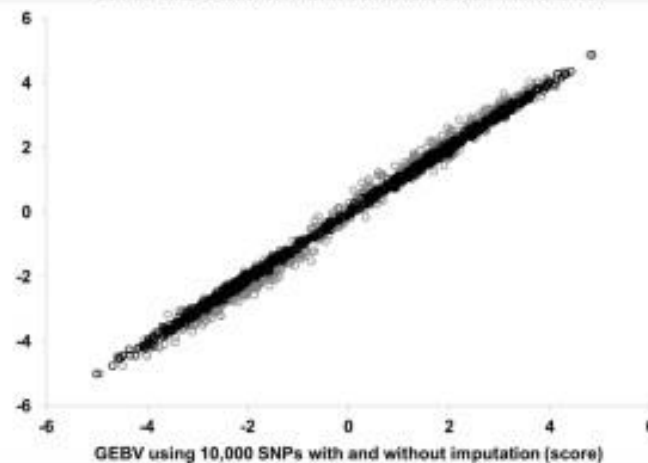
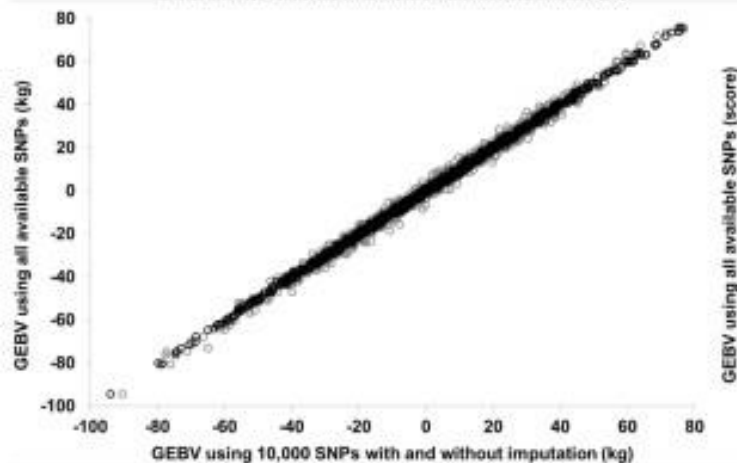
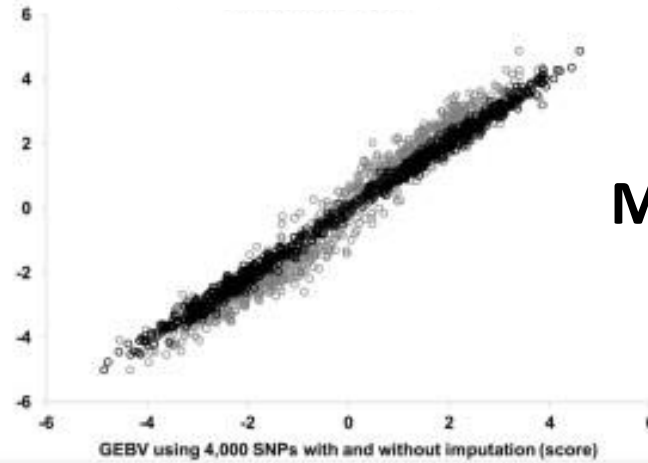
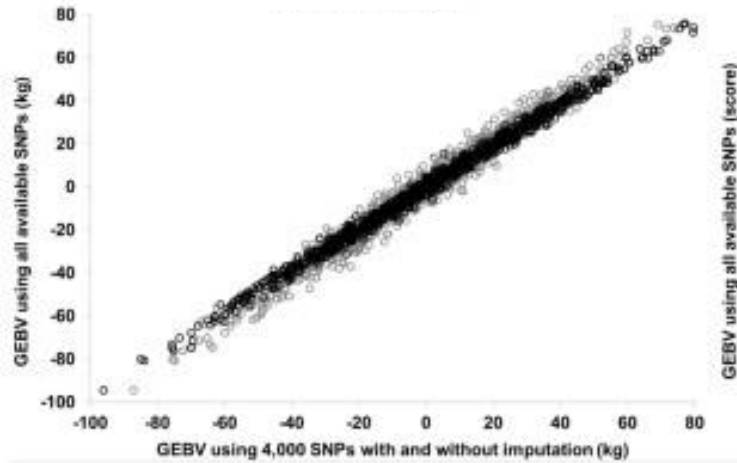
TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

TENYÉSZÉRTÉK BECSLÉSE GENOMANALÍZIS ALAPJÁN MÁRVÁNYOZOTTSÁGRA

Vágott féltest (kg)

Márványozottság

MARHAHÚS



Ogawa et al. (2014)

4 000 SNP alapján

10 000 SNP alapján



MÁRVÁNYOZOTTSÁG – QTL ÉS SNP

Korreláció a genomikus tenyészárték és vágott féltest között:

4 000 SNP	$r = 0,99$
10 000 SNP	$r = 0,99$

Korreláció a genomikus tenyészárték és a márványozottság között:

4 000 SNP	$r = 0,98$
10 000 SNP	$r = 0,99$



MÁRVÁNYOZOTTSÁG – QTL ÉS SNP

Lineáris regressziós koefficiens a genomikus tenyészték és a vágott féltest között:

4 000 SNP	$r = 0,94$
10 000 SNP	$r = 0,98$

Lineáris regressziós koefficiens a genomikus tenyészték és a márványozottság között:

4 000 SNP	$r = 0,82$
10 000 SNP	$r = 0,94$



MÁRVÁNYOZOTTSÁG – QTL ÉS SNP

Eltérés oka:

CARCASSRA TALÁLTAK NÉHÁNY NAGYHATÁSÚ QTL-T,
MÁRVÁNYOZOTTSÁGNÁL NEM AZONOSÍTOTTAK ILYEN
ERŐS MARKEREKET.



[wikipedia.org](https://www.wikipedia.org)



MARHAHÚS – INTRAMUSZKULÁRIS ZSÍR

Bovine SNP chip eredménye alapján

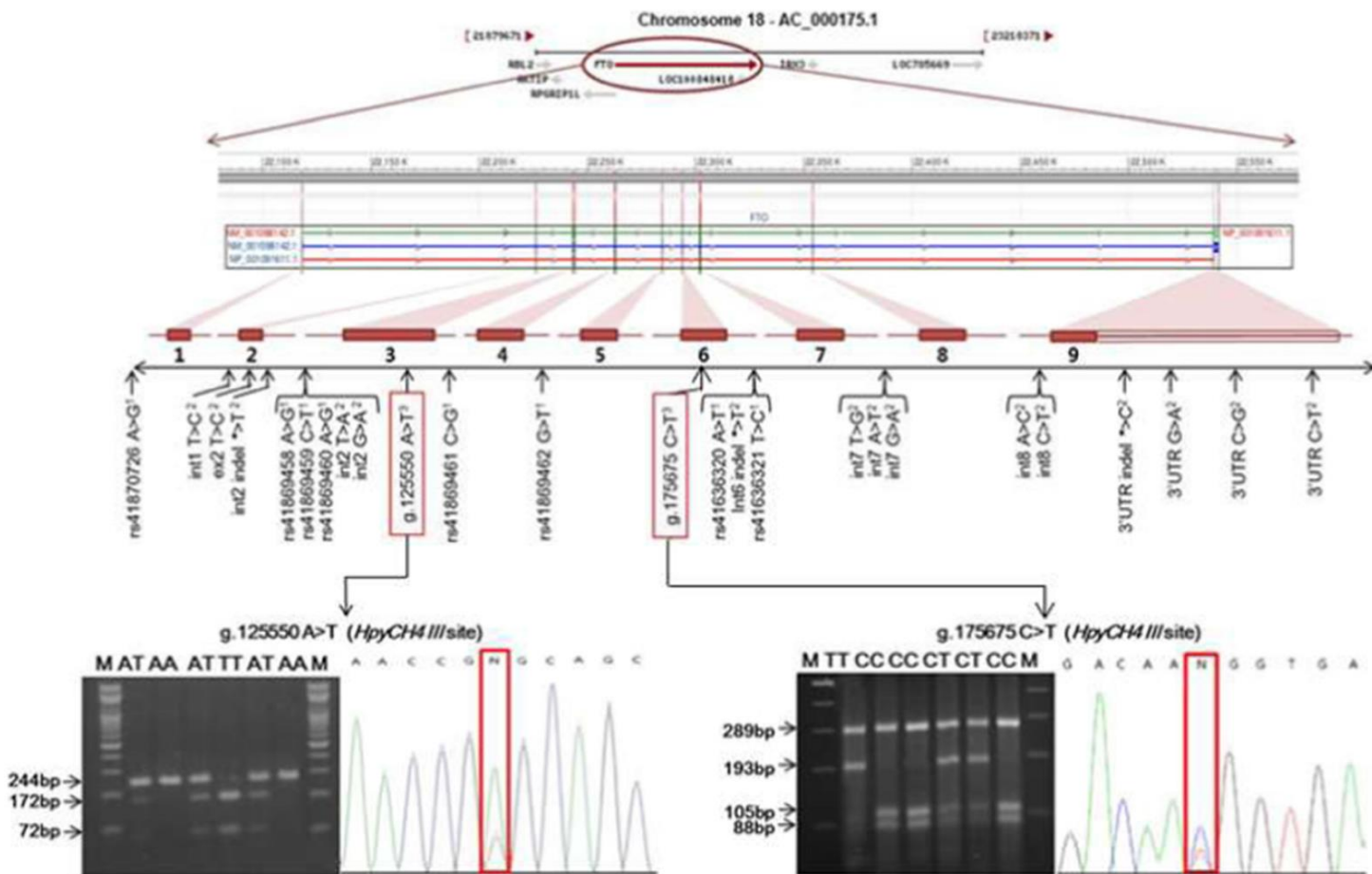
SNP neve	kromoszóma	Pozíció (bp)
BTB-01182680	9	81 368 713
BovineHD1000027795	10	96 286 865
ARS-BFGL-NGS-30322	14	49 289 017

$$P < 10^{-8}$$



MARHAHÚS MÁRVÁNYOZOTTSÁGA ÉS AZ FTO GÉN

FTO = fat mass and obesity associated gene



Chung, 2014

Hanwoo szarvasmarha A/T, C/T szubsztitúció

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



AZ FTO GÉN HATÁSA A FENOTÍPUSRA

Az FTO gén szerepe, funkciója:

- ☐ Befolyásolja a testtömegindexet
- ☐ Hatással lehet a zsírszövet fejlődésére
- ☐ Lipolitikus aktivitásra hat
- ☐ Energia homeosztázist meghatározza
- ☐ Hátszalonna vastagság
- ☐ Intramuszkuláris zsírdepozíció



Lokalizáció: BTA 18, húsminőségre ható QTL régiója

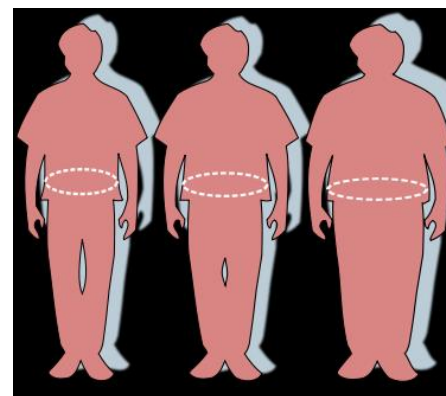
TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

AZ FTO GÉN SZEREPE A SEJT MŰKÖDÉSÉBEN

Az FTO gén kódolja a
2-oxoglutarát függő oxigenázt

- ☐ DNS javítás
- ☐ Zsírsav metabolizmus
- ☐ Poszttranszlációs módosulások
- ☐ Transzkripció koaktivátor

Emberben összefüggésbe hozták az elhízással!



hu.wikipedia.org



Lokalizáció: BTA 18, húsminőségre ható QTL régiója

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

MARHAHÚS MÁRVÁNYOZOTTSÁGA ÉS AZ FTO GÉN SNP-INEK ÖSSZEFÜGGÉSE

		Genotype (mean ± SE)			P-value	
					<i>P_{raw}</i>	<i>P_{corrected}</i>
		AA	AT	TT		
g. 125550A/T	Márványozottság	6.082 ± 0.194 ^a	5.173 ± 0.200 ^b	6.000 ± 0.461 ^a	<0.001	0.003
	Hússzín	4.931 ± 0.033	4.956 ± 0.034	4.923 ± 0.079	0.846	1.246
	Faggyúszín	3.000 ± 0.009	2.958 ± 0.009	3.000 ± 0.022	0.539	0.922
	Hús textúra	1.068 ± 0.036	1.159 ± 0.037	1.076 ± 0.086	0.209	0.415
	Hús érettség	2.054 ± 0.034	2.130 ± 0.035	2.153 ± 0.082	0.244	0.478
	Hátfaggyú vastagság	14.301 ± 0.614	14.797 ± 0.631	13.692 ± 1.455	0.730	1.013
	Rostélyos ktmszt	92.671 ± 1.132	89.739 ± 1.165	91.230 ± 2.684	0.199	0.348
	Carcass súly	431.045 ± 6.360	432.972 ± 6.541	430.923 ± 15.071	0.976	1.462
g.175675C/T		CC	CT	TT		
	Márványozottság	5.932 ± 0.164	5.854 ± 0.258	5.571 ± 0.390	0.695	0.695
	Hússzín	2.991 ± 0.006	3.000 ± 0.010	3.000 ± 0.016	0.748	0.748
	Faggyúszín	1.101 ± 0.027	1.062 ± 0.043	1.190 ± 0.065	0.272	0.272
	Hús textúra	2.135 ± 0.027	2.062 ± 0.043	2.000 ± 0.065	0.097	0.097
	Hús érettség	30.694 ± 0.086	3.666 ± 0.135	3.476 ± 0.205	0.618	0.618
	Hátfaggyú vastagság	13.652 ± 0.442	14.125 ± 0.694	14.248 ± 1.049	0.782	0.782
	Rostélyos ktmszt	91.872 ± 0.874	91.666 ± 1.371	93.190 ± 2.074	0.815	0.815
Carcass súly	431.525 ± 4.755	441.416 ± 7.456	431.428 ± 11.272	0.520	0.520	

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014

Chung, 2014

Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



A MÁRVÁNYOZOTTSÁGGAL KAPCSOLATBA HOZHATÓ FTO SNP-K

FTO = fat mass and obesity associated gene

ÁLLATFAJ	SNP POZÍCIÓJA	EGYÉB TULAJDONSÁGRA GYAKOROLT HATÁS
Sertés	g.276T/G (3 UTR régió)	
Sertés	g.1191A/G (5 szabályozó régió)	
Szarvasmarha	g.1071C/T (exon 5)	Hátfaggyú vastagság Rostélyos terület
Szarvasmarha	T/C szubsztitúció (exon 2)	Súlygyarapodás Carcass súly



SERTÉSHÚS INTRAMUSZKULÁRIS ZSÍR% GENETIKAI FAKTORAI

MICROARRAY

NAGY FEHÉR X LANDRACE / NAGY FEHÉR SERTÉSEK

magas intramuszkuláris zsírtartalom
1,3%

alacsony intramuszkuláris zsírtartalom
0,2%

vastag: emelkedett expr.
dőlt: csökkent expr.

RAF1, TPM1, LDB3, FHL1, NOLC1, GAPDH, SH3GLB1, MYOT, PRKG1, CUL3, MAP4, MYOM1, UBE2B, NEB, VCP, TCP1, CTNNB1, ACTA1, ACTN2, TPM2, HMGN1, ACTG1, TTN, DCTN2, ARF1, TFAM, TPM3, SCP2, TMED10, HSP90AA1, ACTN3, EE1A2, PPP1R3C, GAPDH, PGM1, PGAM2, SH3GLB1, PPP1R3A, TPI1, PFKM, ARF1, PYGM, CS, UGP2, SCP2, ACP6, IRS1, GYG1, EE1A1, CTNNB1, ACADM, TPM1, RAF1, FHL1, TRDN, PGM1, TPM2, ACTG1, PRKG1, TTN, DCTN2, PYGM, TPM3, MYOM1, UBE2B, VCP, NEB, CSNK2A1, HSP90AA1, CTNNB1, DERL2, TPM1, RAF1, CALM1 (includes others), CEP135, NOLC1, CUL3, MAP4, UBE2B, PMF1, CSNK2A1, NCOA4, TCP1, UBE2D3, CTNNB1, PPP2R5C, YWHAB, PGAM2, MAPK12, HMGN1, DCTN2, CSNK2A2, IRS1, AHCTF1, HSP90AA1, GNL3, EE2, YWHAB, ACTN2, EE1A2, DCTN2, UBR3, PFKM, RPS24, LGMN, UBE2B, RPL10, RPL35A, NDFIP1, IRS1, VCP, EE1A1, UBE2D3, MT-RNR1, CTNNB1, ACADM, EIF4B, DERL2, RPS24, SBDS, RPL35A, NOLC1, EIF4B, LGMN, UBE2B, NDFIP1, VCP, UBE2D3, DERL2, UBR3, CUL3, TPM1, CALM1 (includes others), NOLC1, AHCTF1, NCOA4, CTNNB1, PRKG1, DCTN2, SDHA, QKI, SUCLG2, EE1A2, ACADSB, HADHB, ARF1, MAP4, CS, STRADB, SCP2, ACP6, IRS1, EE1A1, NCOA4, GOT2, ACADM

TAMOP-4.1.1-C-12/1/KONV-2012-0014

Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



SERTÉSHÚS INTRAMUSZKULÁRIS ZSÍR% GENETIKAI FAKTORAI

MICROARRAY

NAGY FEHÉR X LANDRACE / NAGY FEHÉR SERTÉSEK

Expressziós változás által érintett útvonalak (gének szerepe):

Metabolikus útvonal:

- glikolízis/glükoneogenezis
- Ubikinon bioszintézis
- Citrát ciklus
- Propanoát metabolizmus
- Béta-alanine metabolizmus
- Galaktóz metabolizmus
- Butaonát metabolizmus
- Valin, leucine, izoleucin degradáció
- Pentóz foszfát ciklus



SERTÉSHÚS INTRAMUSZKULÁRIS ZSÍR% GENETIKAI FAKTORAI

MICROARRAY

NAGY FEHÉR X LANDRACE / NAGY FEHÉR SERTÉSEK

Expressziós változás által érintett útvonalak (gének szerepe):

Szignalling útvonal:

- Aktin citoszkeleton szignalling
- Kalcium szignalling
- ILK szignalling
- Protein kináz A szignalling
- Integrin szignalling
- NRF2 mediált oxidatív stresszválasz
- CDK5 szignalling
- VEGF szignalling



SERTÉSHÚS INTRAMUSZKULÁRIS ZSÍR% GENETIKAI FAKTORAI

MICROARRAY

NAGY FEHÉR X LANDRACE / NAGY FEHÉR SERTÉSEK

Expressziós változást mutata géneknek a sejtfunkcióban betöltött szerepük:

- Sejten belüli szerveződés
- Sejtfunkció és fenntartás
- Sejtciklus
- Szénhidrát metabolizmus
- Fehérjeszintézis
- RNS poszttranszkripciós módosítások
- Fehérje degradáció
- Mozgás (sejtszinten)
- Zsír metabolizmus



SERTÉSHÚS INTRAMUSZKULÁRIS ZSÍRTARTALMÁNAK QTL POZÍCIÓJA

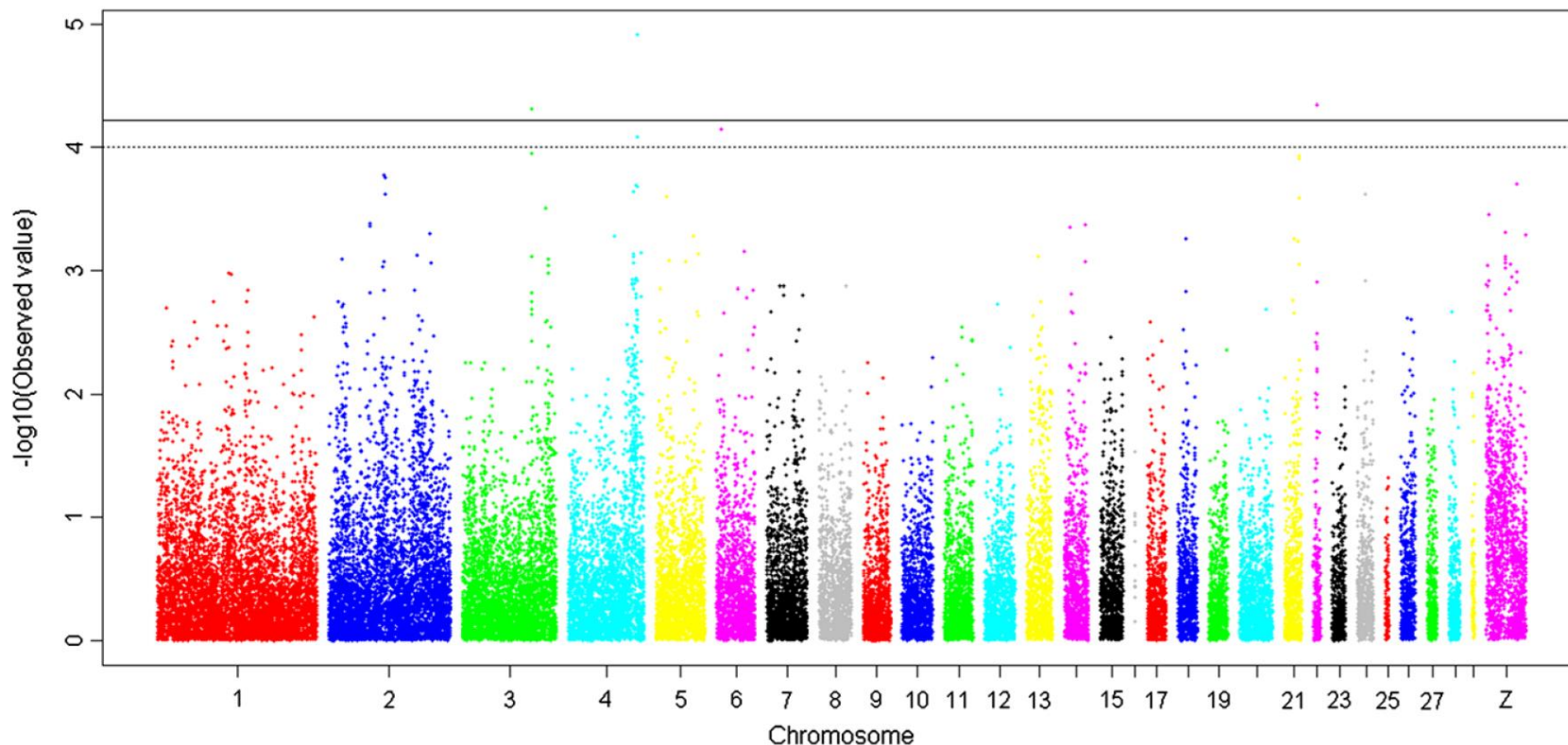
Az adott régióban leírtak olyan lókuszokat, melyek szignifikáns összefüggésben állnak a húsban jelenlévő zsírtartalommal:

kromoszóma	pozíció cM-ban
1	60-90
6	50-86
15	44-60
17	30-70



HÁZITYÚK ABDOMINÁLIS ZSÍRRÉTEG SÚLYÁNAK GENETIKÁJA

Manhattan plot GWAS tanulmány alapján



Sun et al., 2013

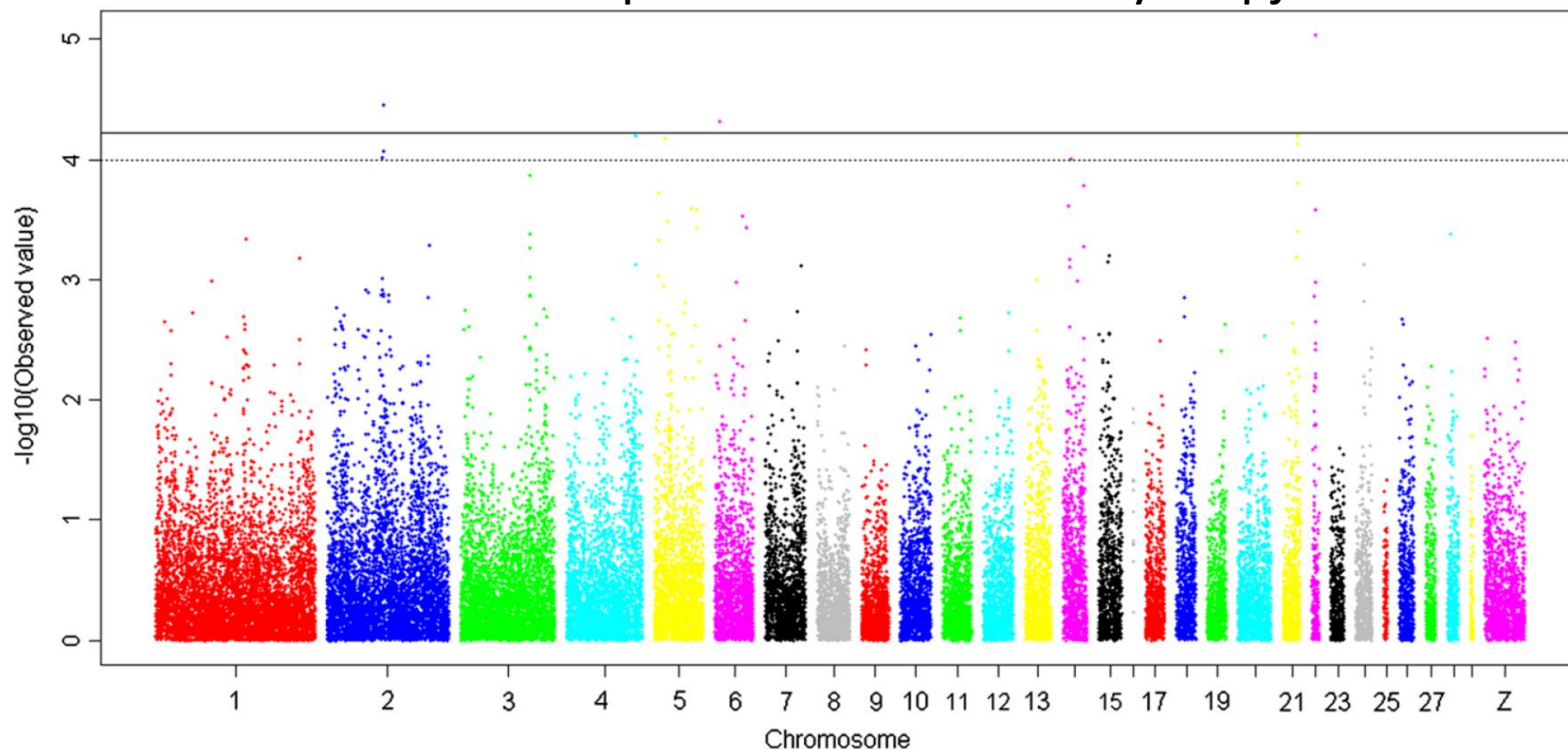
Vízszintes: SNP pozíció a kromoszómán
Függőleges: összefüggés a tulajdonsággal



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

HÁZITYÚK ABDOMINÁLIS ZSÍRRÉTEG SZÁZALÉKÁNAK GENETIKÁJA

Manhattan plot GWAS tanulmány alapján



Sun et al., 2013

Vízszintes: SNP pozíció a kromoszómán
Függőleges: összefüggés a tulajdonsággal



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

HÁZITYÚK ABDOMINÁLIS ZSÍRDEPONÁLÁSÁNAK SNP MARKEREI

	Chromosome	SNPs	Position	Alleles	MAF	P_value	P_adjust	R ²	Nearest Gene	Distance (Kb)
I zsírtömeg	3	Gga_rs14385159	83714232	A/G	0.248	4.79E-05	0.80	0.052	COL12A1	D 65.5
	4	Gga_rs15634423	85973459	A/G	0.203	1.22E-05	0.20	0.059	MXD4	D 82.4
	4	Gga_rs16445604	86019649	A/G	0.239	8.28E-05	1.39	0.049	MXD4	D 128.6
	6	Gga_rs14564481	5917270	A/G	0.121	7.03E-05/ 4.11E-07	1.18	0.050	RET	within
	22	Gga_rs14708241	2145071	G/A	0.104	4.46E-05/ 2.34E-07	0.75	0.052	LOC431251	U 124.3
	2	Gga_rs15112628	68073875	A/G	0.223	9.62E-05	1.61	0.059	FOXC1	U 124.7
	2	Gga_rs13710186	68939093	G/A	0.166	3.53E-05	0.59	0.066	VPS4B	U 63.6
	2	Gga_rs14201030	69308190	G/A	0.290	8.49E-05	1.42	0.060	BCL2	D 160.4
zsír %	4	Gga_rs15634423	85973459	A/G	0.203	6.37E-05	1.07	0.062	MXD4	D 82.4
	5	GGaluGA276197	15378139	G/A	0.132	6.59E-05	1.10	0.062	BRSK2	U 54.0
	6	Gga_rs14564481	5917270	A/G	0.121	4.88E-05/ 2.62E-08	0.82	0.064	RET	within
	21	Gga_rs14285437	5764093	A/G	0.247	6.40E-05	1.07	0.062	NPPB	within
	21	Gga_rs14285449	5774061	G/A	0.258	7.30E-05	1.22	0.061	NPPB	D 8.3
	22	Gga_rs14708241	2145071	G/A	0.104	9.23E-06/ 6.58E-08	0.15	0.075	LOC431251	U 124.3
	14	GGaluGA101040	4941190	G/A	0.245	9.94E-05	1.67	0.059	SREBF1	D 6.3

Sun et al., 2013



HÁZITYÚK ABDOMINÁLIS ZSÍR- DEPONÁLÁSÁNAK EXPRESSZIÓS MARKEREI

	alacsony ért. csop.	magas ért. csoport
intramuszkuláris zsír %	1.22 ± 0.31	$3.95 \pm 0.49^{**}$
abdominális zsírtömeg (g)	3.11 ± 1.32	$70.48 \pm 12.96^{**}$
abdominális zsír%	0.21 ± 0.09	$2.95 \pm 0.63^{**}$

Traits	Genes	Groups ¹	
		Low	High
IMF _{Br}	<i>KIF2A</i>	$1.00 \pm 0.05^{**}$	0.55 ± 0.23
	<i>TYRO3</i>	$1.00 \pm 0.10^{**}$	0.25 ± 0.11
	<i>MGST1</i>	$1.01 \pm 0.13^{**}$	0.24 ± 0.04
	<i>NTPCR</i>	$1.00 \pm 0.04^{**}$	0.35 ± 0.22
AbFW	<i>COL12A1</i>	$1.02 \pm 0.24^*$	0.57 ± 0.17
	<i>RET</i>	1.02 ± 0.23	$31.16 \pm 0.68^{**}$
AbFP	<i>VPS4B</i>	$1.03 \pm 0.29^{**}$	0.48 ± 0.17
	<i>NPPB</i>	1.12 ± 0.14	$72.08 \pm 9.21^{**}$
	<i>BRSK2</i>	$1.01 \pm 0.17^{**}$	0.10 ± 0.04
	<i>FOXC1</i>	$1.04 \pm 0.33^{**}$	0.30 ± 0.12
	<i>SREBF1</i>	$1.02 \pm 0.24^{**}$	0.07 ± 0.04

Sun et al., 2013

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



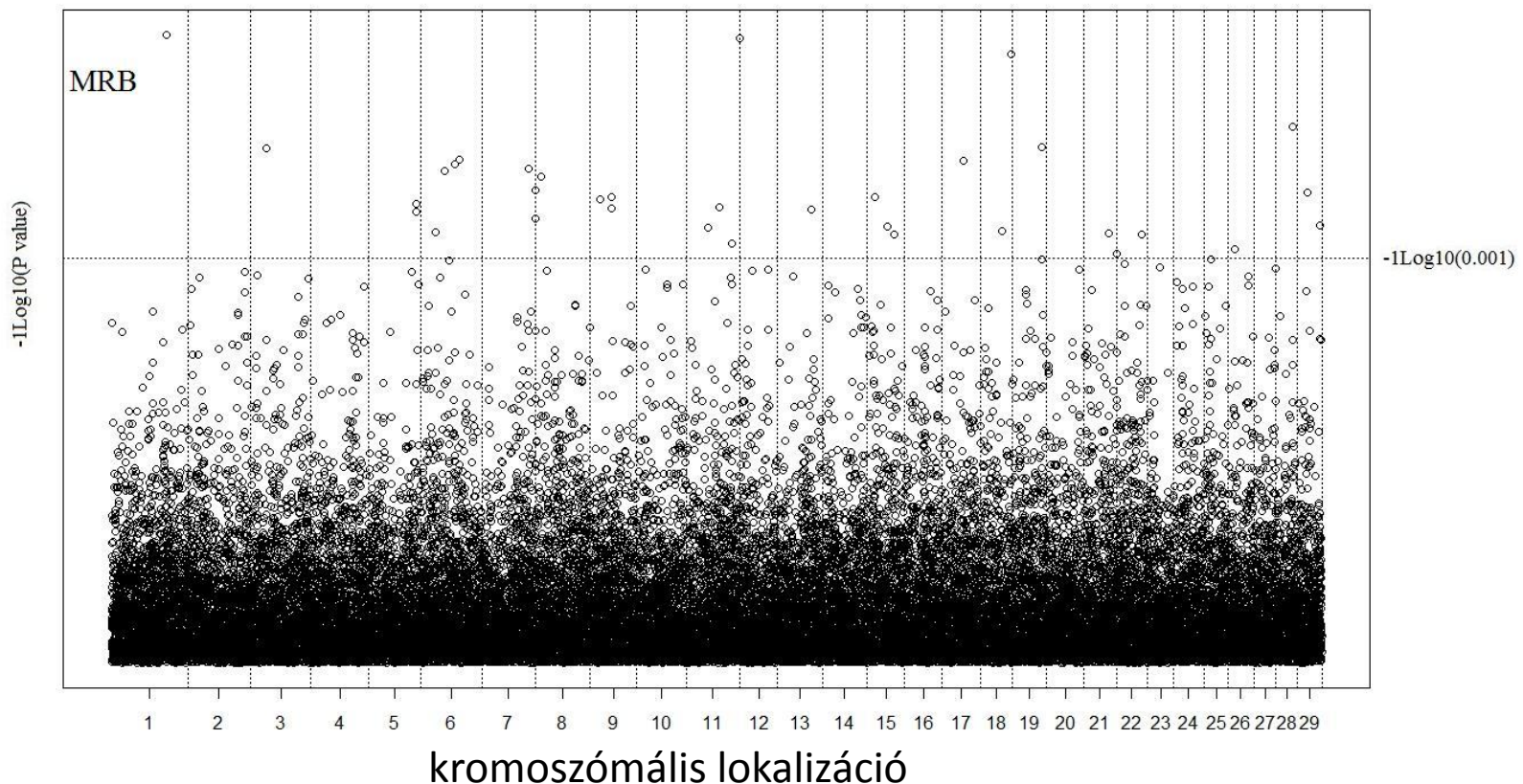
A MARHAHÚS MÁRVÁNYOZOTTSÁGÁT MEGHATÁROZÓ SNP-K



www.ansi.okstate.edu

50K SNP chip

szignifikancia erőssége



Lu et al. (2013)

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

TELJES GENOMANALÍZIS A KÜLÖNBÖZŐ FAGGYÚDEPONÁLÁSRA



www.ansi.okstate.edu

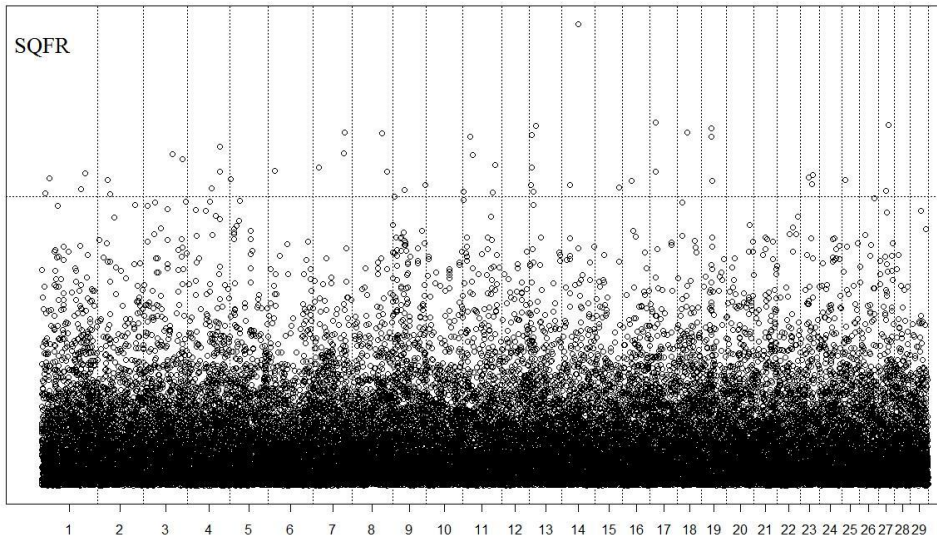
**AZONOS KROMOSZÓMARÉGIÓK JÁTSZANAK SZEREPET AZ
INTERMUSZKULÁRIS FAGGYÚ,
BŐR ALATTI FAGGYÚ ÉS A
VÁGOTT TEST ÖSSZFAGGYÚ MENNYISÉGÉBEN?**



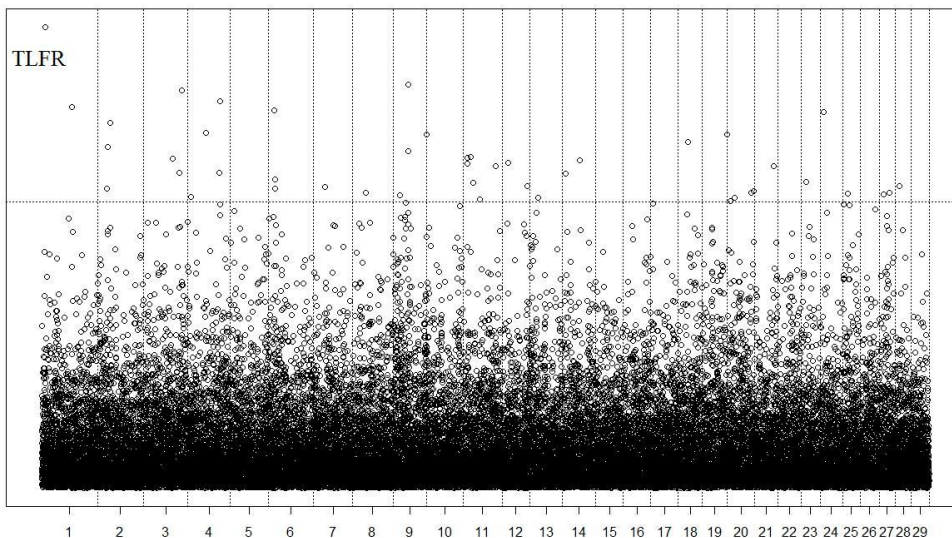
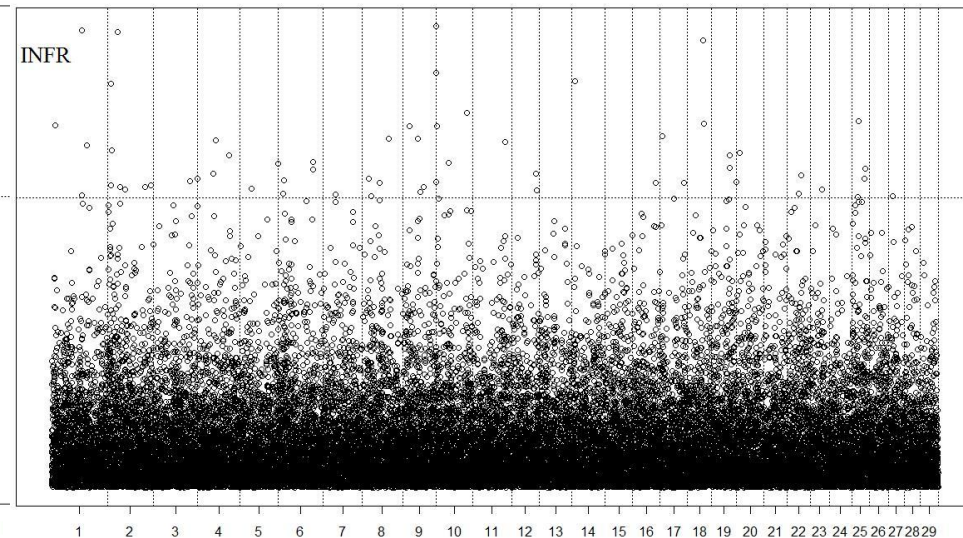
TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

A TÖBBI, MINŐSÉGET MEGHATÁROZÓ FAGGYÚFORMA

Bőr alatti faggyú%



Intermuszkuláris zsír%



Faggyú%

Lu et al. (2013)



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

ELLENŐRZŐ KÉRDÉSEK

A genomanalízis erőssége függ a vizsgált SNP-k számától?

Miért jó a kevés, de nagyhatású marker?

Mi az FTO gén és mire hat?

Milyen útvonalak génjei játszanak szerepet az intramuszkuláris %-ban?

Az abdominális zsír jelenlétét mely gének szabályozzák?



Felhasznált és ajánlott irodalom

- Bolormaa et al. (2013): Accuracy of prediction of genomic breeding values for residual feed intake and carcass and meat quality traits in *Bos Taurus*, *Bos indicus*, and composite beef cattle. *Journal of Animal Science*. 91. 3088-3104.
- Sun et al. (2013): The identification of 14 new genes for meat quality traits in chicken using a genome-wide association study. *BMC Genomics*. 14. 458.
- Chung (2014): Novel SNP in the coding region of the FTO gene is associated with marbling score in Hanwoo (Korean cattle). *Journal of Animal Science and Technology*. 56. 27.
- Revilla et al. (2014): New insight into the SSC8 genetic determination of fatty acid composition in pigs. *Genetics Selection Evolution*. 46. 28.
- Sevane et al. (2014): Phenotypic and genotypic background underlying variations in fatty acid composition and sensory parameters in European bovine breeds. *Journal of Animal Science and Technology*. 5. 20.
- Ramayo-Caldas et al. (2014): From SNP co-association to RNA co-expression: Novel insights into gene networks for intramuscular fatty acid composition in porcine. *BMC Genomics*. 15. 232.
- Ogawa et al. (2014): Effects of single nucleotide polymorphism marker density on degree of genetic variance explained and genomic evaluation for carcass traits in Japanese Black beef cattle. *BMC Genetics*. 15. 15.
- Corominas et al. (2013): Analysis of porcine adipose tissue transcriptome reveals differences in de novo fatty acid synthesis in pigs with divergent muscle fatty acid composition. *BMC Genomics*. 14. 843.
- Lu et al. (2013): Genome-wide association analyses for carcass quality in crossbred beef cattle. *BMC Genetics*. 14. 80.
- Widmann et al. (2011): Association of an *ACSL1* gene variant with polyunsaturated fatty acids in bovine skeletal muscle. *BMC Genetics*. 12 .96.





DEBRECENI EGYETEM

A HÚS ZSÍRSAVÖSSZETÉTELÉNEK GENETIKAI HÁTTERE

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014

Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SZÉCHENYI 2020



MAGYARORSZÁG
KORMÁNYA

Európai Unió
Európai Szociális
Alap



BEFEKTETÉS A JÖVŐBE

ELŐADÁS VÁZLATA

- **AZ ÉLELMISZEREK ZSÍRSAVÖSSZETÉTELÉNEK JELENTŐSÉGE**
- **KÜLÖNBÖZŐ ZSÍRSAVAK, KÜLÖNBÖZŐ RÉGIÓK**
- **ZSÍRSAV ELONGÁCIÓ ÉS GENETIKAI FAKTOROK**
- **ZSÍRSAV ELONGÁZ 6 SZEREPE**
- **ACSL1 SZEREPE**
- **ZSÍRSAV – GENOTÍPUS KORRELÁCIÓ**
- **ZSÍRSAV – FENOTÍPUS KORRELÁCIÓ**
- **SNP – SNP KAPCSOLATRENDSZEREK**
- **NCOA2 GÉN SZEREPE**
- **EP300 JELENTŐSÉGE**
- **FHL2 JELENTŐSÉGE**



ZSÍRSAVÖSSZETÉTEL GENETIKAI BEFOLYÁSOLÁSÁNAK LEHETŐSÉGEI

.....a kardiovaszkuláris okok miatti halálozás hozzávetőlegesen 50%.



SERTÉSZSÍR ZSÍRSAVÖSSZETÉTELE

A zsírsavak jelentősége kiemelkedő

- az élelmiszerfeldolgozás
- a human egészség szempontjából.

Több tanulmány a sertés 8. kromoszómán jelzett marker régiókat.



Palmitinsav - C16:0

Palmitoleinsav - C16:1 n-7

GENOTIPIZÁLÁS A 8. KROMOSZÓMÁN

440 sertés, 144 SNP

Zsírsv	Kromoszóma régió (Mb)	SNP	LR érték	P
C14:0	93.79	ALGA0048597	17.2127	3.34E-05
	117.55	ALGA0049135	18.7843	1.46E-05
C16:0	93.72	ALGA0048594	32.4610	1.22E-08
	117.66	ALGA0049139	48.1404	3.97E-12
C18:0	91.56	H3GA0025111	11.7215	6.18E-04
	119.85 ¹	INRA0030422	20.6040	5.65E-06
C16:1(n-7)	91.56	H3GA0025111	42.9598	5.59E-11
	119.85 ¹	INRA0030422	71.7870	1.11E-18
C18:1(n-9)	93.66	ALGA0048589	22.4009	2.21E-06
	117.66	ALGA0049139	33.1059	8.73E-09
C20:2(n-6)	94.73	MARC0097057	23.1170	1.52E-06
	117.55	ALGA0049135	23.9259	1.00E-06

Revilla et al. (2014)



GENOTIPIZÁLÁS A 8. KROMOSZÓMÁN

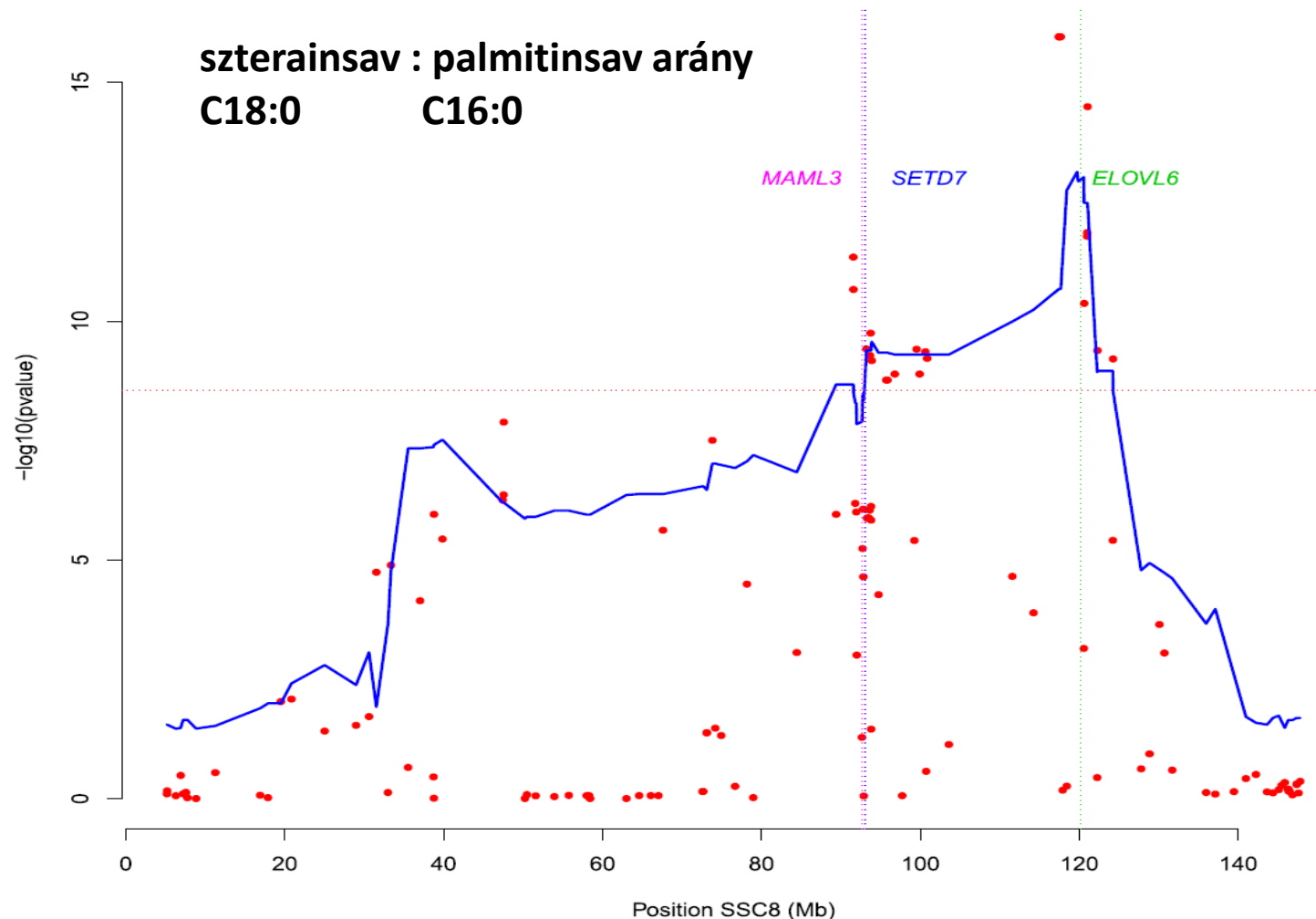
440 sertés, 144 SNP

Zsírsav	Kromoszóma régió (Mb)	SNP	LR érték	P
ACL	93.72	ALGA0048594	46.5350	9.00E-12
	117.66	ALGA0049139	71.4236	1.11E-16
C16:1(n-7)/C16:0	91.56	H3GA0025111	22.7521	1.84E-06
	119.85 ¹	INRA0030422	37.4524	9.37E-10
C18:0/C16:0	91.56	H3GA0025111	47.8703	4.55E-12
	119.85 ¹	INRA0030422	76.1635	1.11E-16
C18:1(n-7)/C16:1(n-7)	93.72	ALGA0048594	32.8062	1.02E-08
	119.85 ¹	INRA0030422	61.0692	5.55E-15
C20:2(n-6)/C18:2(n-6)	120.99	ALGA0049254	13.8456	1.98E-04

Revilla et al. (2014)



SERTÉS HÁTSZALONNA ZSÍRSAVÖSSZETÉTELE ÉS A 8. KROMOSZÓMA MARKEREI



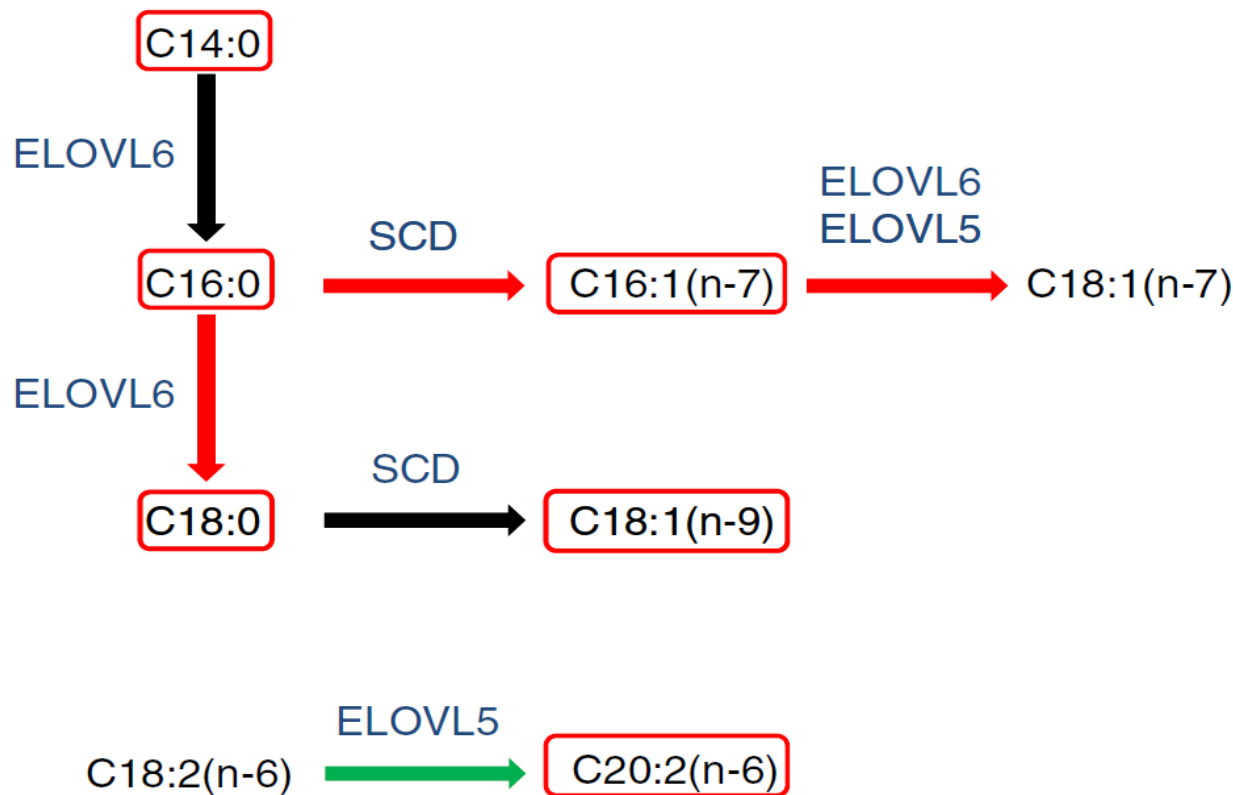
Revilla et al. (2014)

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



C16 ÉS C18 ZSÍRSAVAK ELONGÁCIÓJA ÉS A GENETIKAI FAKTOROK SZEREPE

Revilla et al. (2014)



- zsírsavak, melyeknél a 93 és 119 Mb régió szign.
- ➔ arányok, melyeknél a 93 és 119 Mb régió szign.
- ➔ arány, melynél a 119 Mb régió szign.



A LEGERŐSEBB MARKER: ZSÍRSAV ELONGÁZ 6

ELOVL6:c.-533C > T SNP

(ELOVL fatty acid elongase 6)

Számos zsírsav jelenlétét meghatározza a

- Hátszalonnában
- Hús intramuszkuláris zsírjában.

C18:0/C16:0

C18:1(n-7)/C16:1(n-7)

C16:0

C16:1(n-7)



MARHAHÚS-ZSÍRSAVÖSSZETÉTEL MARKEREI

ACSL1 - c.481-233A>G

calpastatin (*CAST*) g.2959G < A;

cofilin 1 (*CFL1*) ss77831721;

EP300 interacting inhibitor of differentiation 1 (*CRI1*) ss778332128;

myostatin (*GDF8*) ss77831865;

insulin-like growth factor 2 receptor (*IGF2R*) ss77831885;

lipoprotein lipase (*LPL*) ss65478732;

matrix metalloproteinase 1 (*MMP1*) ss77831916, ss77831924;

myozenin 1 (*MYOZ1*) ss77831945;

phospholipid transfer protein (*PLTP*) ss77832104;

peroxisome proliferator activated receptor γ (*PPARG*) ss62850198



ACSL1 A SZARVASMARHÁBAN

acyl-CoA synthetase long-chain family member 1

Zsírsavszintézis és degradáció meghatározó enzime

A hosszú szénláncú zsírsavak aktiválását katalizálja

Zsírsav → zsírsav acetil-Koa tioészter

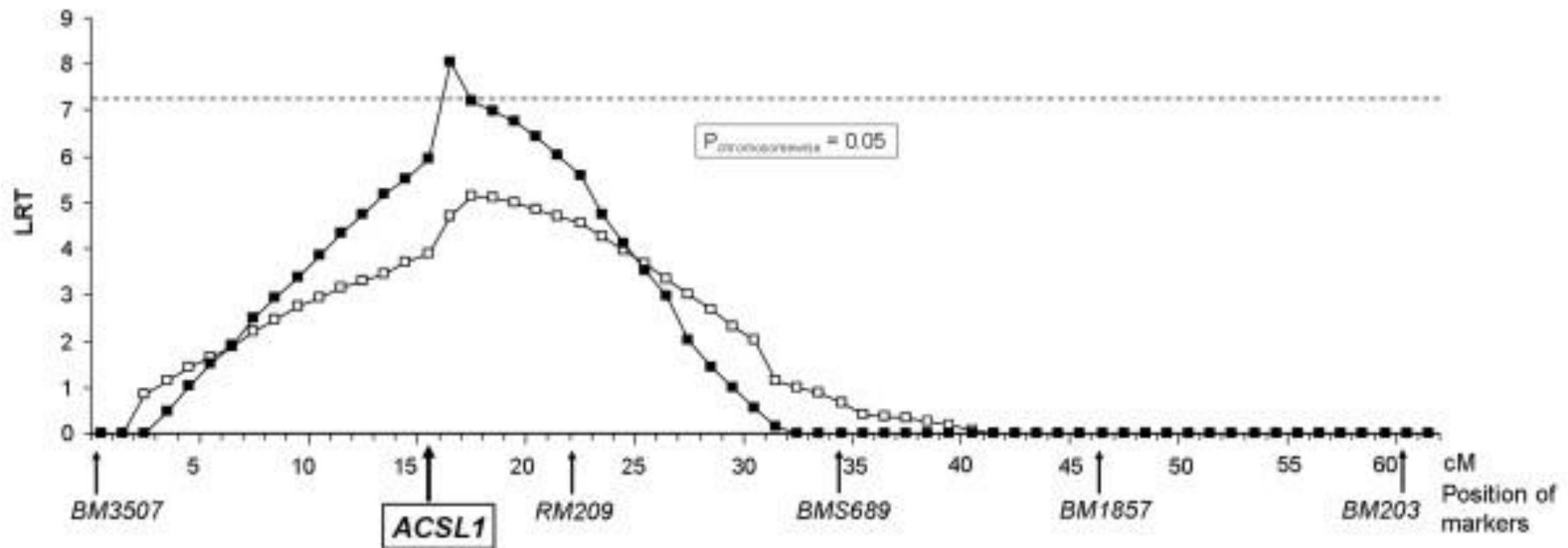
Sejtben betöltött molekuláris szerepe alapján feltételezhető:

- Zsíranyagcsere
- Inszulin rezisztencia
- Zsírdeponálás (elhízás)



ACSL1 A SZARVASMARHÁBAN

Omega-3 zsírsav arányát meghatározó QTL
az ACSL1 pont a marker közepén helyezkedik el



Widman et al. (2011)

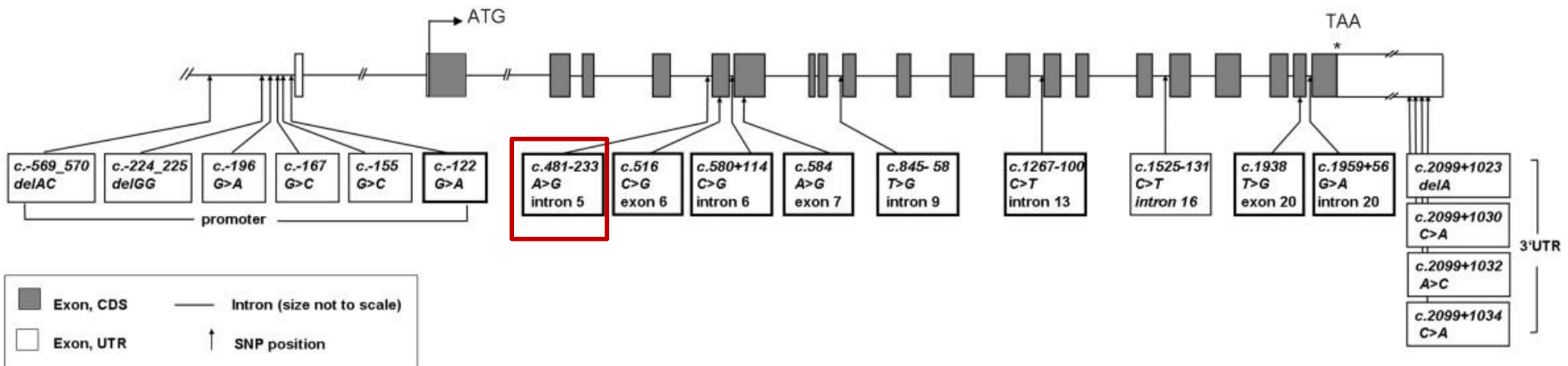
Lokalizáció: BTA27 (27. kromoszóma)

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



SZARVASMARHA ACSL1 POLIMORFIZMUSA

Legerősebb összefüggést az **ACSL1** - **c.481-233A>G** mutat.



Widman et al. (2011)



ACSL1 - C.481-233A>G SNP HATÁSA

Alapvetően a humán táplálkozás szempontjából meghatározó n-3 zsírsavakra gyakorol hatást.

Tulajdonság		P	A allél		G allél	SE	Var%
Total FA [mg] ^{*&}	6.2	0.0130	3.70	0.07	3.88	0.07	
MUFA [mg] ^{*&}	5.9	0.0154	3.29	0.08	3.48	0.09	
n-3 FA [%] ^{*#}	9.7	0.0018 ^a	0.16	0.05	0.01	0.06	11.4
PUFA [%] ^{*#}	7.1	0.0079 ^b	1.12	0.05	0.98	0.06	3.5
n-3 LC PUFA [%] [#]	6.7	0.0099 ^b	0.24	0.03	0.16	0.04	3.4
C18:1trans-11 [mg] ^{*&}	10.5	0.0012 ^a	1.31	0.10	1.63	0.12	6.5
C22:5n-3 [%] [#]	7.2	0.0071 ^b	0.16	0.02	0.11	0.03	3.6
PUFA/SFA [*]	7.3	0.0069 ^b	-0.79	0.06	-0.94	0.07	3.6
P/S [*]	6.7	0.0099 ^b	-1.02	0.05	-1.15	0.06	3.2
LA/ALA [*]	4.9	0.0265	1.03	0.03	0.97	0.03	
IMF [%]	3.1	0.0776	1.11	0.18	1.42	0.21	1.7



Widman et al. (2011)

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

ACSL1 - C.481-233A>G SNP HATÁSA

Befolyásolja a szöveti:

- Egyszeresen telítetlen zsírsavakat
- Többszörösen telítetlen zsírsavakat
- Össz. Zsírsavat
- Telített zsírsavakat

***De nem hat az
omega-6/omega-3 arányra!***

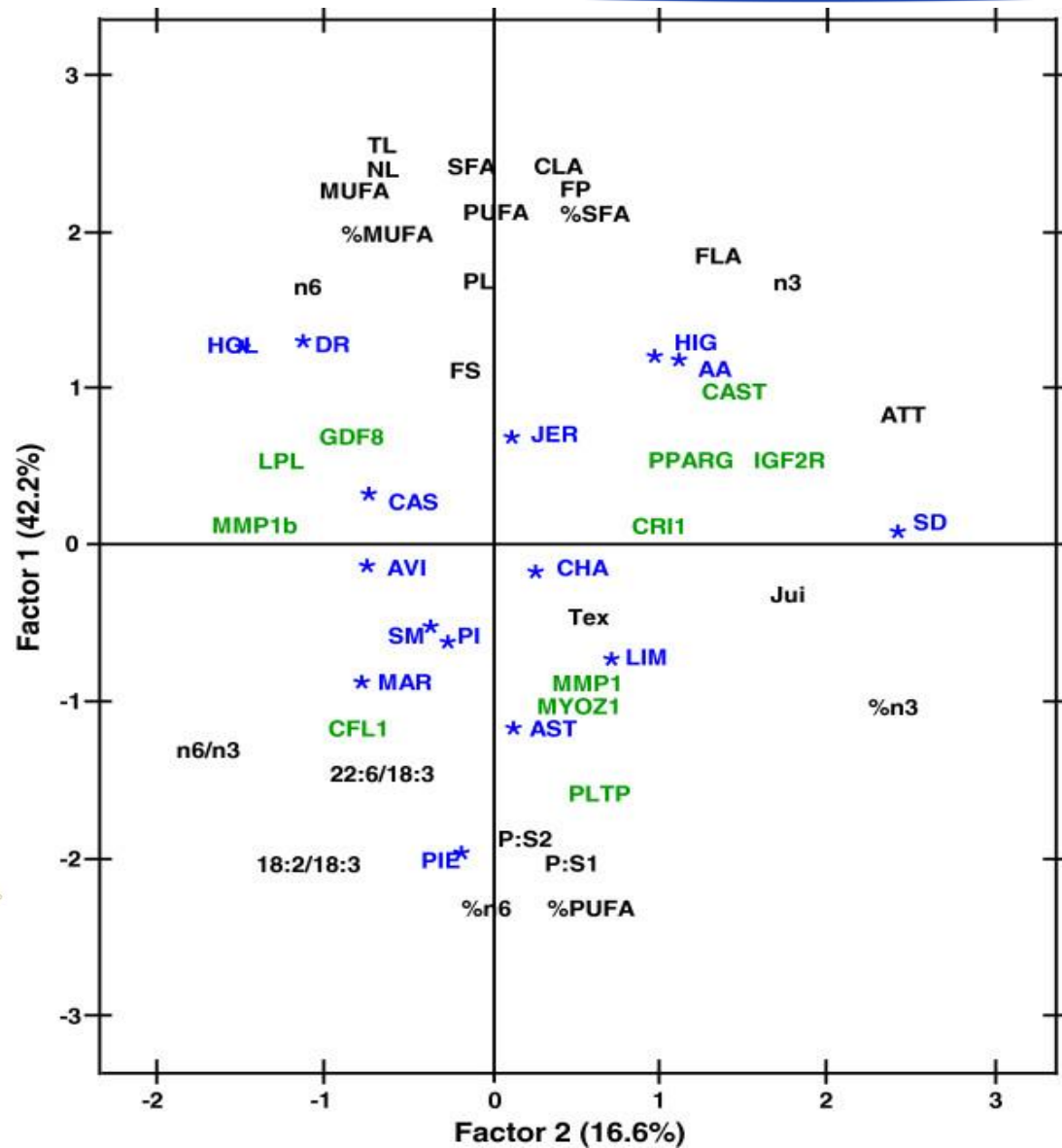
Tulajdonság	P	A allél	G allél	SE	Var%	
Total FA [mg]*§	6.2	0.0130	3.70	0.07	3.88	0.07
MUFA [mg]*§	5.9	0.0154	3.29	0.08	3.48	0.09
n-3 FA [%]*#	9.7	0.0018 ^a	0.16	0.05	0.01	0.06 11.4
PUFA [%]*#	7.1	0.0079 ^b	1.12	0.05	0.98	0.06 3.5
n-3 LC PUFA [%]*#	6.7	0.0099 ^b	0.24	0.03	0.16	0.04 3.4
C18:1trans-11 [mg]*§	10.5	0.0012 ^a	1.31	0.10	1.63	0.12 6.5
C22:5n-3 [%]*#	7.2	0.0071 ^b	0.16	0.02	0.11	0.03 3.6
PUFA/SFA*	7.3	0.0069 ^b	-0.79	0.06	-0.94	0.07 3.6
P/S*	6.7	0.0099 ^b	-1.02	0.05	-1.15	0.06 3.2
LA/ALA*	4.9	0.0265	1.03	0.03	0.97	0.03
IMF [%]	3.1	0.0776	1.11	0.18	1.42	0.21 1.7

Widman et al. (2011)

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



ZSÍRSAVÖSSZETÉTEL ÉS GENOTÍPUS KORRELÁCIÓJA



Fekete: zsírsav tulajd.

Zöld: gén

Kék: fajta

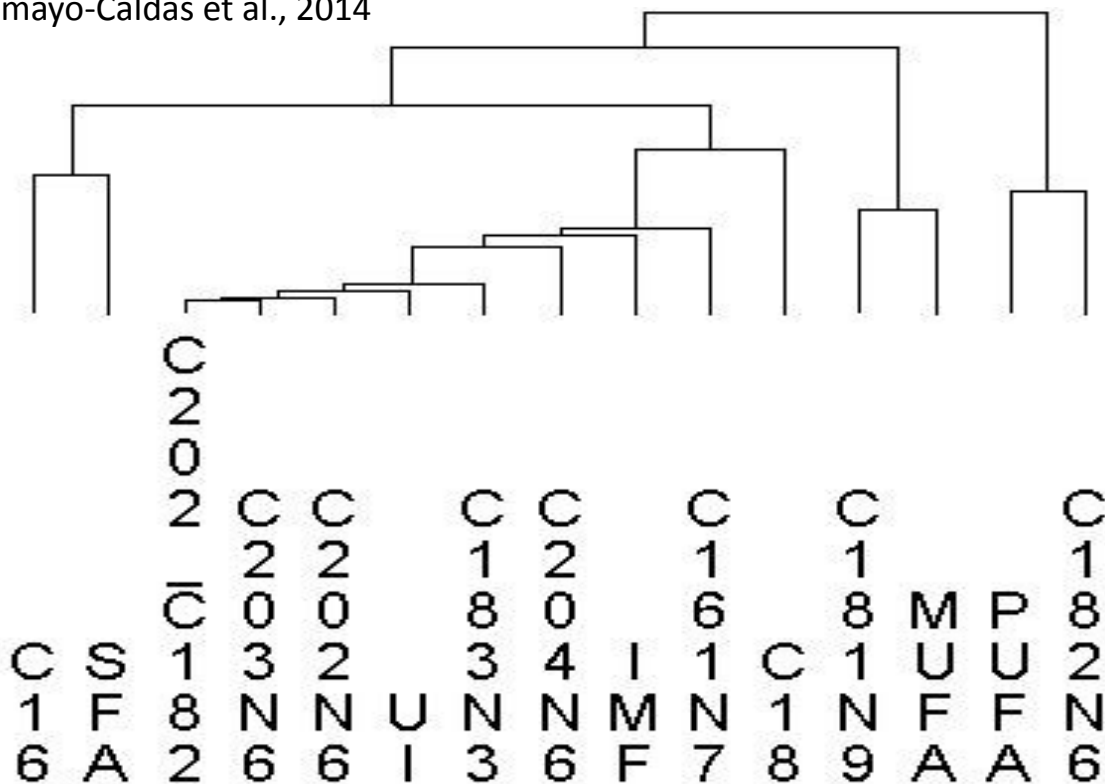
Sevane et al. (2014)

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



ZSÍRSAV FENOTÍPUSOK KÖZÖTTI KORRELÁCIÓ HIERARCHIKUS KLUSZTERBEN

Ramayo-Caldas et al., 2014



Palmitinsav (C16)
 Sztearinsav (C18),
 Palmitoleinsav (C16:1n7)
 olajsav (C18:1n9)
 linolsav (C18:2n6)
 α -linolénsav (C18:3n3)
 Eicosadienoic sav (C20:2n6)
 Eicosatrienoic sav (C20:3n6)
 Arachidonsav (C20:4n6)
 telített zsírsav (SFA)
 egyszeresen telítetlen (MUFA)
 többszörösen telítetlen (PUFA)
 telítetlen index (UI)
 elongáz aktivitás (C20/C18),
 intramuszkuláris zsír (IMF)



wikipedia.org

magyarázat:

Linolsavat és linolénsavat az emlősök
takarmánnyal veszik fel.



SNP-SNP KAPCSOLATRENDSZER INTRA-MUSZKULÁRIS ZSÍRSAVÖSSZETÉTELRE

Sertés SNP chip (49 000 SNP) elemzés után leszűkült 1096 SNP-re.

15 zsírsavösszetétellel kapcsolatos tulajdonság.



wikipedia.org

az EREDMÉNY:

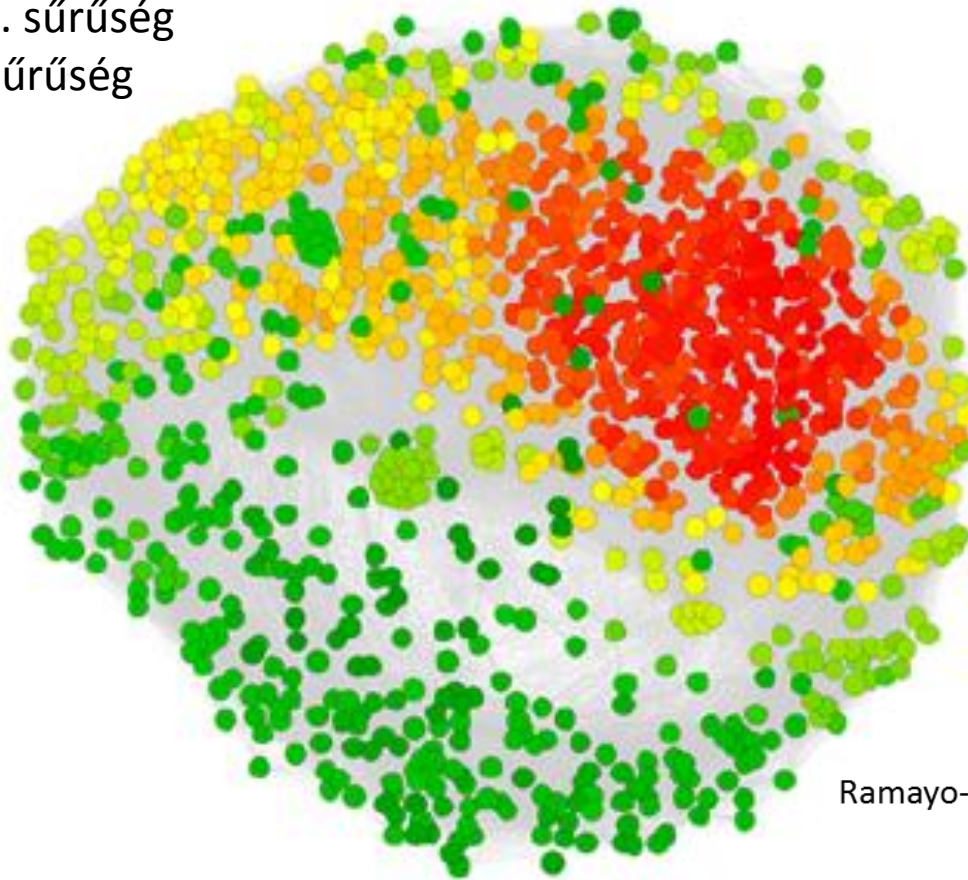
1.096 gén (SNP) ————— 111.198 kapcsolat



SNP-SNP KAPCSOLATRENDSZER INTRA-MUSZKULÁRIS ZSÍRSAVÖSSZETÉTELRE

Zöld: alacsony kapcs. sűrűség

Piros: magas kapcs. sűrűség



Ramayo-Caldas et al., 2014

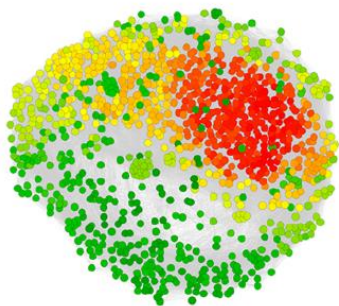


wikipedia.org



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SNP-SNP KAPCSOLATRENDSZER INTRA-MUSZKULÁRIS ZSÍRSAVÖSSZETÉTELRE



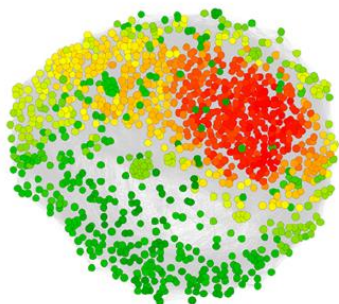
wikipedia.org

A zsír és zsírsav anyagcserét szabályozó molekuláris mechanizmusok rendkívül összetettek.

Az anyagcserefolyamatok nem függetlenek egymástól, így pl. a szénhidrát metabolizmus kihat a lipid metabolizmusra.



SNP-SNP KAPCSOLATRENDSZER INTRA-MUSZKULÁRIS ZSÍRSAVÖSSZETÉTELRE



wikipedia.org

A genetikai faktorok két eltérő megközelítése:

Rendszerbiológia

versus

Klasszikus genomika

Gének közötti:

- kapcsolatok
- interakciók
- közös útvonalak

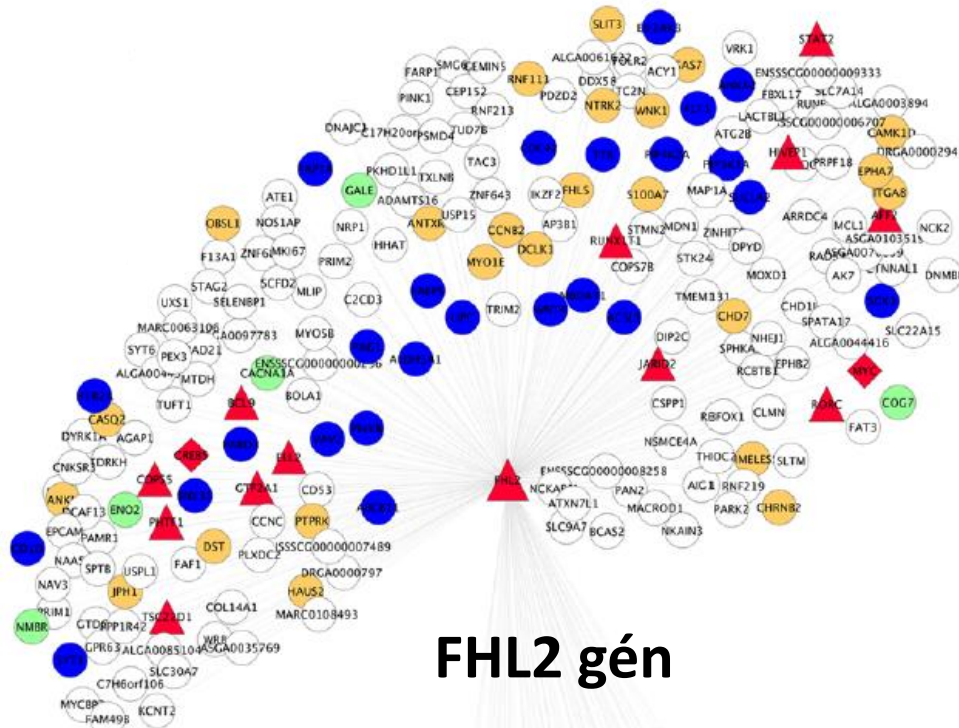
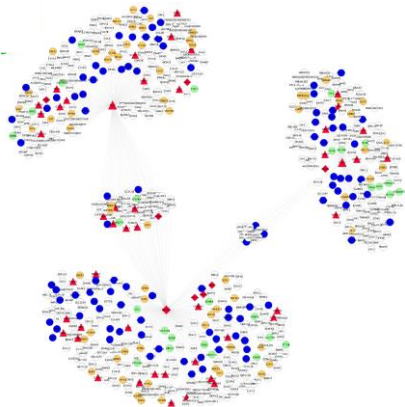
“egy gén – egy tulajdonság”

50K SNP chip, 60K SNP chip

GWAS – genome wide assoc. study



SNP-SNP KAPCSOLATRENDSZER INTRA-MUSZKULÁRIS ZSÍRSAVÖSSZETÉTELRE



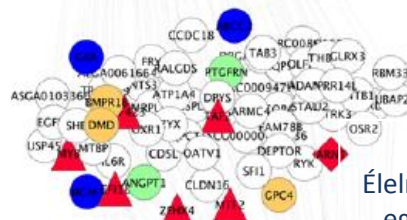
FHL2 gén



wikipedia.org

Vörös: transzkripciós factor
Kék: lipid metabolizmus
Zöld: szénhidrát metabolizmus
Narancs: fejlődési folyamatok
Fehér: egyéb génfunkció

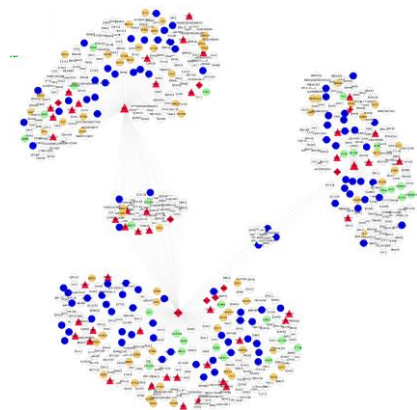
Ramayo-Caldas et al., 2014



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

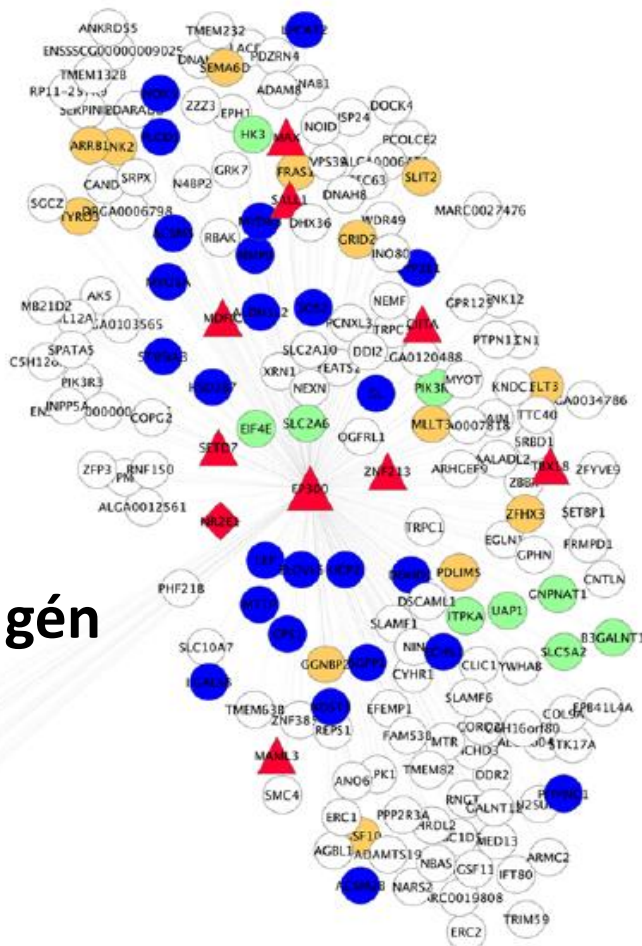


SNP-SNP KAPCSOLATRENDSZER INTRA-MUSZKULÁRIS ZSÍRSAVÖSSZETÉTELRE



Vörös: transzkripciós factor
 Kék: lipid metabolizmus
 Zöld: szénhidrát metabolizmus
 Narancs: fejlődési folyamatok
 Fehér: egyéb génfunkció

EP300 gén



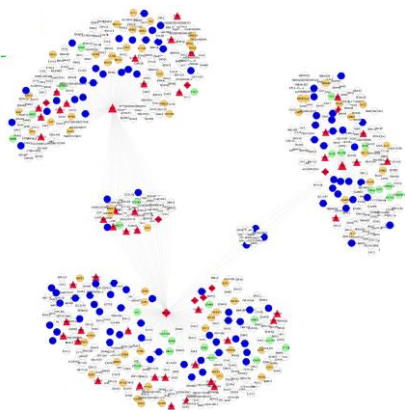
wikipedia.org

Ramayo-Caldas et al., 2014

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
 Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
 egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

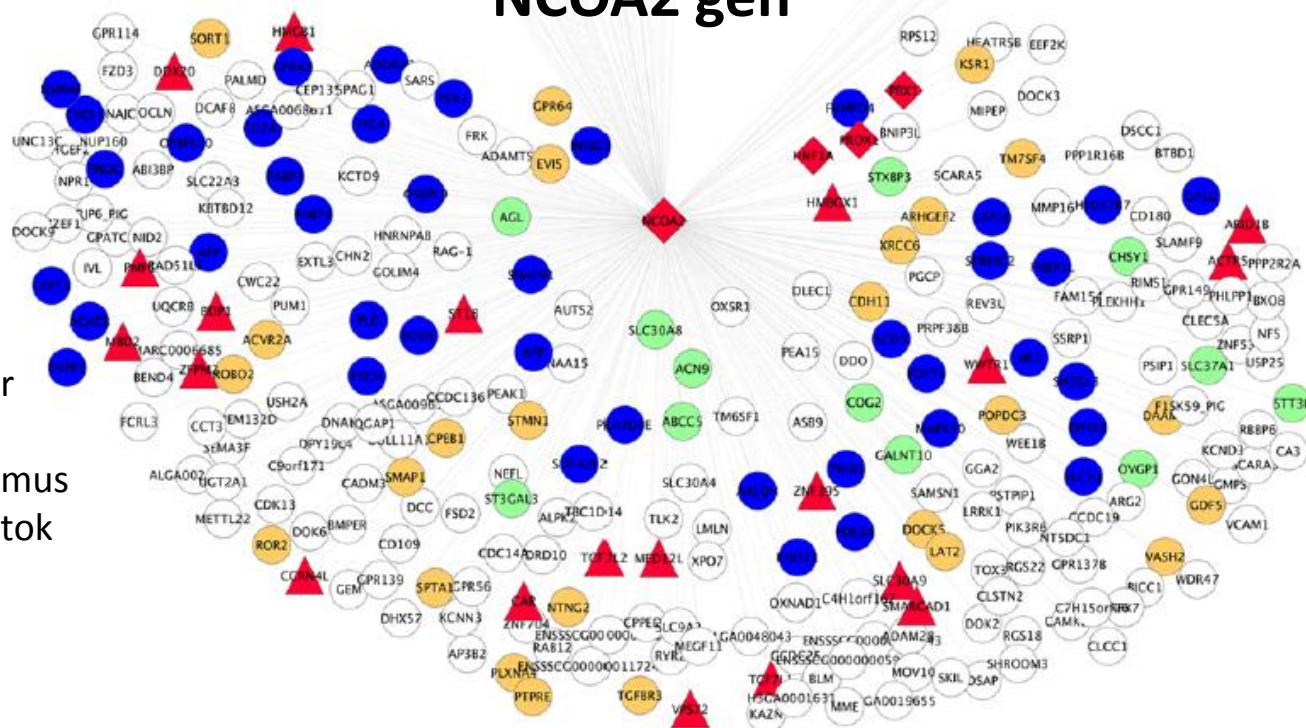


SNP-SNP KAPCSOLATRENDSZER INTRA-MUSZKULÁRIS ZSÍRSAVÖSSZETÉTELRE



wikipedia.org

NCOA2 gén



Vörös: transzkripciós factor
Kék: lipid metabolizmus
Zöld: szénhidrát metabolizmus
Narancs: fejlődési folyamatok
Fehér: egyéb génfunkció



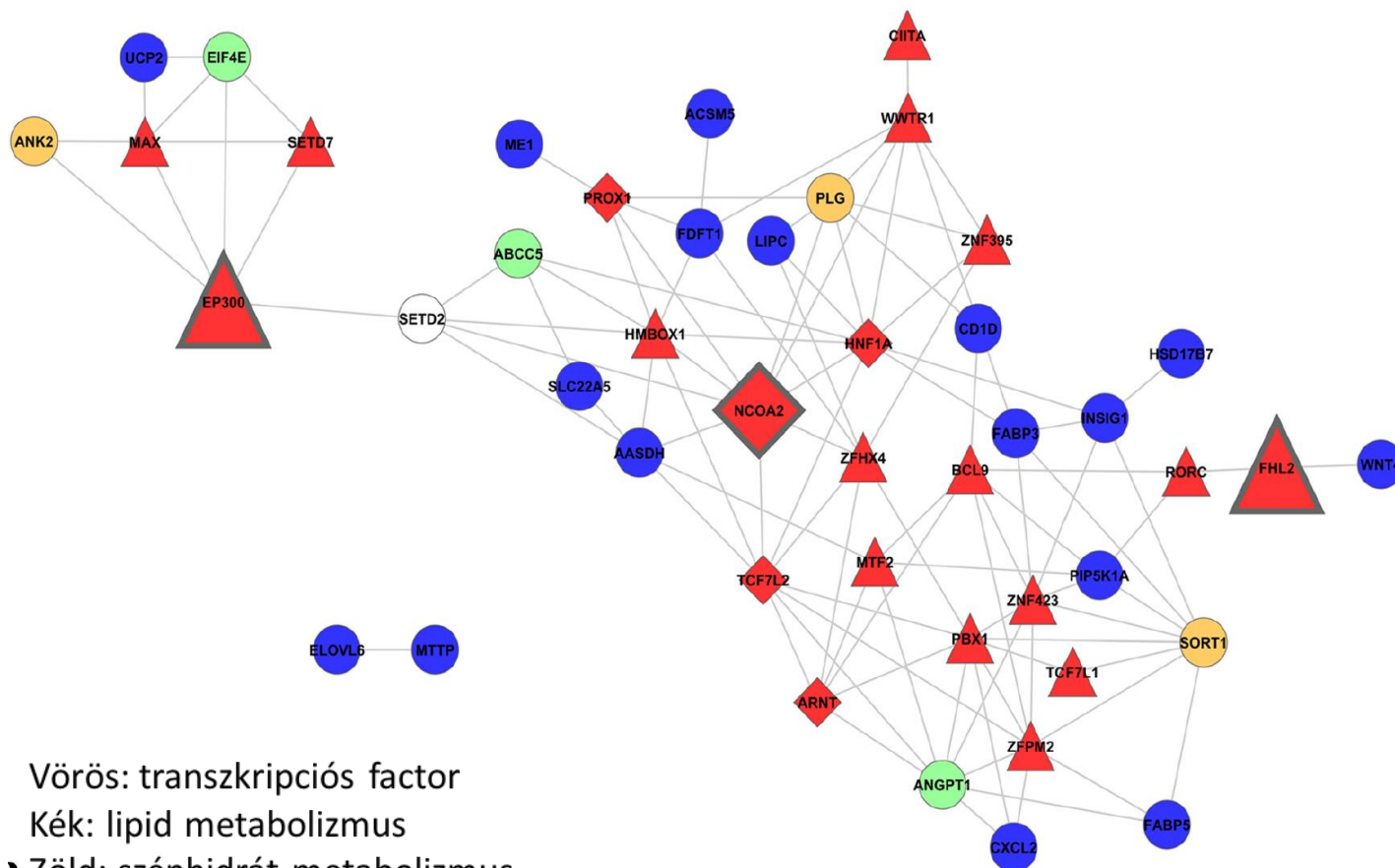
TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SNP-SNP KAPCSOLATRENDSZER INTRA-MUSZKULÁRIS ZSÍRSAVÖSSZETÉTELRE

MÁJ



wikipedia.org



Ramayo-Caldas et al., 2014

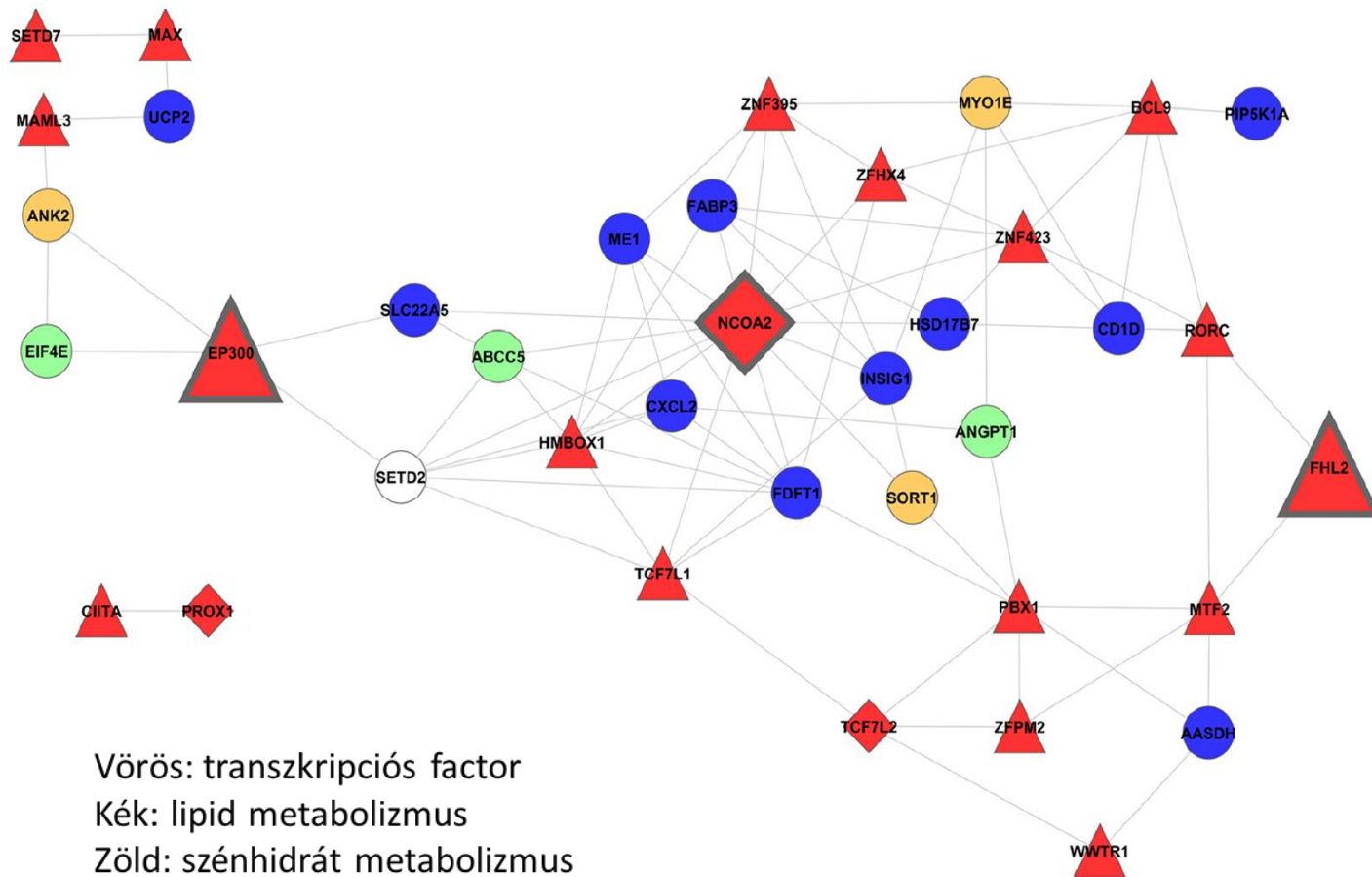


- Vörös: transzkripció factor
- Kék: lipid metabolizmus
- Zöld: szénhidrát metabolizmus
- Narancs: fejlődési folyamatok
- Fehér: egyéb génfunkció

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SNP-SNP KAPCSOLATRENDSZER INTRA-MUSZKULÁRIS ZSÍRSAVÖSSZETÉTELRE

ZSÍRSZÖVET



wikipedia.org

Ramayo-Caldas et al., 2014



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

Nuclear receptor coactivator 2

Szabályozza/összefüggést mutat:

- Energiahomeosztázis
- Adipogenezis
- Interakciót mutat génekkel a lipid metabolizmusból
- Interakciót mutat génekkel a szénhidrát metabolizmusból
- Intramuszkuláris zsírtartalommal
- Pubertás szabályozással – pubertás kori faggyúdeponálás
- A gén hiánya (knockout) vékonyságot okoz
- Hiányában zavart szenved a zsírsavak raktározása, felvétele, szintézise

A zsírsertés 50%-al magasabb NCOA2 expressziót mutat, mint a modern!



E1A-associated cellular p300 transcriptional co-activator protein

Szabályozza/összefüggést mutat:

- a transzkripciót a kromatin szerkezetén keresztül szabályozza
- zsírsejtek differenciálódását
- szabályozza a PPARG-ot
- transzkripciós co-aktivátora az ösztrogén receptornak
- lipid és szénhidrát metabolizmust

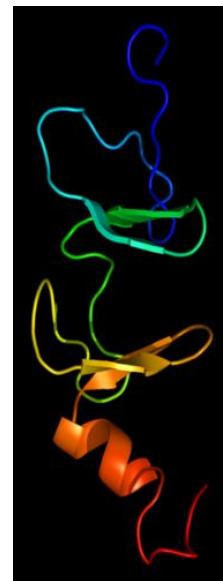
A zsírsertés magasabb EP300 expressziót mutat, mint a modern fajták!



Four and a half LIM domains protein 2

Szabályozza/összefüggést mutat:

- zsírsavkötő protein
- kapcsolatban áll transzkripciós faktorokkal, aktivátorokkal
- aktiválja az androgén receptort



A zsírsertés és a modern sertés nem mutat expressziós különbséget!



SNP-SNP KAPCSOLATRENDSZER INTRA-MUSZKULÁRIS ZSÍRSAVÖSSZETÉTELRE

A LEGERŐSEBB SNP MARKEREK



wikipedia.org

SNP/ gén	SNP chip	zsírsav tulajdonság	génkapcs. száma
ALGA0061664	ALGA0061664	3	376
SLC30A9	H3GA0024739	1	373
SEMA3F	DIAS0001129	3	370
ARHGEF2	ASGA0021047	3	368
NTRK3	MARC0045253	3	367
ZFHX4	ALGA0025325	1	366
SLC22A3	ALGA0117149	6	365
ARMC4	ALGA0059185	4	356
C9orf171	ASGA0008154	6	355
PPP2R2A	DIAS0004697	5	353

Ramayo-Caldas et al., 2014

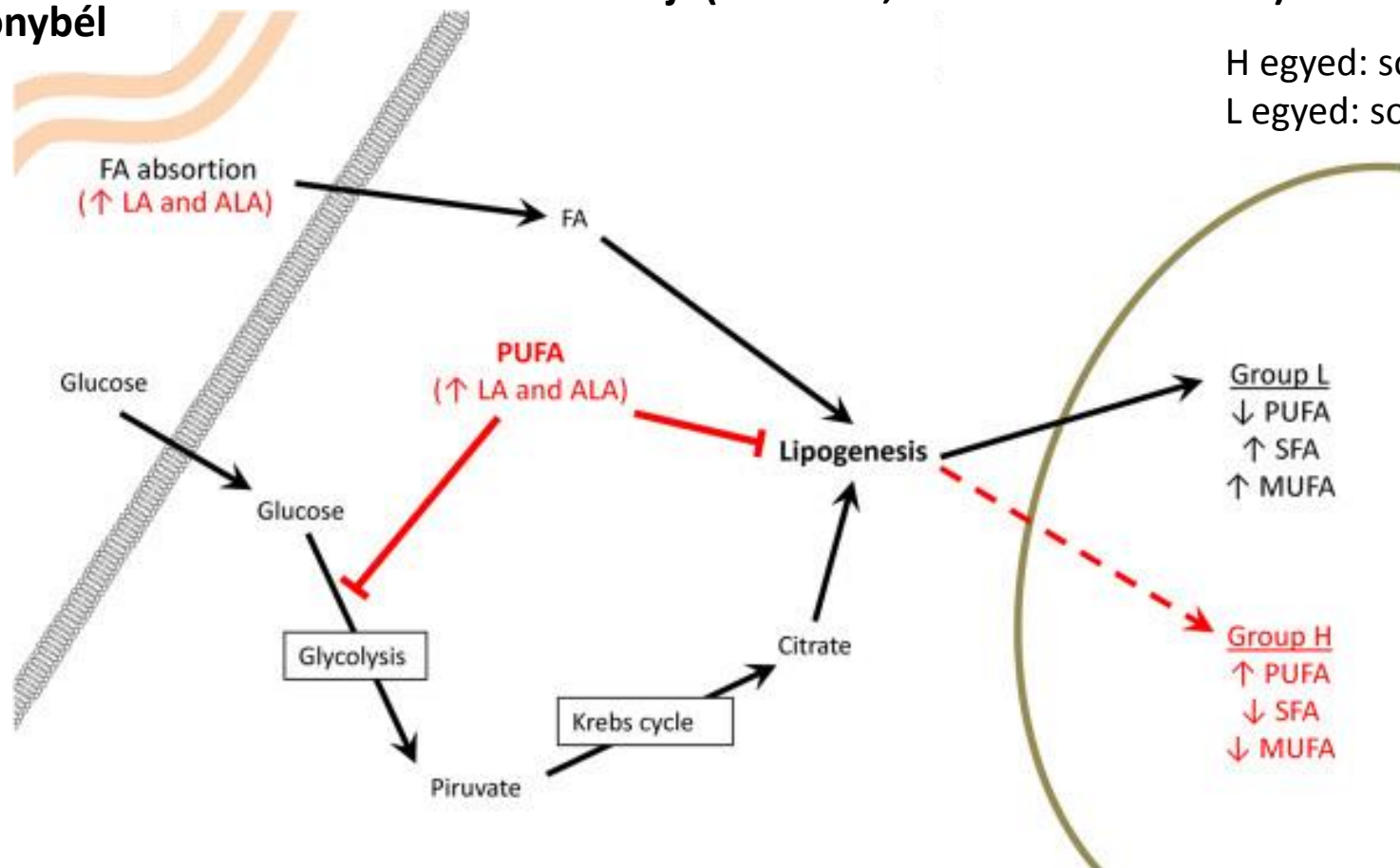


TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

A SZÖVET ZSÍRSAVÖSSZETÉTELÉT ALAPVETŐEN AZ ABSZORPCIÓ HATÁROZZA MEG

vékonybél

zsírsejt (szalonna, intamuszkuláris zsír)



H egyed: sok PUFA
L egyed: sok MUFA, SFA

Corominas et al. (2013)



A linolsav és linolénsav abszorpció a PUFA képződésnek kedvez a glükóz metabolizmus és a lipogenezis gátlása útján.

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

ELTÉRŐ ZSÍRSAVÖSSZETÉTELŰ SERTÉS ADIPOCITÁK ÉS TELJES TRANSZKRIPTOM

1. csoport: magas PUFA tart. sertések
2. csoport: magas SFA, MUFA tart. sertések

- Hátszalonna transzkriptom
- 4130 gén expressziója
- 396 mutatott eltérést
 - 62% magasabb expresszió a SFA/MUFA csoportban
 - 38% magasabb expresszió a PUFA csoportban

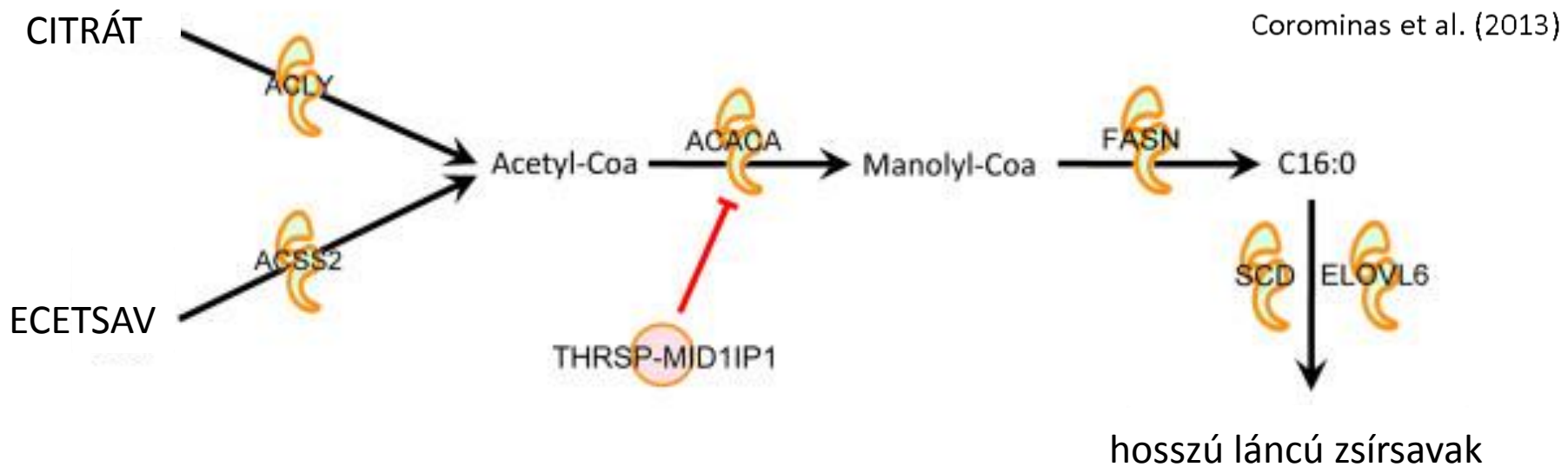
A legjelentősebb útvonal – az expresszióváltozások alapján – a de novo lipogenezis.



Magas PUFA tartalom = csökkent expresszió a lipogenikus géneknél.



A ZSÍRSAVSZINTÉZISBEN SZEREPET JÁTSZÓ, EXPRESSZIÓVÁLTOZÁST MUTATÓ ENZIMEK



Az eltérő zsírsavösszetételű sertések legfontosabb génjei, melyek expresszója eltér.



ELLENŐRZŐ KÉRDÉSEK

Mi a zsírsavak jelentősége?

Különböző zsírsavak markerei azonos régiókban vannak?

Mit befolyásol a zsírsav elongáz 6?

Melyek a marhahús zsírsavösszetételének markerei?

Milyen funkciót tölt be az ACSL1?

Miként értelmezhetőek az SNP – SNP összefüggések?

A klasszikus genomikától miben tér el a rendszerbiológiai megközelítés?



Felhasznált és ajánlott irodalom

- Bolormaa et al. (2013): Accuracy of prediction of genomic breeding values for residual feed intake and carcass and meat quality traits in *Bos Taurus*, *Bos indicus*, and composite beef cattle. *Journal of Animal Science*. 91. 3088-3104.
- Sun et al. (2013): The identification of 14 new genes for meat quality traits in chicken using a genome-wide association study. *BMC Genomics*. 14. 458.
- Chung (2014): Novel SNP in the coding region of the FTO gene is associated with marbling score in Hanwoo (Korean cattle). *Journal of Animal Science and Technology*. 56. 27.
- Revilla et al. (2014): New insight into the SSC8 genetic determination of fatty acid composition in pigs. *Genetics Selection Evolution*. 46. 28.
- Sevane et al. (2014): Phenotypic and genotypic background underlying variations in fatty acid composition and sensory parameters in European bovine breeds. *Journal of Animal Science and Technology*. 5. 20.
- Ramayo-Caldas et al. (2014): From SNP co-association to RNA co-expression: Novel insights into gene networks for intramuscular fatty acid composition in porcine. *BMC Genomics*. 15. 232.
- Ogawa et al. (2014): Effects of single nucleotide polymorphism marker density on degree of genetic variance explained and genomic evaluation for carcass traits in Japanese Black beef cattle. *BMC Genetics*. 15. 15.
- Corominas et al. (2013): Analysis of porcine adipose tissue transcriptome reveals differences in de novo fatty acid synthesis in pigs with divergent muscle fatty acid composition. *BMC Genomics*. 14. 843.
- Lu et al. (2013): Genome-wide association analyses for carcass quality in crossbred beef cattle. *BMC Genetics*. 14. 80.
- Widmann et al. (2011): Association of an *ACSL1* gene variant with polyunsaturated fatty acids in bovine skeletal muscle. *BMC Genetics*. 12. 96.





DEBRECENI EGYETEM

A TEJ MINŐSÉGI TULAJDONSÁGAIT MEGHATÁROZÓ GENETIKAI MARKEREK I.

TEJFEHÉRJE ÉS TEJZSÍR %-OT BEFOLYÁSOLÓ GÉNEK

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014

Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SZÉCHENYI 2020



MAGYARORSZÁG
KORMÁNYA

Európai Unió
Európai Szociális
Alap



BEFEKTETÉS A JÖVŐBE

ELŐADÁS VÁZLATA

- A tej beltartalma
- A tej minőségi paraméterei
- A tej férjetartalmát meghatározó gének
- A tej zsírtartalmát meghatározó gének



A TEJ MINŐSÉGI TULAJDONSÁGAI



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

A TEJ BELTARTALMA



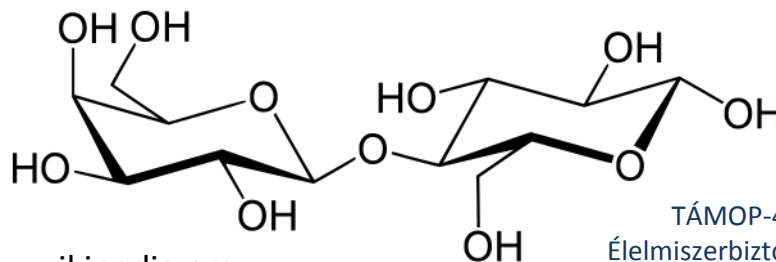
~ 88 % víz

~ 12 % szárazanyag

Tejzsír: a zsír a tejben 3-4 μm átmérőjű golyók formájában van jelen

Tejfehérje: a tejfehérje frakció fő alkotó részei a kazeinek (80%) és a savó fehérjék (20%)

Tejcukor: laktóz



wikipedia.org

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



TEJMINŐSÉG

A tej színe:

- fehér vagy sárgásfehér
- az elszíneződése minőségi problémára utal

A tej szaga:

- a tisztán fejt és lehűtött tejnek nincs szaga
- az erős tejszag a hanyag fejesnek és tejkezelésnek tulajdonítható

A tej íze:

- elsősorban a laktóztól és a tejzsírtól származik
- édeskés, telt íz
- sok tényező befolyásolja: takarmányozás, baktériumtartalom, egészségi állapot, stb.



A tej sűrűsége:

- a tej sűrűsége $1,029-1,033 \text{ g/cm}^3$ között változik, az alkotórészek arányának változásával a sűrűség változik

A tej fagyáspontja:

- legstabilabb fizikai jellemző
- kis mennyiségű víz hozzáadására is változik
- - $0,52 \text{ °C}$ vagy ennél alacsonyabb

A tej kémhatása:

- enyhén savas
- pH $6,6$ és $6,75$ között





Összcsíraszám ($100\ 000\ \text{cfu}/\text{cm}^3$)

- mikrobák száma a tejben
- a fejés és tejkezelés tisztaságának jellemzője
- magas összcsíraszám → alacsony minőség

Szomatikus sejtszám ($400\ 000\ \text{sejt}/\text{cm}^3$)

- a tőgy belső felületéről származó hámsejtek és a vérből származó fehérvérsejtek
- tőgygyulladás jelzésére alkalmas paraméter, mert hatására emelkedik a szomatikus sejtszám



TEJFEHÉRJE ÉS TEJZSÍR %-OT BEFOLYÁSOLÓ GÉNEK



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

TEJ FEHÉRJE % ÉS A KANDIDÁNS SNP-K KÜLÖNBÖZŐ KROMOSZÓMÁKON

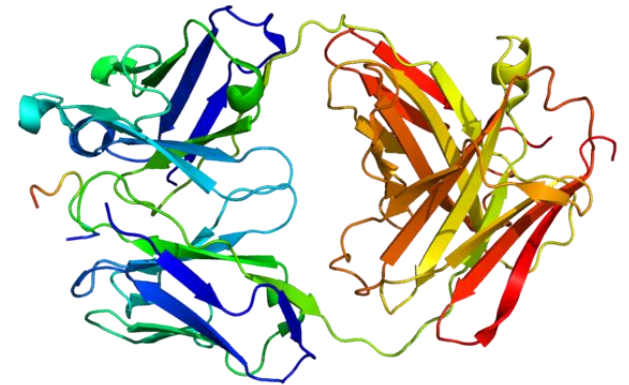
SNP	Chr.	Position (bp)	Legközelebbi gén	Távolság a génhez képest	P-érték
Hapmap48524-BTA-92140 ^b (rs42552739)	5	80965296	NCF4	24749	3.69E-11
ARS-BFGL-NGS-21133 ^b	5	81003368	CSF2RB	2032	3.29E-07
Hapmap59369-rs29018333 ^b (rs29018333)	6	33989255	LOC536367	Within	1.52E-08
Hapmap24324-BTC-062449 ^b	6	37024132	HERC3	6738	2.33E-17
BTA-121739-no-rs ^b (rs41622323)	6	37454409	PKD2	Within	7.08E-07
BTB-00251047 ^b (rs43463988)	6	41928694	LOC100140991	401634	4.33E-07
Hapmap41083-BTA-76098 ^b (rs41652041)	6	80715299	LOC100140587	4319	1.17E-06
ARS-BFGL-NGS-57820 ^{ab}	14	236532	FOXH1	3396	2.82E-08
ARS-BFGL-NGS-34135 ^{ab}	14	260341	CYHR1	Within	3.88E-09
ARS-BFGL-NGS-94706 ^{ab} (rs17870736)	14	281533	VPS28	Within	2.28E-08
ARS-BFGL-NGS-4939 ^{ab}	14	443937	DGAT1	160	3.73E-08
ARS-BFGL-NGS-107379 ^{ab}	14	679600	LOC786966	460	7.73E-07
UA-IFASA-6878 ^b (rs41629750)	14	1044041	GRINA	15662	6.79E-07
Hapmap27703-BTC-053907 ^a	14	2826073	NIBP	Within	3.95E-07
BFGL-NGS-118998 ^{ab}	20	34036832	GHR	Within	7.87E-07
ARS-BFGL-BAC-2469 ^b (rs41937533)	20	35552477	LOC518808	22514	1.21E-08
BTA-50402-no-rs ^b (rs41945918)	20	36668000	LOC782462	19510	7.57E-07
Hapmap57531-rs29013890 ^b (rs29013890)	20	36955575	LOC782833	32019	8.97E-08
BTB-00778154 ^{ab} (rs41941646)	20	37399087	C9	10219	6.21E-07
BTB-00778141 ^{ab} (rs41941633)	20	37442583	FYB	35360	1.91E-11
ARS-BFGL-NGS-38482 ^b	20	37708167	RICTOR	Within	1.99E-08
Hapmap39660-BTA-50453 ^b (rs41581059)	20	37865657	LOC100138964	Within	2.97E-07
ARS-BFGL-NGS-22355 ^b	20	38899763	GDNF	17831	5.65E-07
BTB-00782435 ^b (rs41942492)	20	39485917	NIPBL	Within	1.02E-07
BTA-13793-rs29018751 ^b (rs29018751)	20	39518857	NIPBL	Within	6.27E-10
BTB-01842107 ^b (rs42954630)	20	39601103	NIPBL	Within	1.53E-10
Hapmap53199-rs29014437 ^a (rs29014437)	20	39728147	LOC782284	38124	3.35E-07
BTA-102910-no-rs ^b (rs41574319)	20	41947097	RAI14	171370	2.64E-07

Fehérje %-ot szignifikánsan befolyásoló SNP-k
Jiang et al, 2010



Oszteopontin gén (OPN)

- az oszteopontin egy multifunkcionális bioaktív fehérje
- a tejben a legmagasabb a koncentrációja
- szignifikáns hatással van a tejhozamra, a zsír és fehérje %-ra
- a 6-os kromoszómán számos olyan QTL-t azonosítottak az OPN gén közelében, melyek szintén a tejfehérje %-ot befolyásolják



wikipedia.org



ATP-binding cassette sub-family G member 2 (ABCG2)

- Sejtmembránon keresztüli transzportban játszik szerepet
- a tőgyben a laktáció alatt megemelkedik az expressziója
- hatása sokrétű: tejhozam, tejsír és fehérje %, szomatikus sejtszám
- marhánál 14-es exonban szubsztitúció (A/C), mely aminosav változást okoz

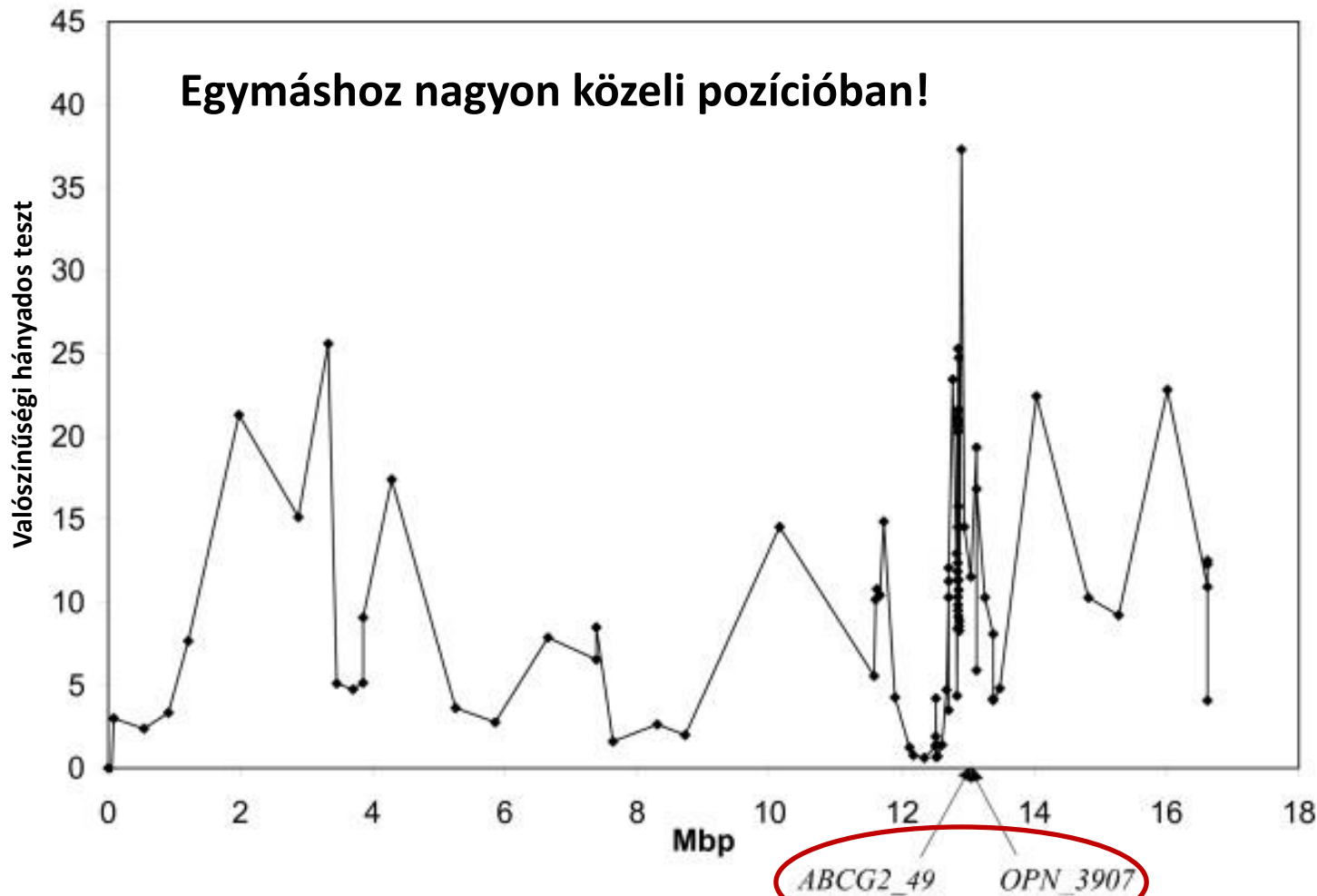


tejsír% és tejfehérje %



OPN ÉS ABCG2

Egymáshoz nagyon közeli pozícióban!



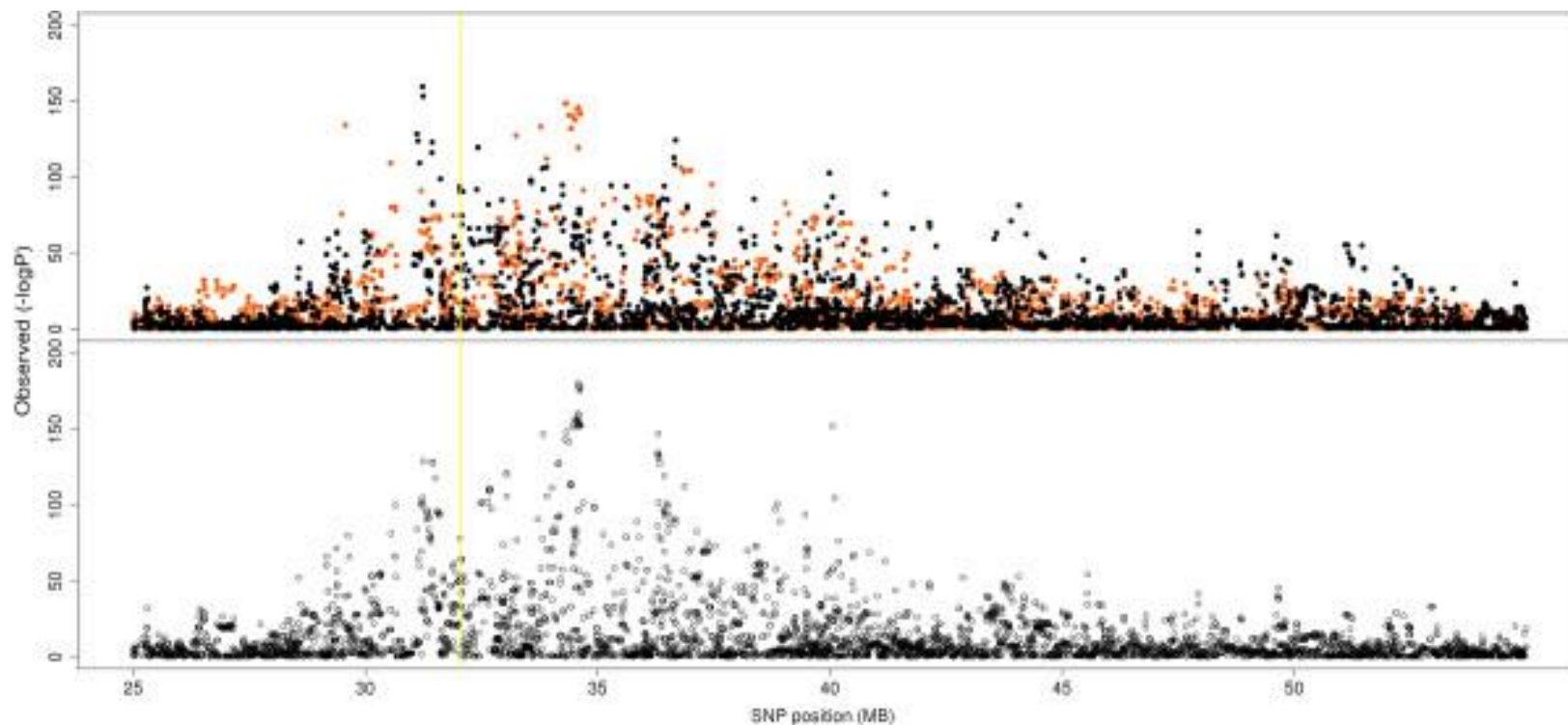
Tejzsír és
tejfehérje %-ra
végzett QTL
analízis
Olsen et al, 2007



Növekedési hormon receptor gén (growth hormone receptor, GHR)

- a növekedési hormon kulcsszerepet játszik a laktáció elindításában és fenntartásában
- a 20-as kromoszómán található GHR génnek számos mutációja ismert, az 5' UTR és a kódoló régióban is
- leggyakrabban vizsgált mutáció F279Y, mely hatására változik az aminosav összetétel: fenilalaninról tirozinra
- a mutációnak pozitív hatása van a tejzsír és a tejfehérje %-ra





Felső panel: asszociációs vizsgálat a fehérje % és a szarvasmarha 20-as kromoszómájának 30 Mb régiójában található SNP-k között. Fekete pöttyök: holstein, narancssárga pöttyök: jersey

Alsó panel: többfajtás teljes genom asszociáció

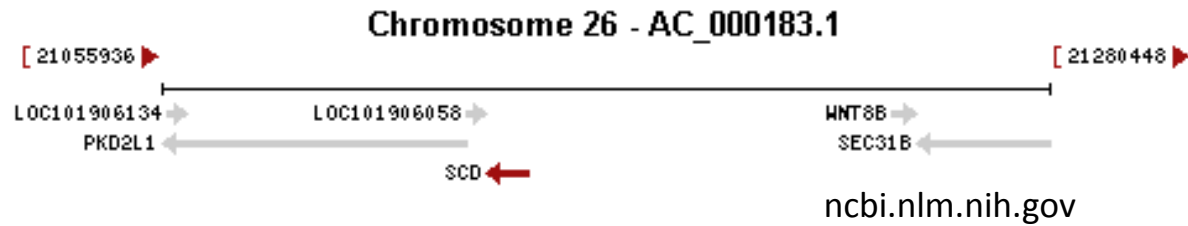
A sárga vonal a GHR gén pozícióját jelzi. Raven et al, 2014



Stearoyl-CoA desaturase (SCD)

- multifunkcionális enzim, a zsírsavak bioszintézisében játszik szerepet
- a 26-os kromoszómán lokalizálódik, számos más lipid metabolizmushoz köthető enzimmel együtt (LPF lipáz, GPAM glycerol-3-phosphate acyltransferase mitochondria)
- hatással van a tej zsírsav összetételére is





- fontosabb mutációk:

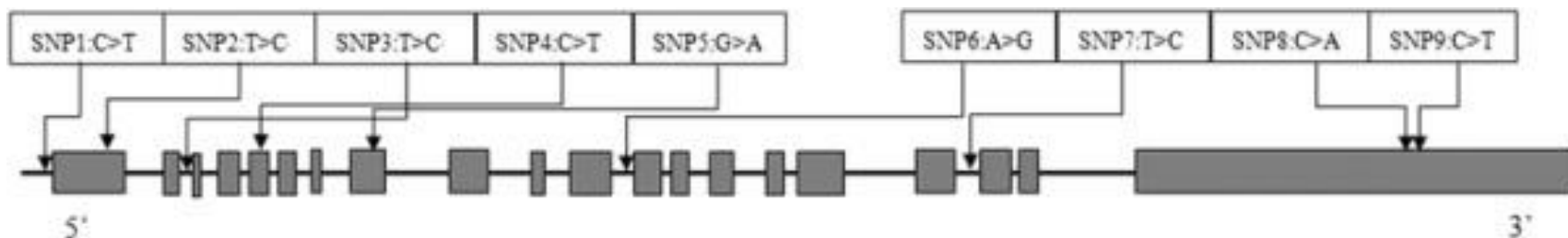
3 és 4-es intronban 6926A/G; 8646A/G
 5-ös exonban 10153A/G, 10213T/C és
 10329C/T

- mind az 5 mutáció szignifikáns hatással van a
 fehérje %-ra



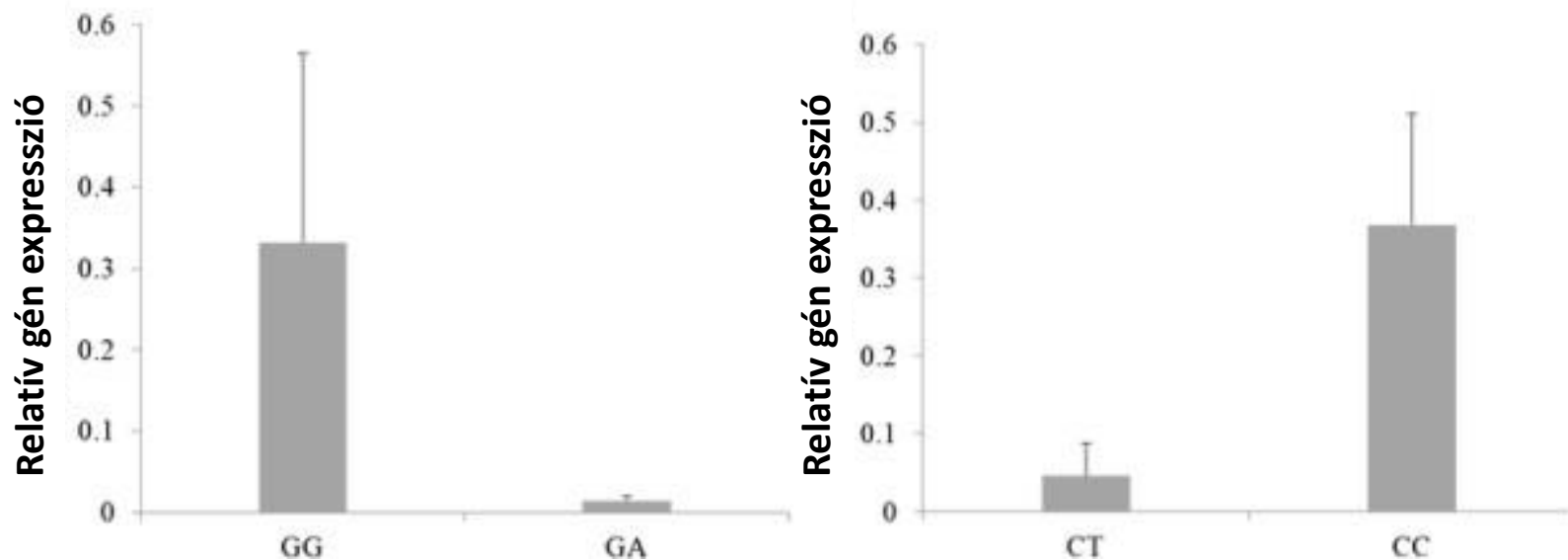
Histidine ammonia-lyase (*HAL*)

- tejhozamra és a tej fehérje %-ra szignifikánsan hat
- hisztidin katabolizmusban játszik szerepet
- marhában 5. kromoszómán



9 SNP a HAL génben Wang et al, 2014





HAL gén relatív expressziója a tőgyben két
SNP esetén: ss974768522, ss974768527

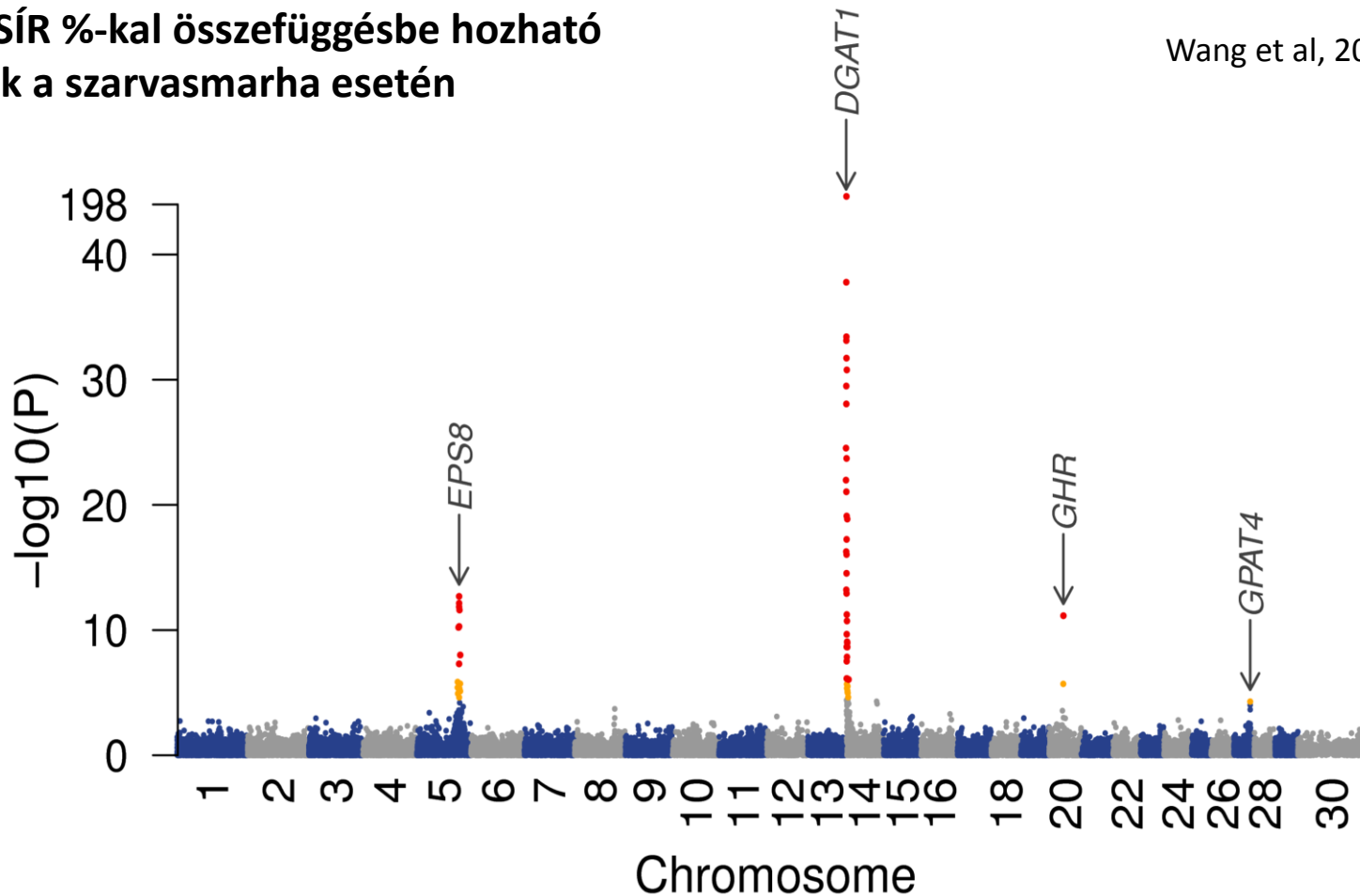
Wang et al, 2014



TEJZSÍR %

TEJZSÍR %-kal összefüggésbe hozható
SNP-k a szarvasmarha esetén

Wang et al, 2012



TEJZSÍR %

SNP	KROMOSZÓMA	Physical position ^a	MINOR ALLÉL	p^b	SZOMSZÉDOS GÉN
Hapmap49734-BTA-74577	5	94,570,828	A (0.09)	2.00×10^{-13}	<i>EPS8</i>
ARS-BFGL-NGS-4939	14	1,801,116	G (0.31)	1.57×10^{-198}	<i>DGAT1</i>
BTA-84181-no-rs	20	31,552,475	G (0.37)	1.95×10^{-6}	<i>GHR</i>
ARS-BFGL-NGS-57448	27	36,155,097	A (0.36)	9.83×10^{-5}	<i>GPAT4</i>
ss319604831	5	94,551,792	G (0.21)	4.92×10^{-6}	<i>EPS8</i>
ss319604833	5	94,553,580	T (0.09)	1.40×10^{-12}	<i>EPS8</i>
ss319604845	5	94,726,848	T (0.22)	2.40×10^{-5}	<i>EPS8</i>
K232A	14	1,802,265	A (0.31)	8.91×10^{-198}	<i>DGAT1</i>
F279Y	20	31,909,479	A (0.17)	7.03×10^{-12}	<i>GHR</i>
S18N	20	39,115,344	G (0.14)	3.19×10^{-1}	<i>PRLR</i>
ss410759404	27	36,211,257	GA (0.38)	5.18×10^{-5}	<i>GPAT4</i>
ss410758894	27	36,228,939	A (0.40)	2.27×10^{-4}	<i>GPAT4</i>

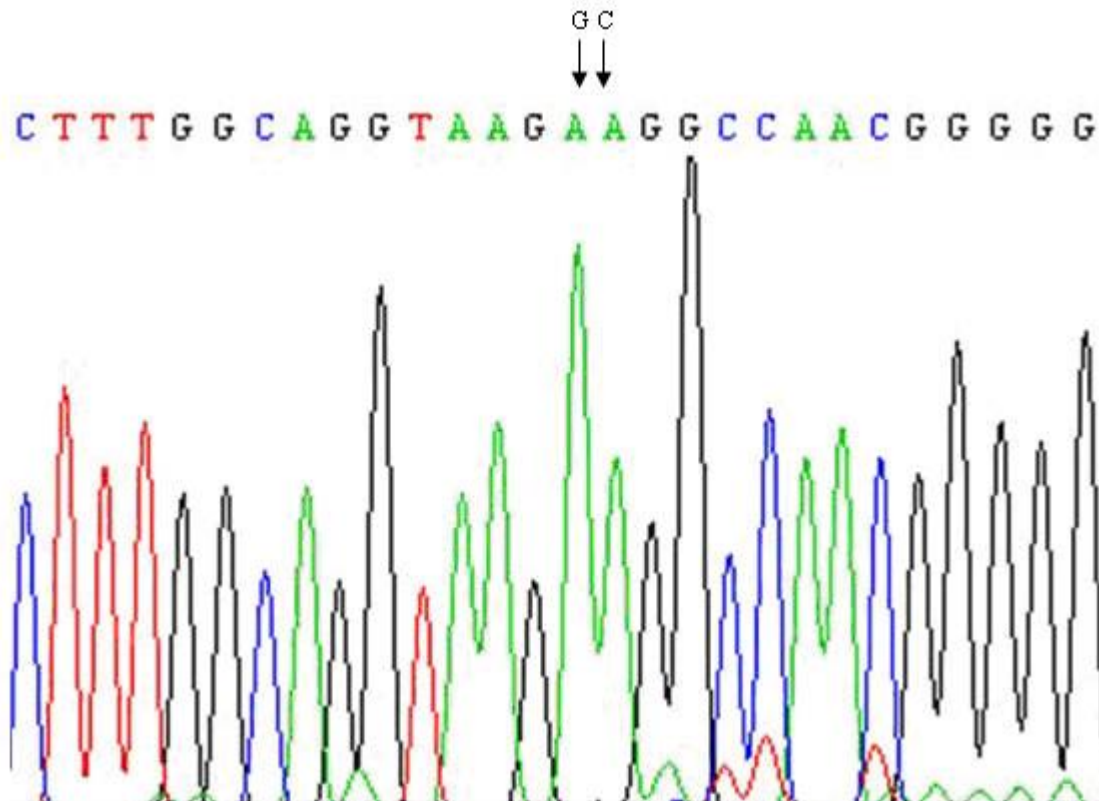
Wang et al, 2012



- acylCoA-diacylglycerol-acyltransferase 1 (DGAT1)
- triglicerid szintézis kulcsenzime
- tejzsír %-ot befolyásoló kandidáns gén
- 19 polimorf hely a DGAT1 génben és 17 mutáció az intronokban, a promóterben, ill. a nem-átíródó exonokban
- gyakran vizsgált polimorfizmosa: K232A
232K allél esetén magasabb tejzsír %, mint a 232A allélnál



DGAT1



**DGAT1 K232A (AA → GC)
mutáció a 8-as exonban**

Tantia et al, 2006



K232A

	DGAT1 KK				DGAT1 AA			
	Min	Mean	Max	SD	Min	Mean	Max	SD
Zsír %	3.55	4.95	7.42	0.82	2.25	3.99	5.71	0.81
PL (% of TL)	0.63	0.94	1.72	0.21	0.75	1.22	2.24	0.30
TAG (% of TL)	97.60	98.52	99.01	0.27	96.77	98.14	98.81	0.44
TC (% of TL)	0.35	0.57	0.88	0.13	0.41	0.68	1.12	0.17
PL/TAG ratio	0.006	0.009	0.0176	0.002	0.0076	0.0124	0.0231	0.0032
PI (% of TPL)	7.11	17.11	28.56	4.59	8.45	17.64	27.71	4.32
PE (% of TPL)	3.89	8.69	15.88	2.67	3.83	9.10	16.73	2.52
PS (% of TPL)	10.62	19.35	32.00	4.60	11.75	19.73	36.33	5.46
PC (% of TPL)	24.73	30.06	36.20	2.28	23.30	29.99	36.78	2.29
SM (% of TPL)	18.29	24.80	38.34	3.60	9.47	23.54	31.07	3.16

PL: phospholipids; TAG: triacylglycerols; TL: total lipids; TC: total cholesterol; TPL: total phospholipids; PI: phosphatidylinositol; PE: phosphatidylethanolamine; PS: phosphatidylserine; PC: phosphatidylcholine; SM: sphingomyelin.

doi:10.1371/journal.pone.0068707.t001

Argov-Argaman et al, 2013



AGPAT6, GPAT4, EPS8

- 1-acylglycerol-3-phosphate acyltransferase (AGPAT) a leggyakoribb izoformája az AGPAT6
- glycerol-3-phosphate acyltransferase 4 (GPAT4)
- epidermal growth factor receptor pathway substrate 8 (EPS8)

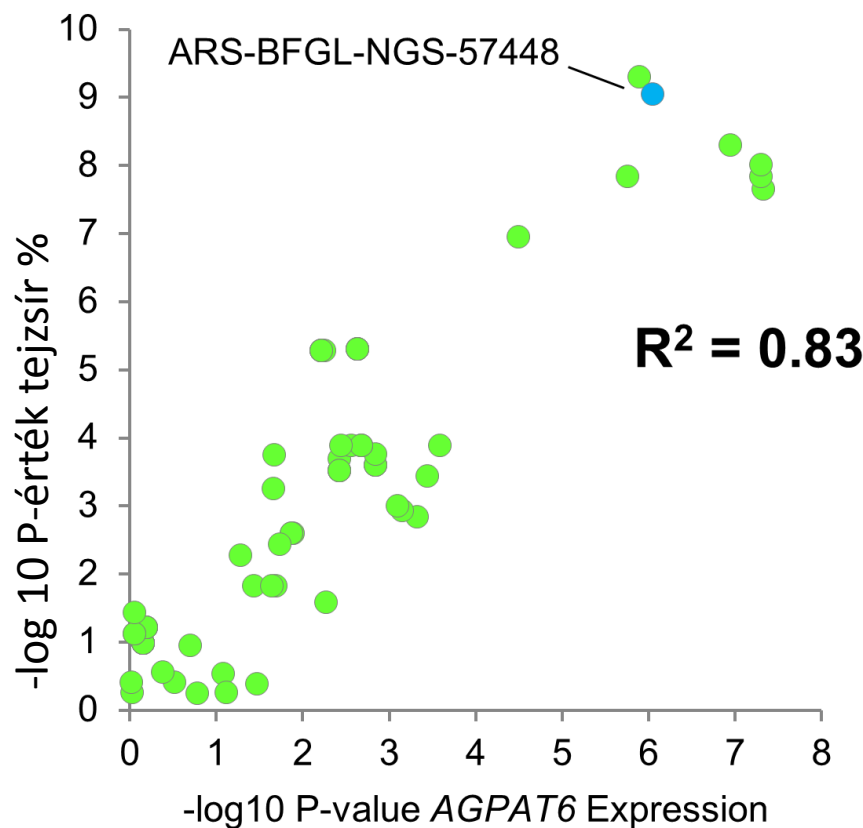
FUNKCIÓJUK:

- lipid metabolizmusban játszanak szerepet
- laktáció alatt nagymértékben növekszik az expressziójuk



AGPAT6

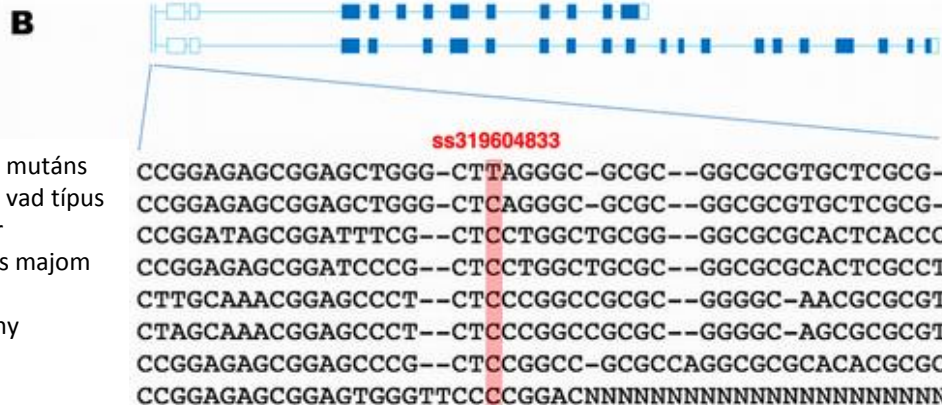
Erős korreláció a tejzsír % és az AGPAT6 expressziója között



Littlejohn et al, 2014

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME





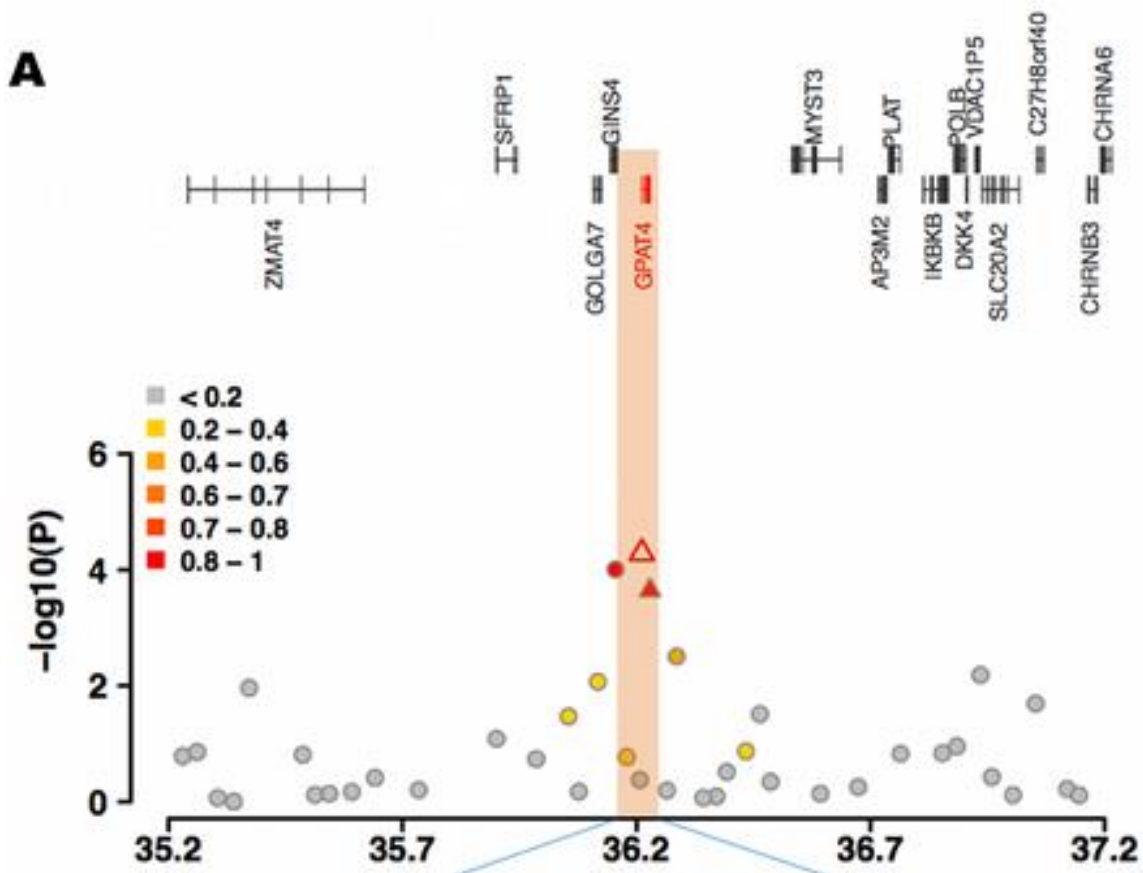
ss319604833 polimorfizmus

Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



Tehén mutáns
Tehén vad típus
Ember
Rhesus majom
Egér
Patkány
Kutya
Ló

A GPAT4 gén elhelyezkedése a szarvasmarha 27-es kromoszómáján



Wang et al, 2012

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



GPAT4 POLIMORFIZMUSOK

Tehén mutáns
Tehén vad típus
Ember
Rhesus majom
Patkány
Kutya

ss410759404

```

GCTGCTTCTGCGGGCCAGAGCTCCAGG-CAGTGGGGT-CAGTGAGGAGGCCCATCTTCTC
GCTGCTTCTGCGGGCCAGAGCTCCAGG-CAGTGGGGGACAGTGAGGAGGCCCATCTTCTC
GCTGCATCTGTGCGGAACCACTCTGAGTATCTGGGGGACAGG----AAGGAGATGTACTT
GCGGCACCTGTGCAGAACCACCTCTGAATACCTGGGGGACAGGTAGTAAGGAGATGTANN
GTCGCATCTGTTATGAAGAACTCTGGGTAACCTATGGGACAAG---TCGGGGTATTGACAT
GTTGCATCTGCAG-ACAGAACTCTGGGTAGTTG-GGGACAAG----TAGGAGGGAGACTT
    
```

Tehén mutáns
Tehén vad típus
Ember
Rhesus majom
Egér
Patkány
Kutya
Ló

ss410758894

```

TGGTCCAGGGCCG-GGAGGGGGGCGGGTAAAGG--AGAGCC-GGAGCCAC-GT-CGGGGT
TGGTCCAGGGCCG-GGAGGGGGGCGGGTAAAGG--AGAGCC-GGAGCCAC-GT-CGGGGT
AAGTACAGGGCCACAAACGGGGCACGGCA-GGCCTGAGCTCAGAGCTGCTGCACTGGGC
AAGTACAGGGCCACAAACGGGGCACGGCA-GGCCTGAGCTCAGAGCTGCTGCCCTGGGC
AGGGACAGCTTCAGAGAGCGTGCCAGGACAAGGTCAGAGCT-ACAGCTGCTGCCAGGAT
AGGGACAGCGTCAGAGAGTGTGCCAGGACAAGGTCAGAGCT-ACAACTGCTGCCAGGAT
AAATATAGGTCCATGAAATATGCCAGGAAAAGGTCAGAGCTTAGAGCTACCGCAAAGGGC
AAGGACAGGTCTGTGAAGAGCGGCAGGACAAGGTCAGAGCTGCTGCCAGGGC
    
```

Wang et al, 2012

A szignifikáns asszociációt mutató ss410759404 és ss410758894



ELLENŐRZŐ KÉRDÉSEK

Témakörhöz kapcsolódó kérdések

Melyek a tej minőségi paraméterei?

Mi a szomatikus sejtszám?

Milyen paraméterekre hat az ABCG2 gén?

Az osteopontin és az ABCG2 gének közeli markerek?

Milyen paraméterekre hat a DGAT1 gén?

Mit befolyásol a növekedési hormon receptor gén polimorfizmusa?



Felhasznált és ajánlott irodalom

- Tantia et al. (2006): DGAT1 and ABCG2 polymorphism in Indian cattle (*Bos indicus*) and buffalo (*Bubalus bubalis*) breeds. BMC Veterinary Research. 2:32.
- Argov-Argaman (2013): Milk Fat Content and DGAT1 Genotype Determine Lipid Composition of the Milk Fat Globule Membrane. PLoS ONE. 8(7): e68707.
- Raven et al. (2014): Multibreed genome wide association can improve precision of mapping causative variants underlying milk production in dairy cattle. BMC Genomics. 15:62.
- Jiang et al. (2010): Genome Wide Association Studies for Milk Production Traits in Chinese Holstein Population. PLoS One. 5(10). e13661.
- Olsen et al. (2007): Genetic support for a quantitative trait nucleotide in the ABCG2 gene affecting milk composition of dairy cattle. BMC Genetics. 8:32.
- Littlejohn et al. (2014): Expression variants of the lipogenic AGPAT6 gene affect diverse milk composition phenotypes in *Bos taurus*. PLoS ONE 9(1): e85757
- Wang et al, (2012): Identification and Dissection of Four Major QTL Affecting Milk Fat Content in the German Holstein-Friesian Population PLoS ONE 7(7): e40711
- Szakály (2001): Tejgazdaságtan. Szaktudás Kiadó Ház. 1-478.
- Császár – Unger (2005): A minőségi tejtermelés alapjai. Magyar Tejgazdasági Kísérleti Intézet. Mosonmagyaróvár, Szaktanácsadási Füzetek Az FVM Szakmai Szaktanácsadási Központ Hálózat kiadványai. 1-46.





DEBRECENI EGYETEM

A TEJ MINŐSÉGI TULAJDONSÁGAIT MEGHATÁROZÓ GENETIKAI MARKEREK II.

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014

Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SZÉCHENYI 2020



MAGYARORSZÁG
KORMÁNYA

Európai Unió
Európai Szociális
Alap



BEFEKTETÉS A JÖVŐBE

ELŐADÁS VÁZLATA

- **A tej kazeinjei**
- **AlfaS1 kazein**
- **AlfaS2 kazein**
- **Béta kazein**
- **Kappa kazein**
- **Zsírsavösszetételre ható gének**
- **Szomatikus sejtszám**



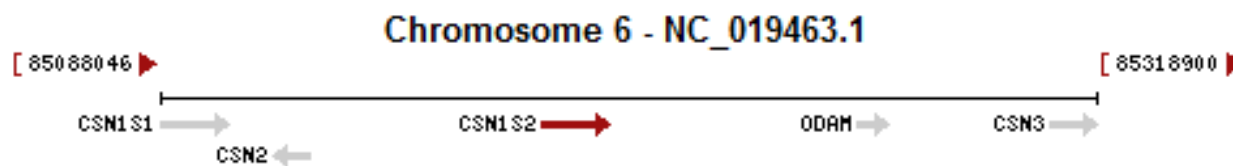
KAZEINEK



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

KAZEIN

- 4 kazein gén:
 - 6-os kromoszómán helyezkednek el a szarvasmarha, juh és kecske esetén is, egy 250 bp-os régió belül, a következő sorrendben: α_{S1} -, β -, α_{S2} -, κ -kazein
- α_{S1} - kazein CSN1S1
- α_{S2} - kazein CSN1S2
- β - kazein CSN2
- κ - kazein CSN3

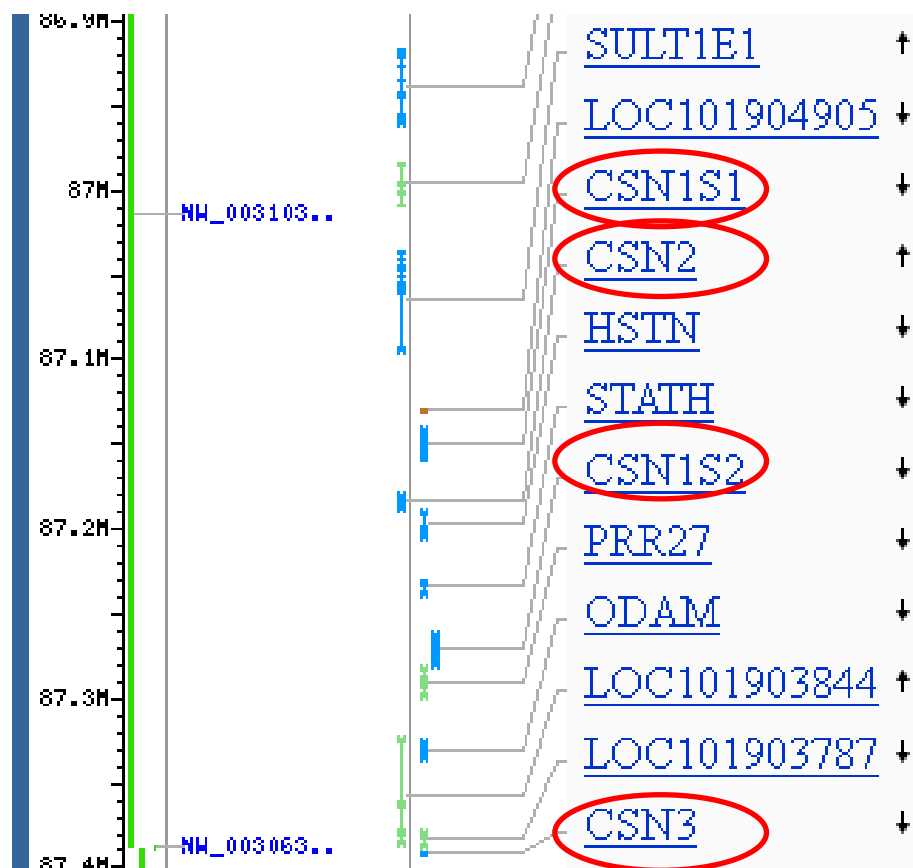


Juh 6-os
kromoszóma
részlete

ncbi.nlm.nih.gov



KAZEIN GÉNEK POZÍCIÓJA



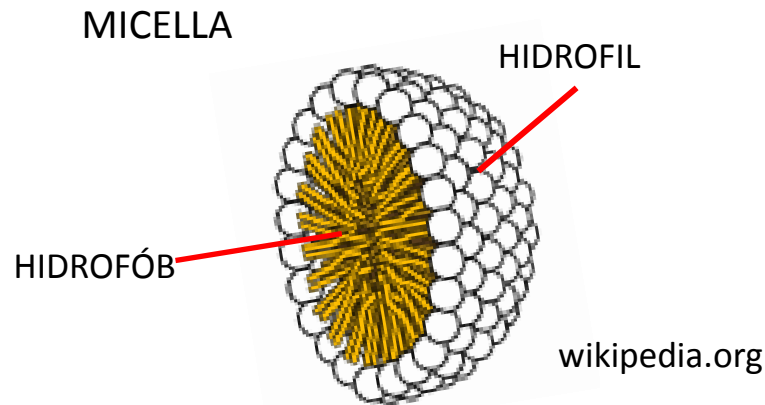
ncbi.nlm.nih.gov

Szarvasmarha 6-os
kromoszóma részlete



KAZEIN

- A kazeinek a leggyakoribb tejfehérjék, prolinban gazdag foszfoproteinek, kalcium-foszfáttal kapcsolódva komplexet képeznek ➔ kazein micellák alakulnak ki



- Kalcium szenzitív kazeinek: α_{s1} - α_{s2} -, β - kazeinek, foszfoszeril csoportokat tartalmaznak, alacsony kalcium koncentráció mellett már precipitálódnak
- A κ -kazein csak 1-2 foszfoszeril oldalláncot tartalmaz és széles tartományban mozgó kalcium koncentráció esetén is oldatban marad



ALFA_{S1}- KAZEIN



Juh

- 5 féle α_{S1} -kazein változatot írtak le eddig (A-E) [wikipedia.org](https://en.wikipedia.org/wiki/Casein)
- Az A, C és D változatról átíródó fehérjék között egy aminosav a különbség
- A CC homozigóták esetén a tejben magasabb a kazein tartalom, nagyobb a fehérje:zsír arány és kisebb a kazein micellák átmérője a CD és a DD genotípushoz képest
- A CC állatok teje alkalmasabb a sajtkészítésre, mivel jobb az alvadási tulajdonságai, ezeknek a sajtoknak magasabb a zsír:szárazanyag aránya is a DD sajtokhoz képest



ALFA_{s1}- KAZEIN

Kecske

wikipedia.org



- 16 kodomináns allél: A, B1, B2, B3, B4, C, D, E, F, O1, O2, H, I, L, M, N
- 4 csoport:
 - erős allélok (A, B1, B2, B3, B4, C, H, L, M) 3.5 g/L α_{s1} -kazein
 - közepes allélok (E és I, 1.1 g/L)
 - gyenge allélok (F és G, 0.45 g/L)
 - null allélok (O1, O2 és N) nincs α_{s1} -kazein a tejben
- Az AA egyedek tejéből készült sajtnál kevésbé érezhető a tipikus „kecske íz” mint az EE és FF sajtoknál (ez az eltérő zsírsav összetétellel magyarázható)



ALFA_{S1}- KAZEIN

Szarvasmarha



wikipedia.org

- 9 allél (A,B,C,D,E,F,G,H,I)
- B és C allél nagyobb gyakorisággal fordul elő, mint a többi allél
CC genotípusú állatoknál magasabb a fehérje és zsír % (CC>BB>BC)
- CSN1S1 gén akut masztitisz esetén epigenetikusan (elsődlegesen DNS metilációval) ki van kapcsolva
- a tehéntej kecske tejjel helyettesíthető, mert más a fehérje összetétele ➡ allergiás reakciók elkerülhetők

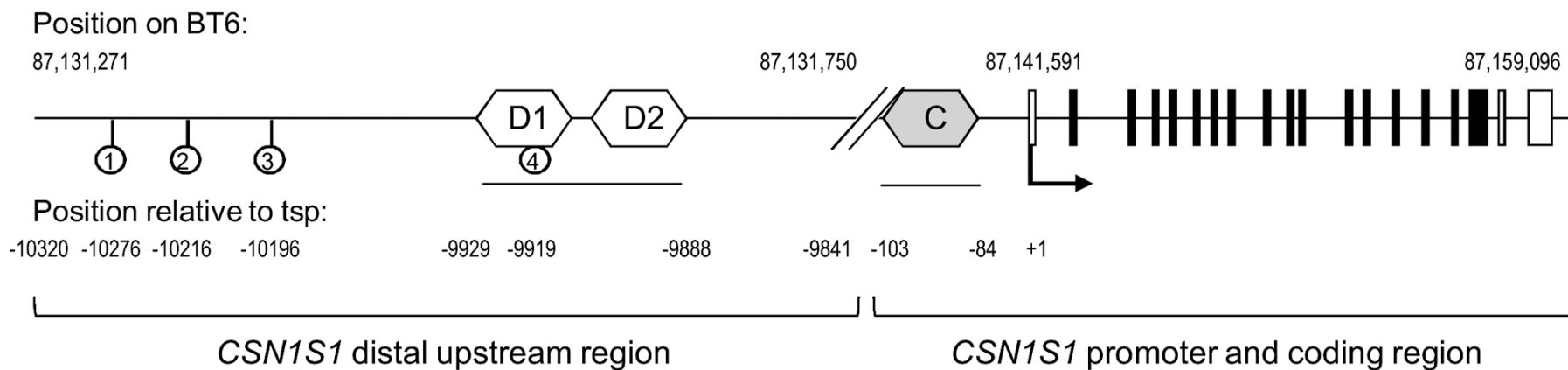


ALFA_{S1}- KAZEIN



wikipedia.org

CSN1S1 gén szerkezete



Sodeland et al, 2011



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

ALFA_{S2}- KAZEIN

Juh

Nagyon heterogén frakció a multifoszforilációnak köszönhetően

Kecske

8 allélt azonosítottak eddig:

- A, B, C, E, F, G normál mértékű fehérje szintézis
- D és 0 alacsony vagy null szintézis
- allergológiai szempontból is fontosak: az A, B, C, E, F magasabb allergén potenciállal rendelkezik, mint a D és 0

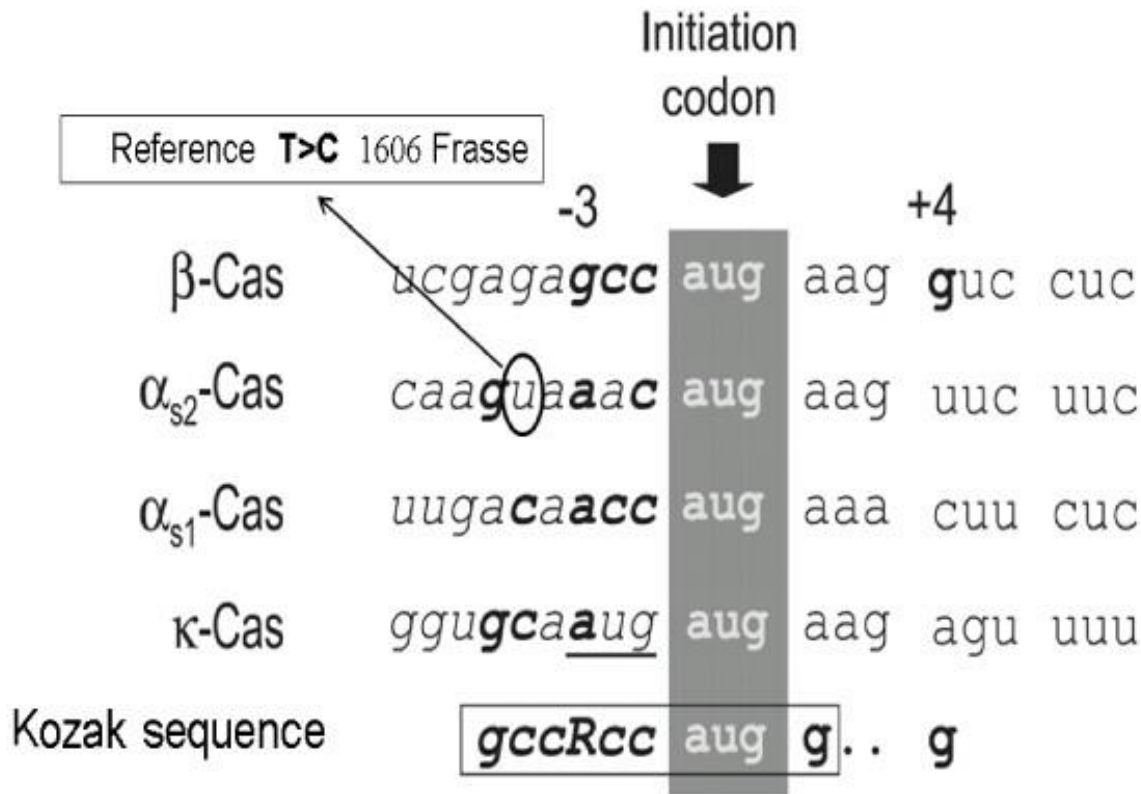
Szarvasmarha

6 allél: B, C, D, E, F, G

A többi kazein génhez képest még kevésbé vizsgált



ALFA_{s2}- KAZEIN



A Kozák-szekvenciában bekövetkező mutáció a transzláció hatékonyságát befolyásolja, hatással van a tejben megjelenő alfas₂ kazein mennyiségére

Sodeland et al, 2011



BÉTA- KAZEIN

Szarvasmarha:

- 45% a béta kazein a kazein frakciónak
- 12 genetikai variáns:
A1, A2, A3, B, C, D, E, F, G, H1, H2, I
a tejelő teheneknél az A1 és A2 forma a leggyakoribb,
melyekről átíródó fehérjék 1 aminosavban térnek el
egymástól



BÉTA- KAZEIN

Juh:

7-es exonon polimorfizmus: két allél A és G
GG genotípus az alacsonyabb zsír és fehérje %-kal
hozható összefüggésbe, míg az AA homozigóta a
magasabb értékekkel



BÉTA- KAZEIN

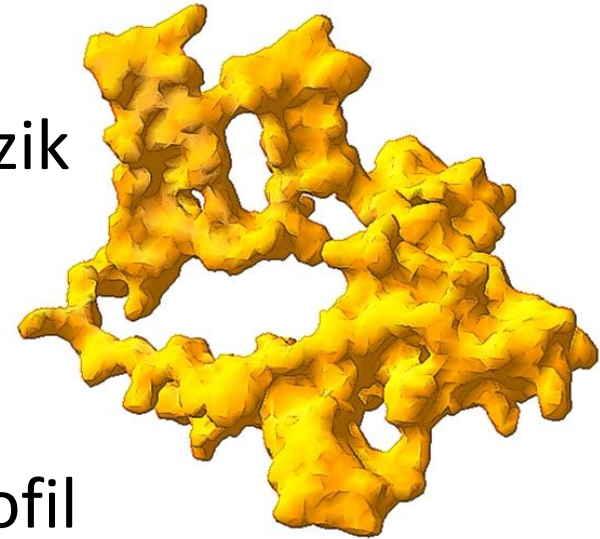
Kecske

5 allél: A,B,C normál mennyiségű béta kazein a tejben,
0 és 0' a nagyon kicsi vagy egyáltalán nem mérhető
béta-kazein mennyiséget jelenti



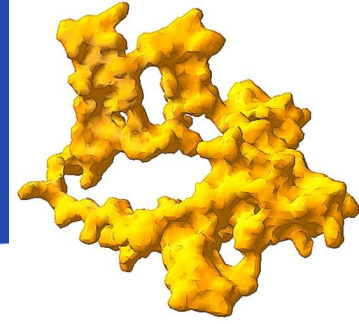
KAPPA- KAZEIN

- kappa kazein a micellák kialakításában, stabilizálásában és aggregációjában játszik kulcsszerepet
- a micella felszínén helyezkedik el, hidrofil
- befolyásolja a tej későbbi feldolgozásának lehetőségeit és az emészthetőséget is



wikipedia.org

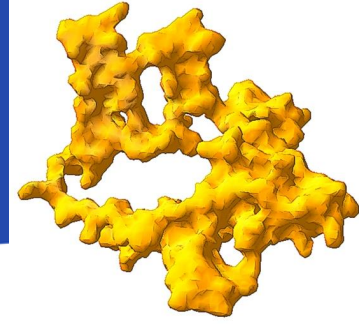




Szarvasmarha

- 14 variánsa ismert: A, A1, B, B2, C, D, E, F1, F2, G1, G2, H, I, J
- az A és B allél a leggyakoribb
- a tej fehérje és zsír % esetén általában nincs szignifikáns különbség az AA, BB és AB genotípusok között
- a tejhozam esetén: $AB > AA > BB$

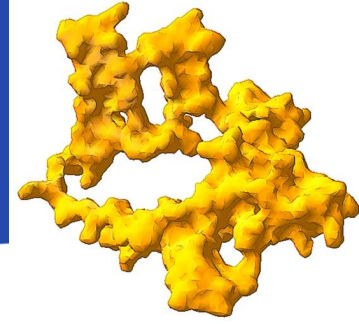




Szarvasmarha

- BB genotípus a legalkalmasabb sajtkészítéshez (jobb az aludttej állaga, gyorsabban képződnek a kis micellák)
- CSN3 B allél magasabb fehérje % és alacsonyabb szomatikus sejtszám, az E allél alacsony fehérje % és magas szomatikus sejtszám

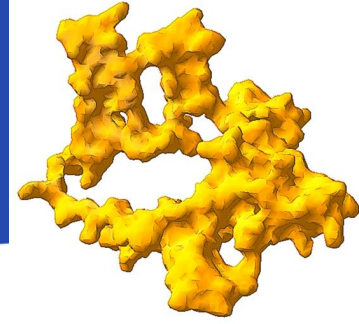




Kecske

- 16 CSN3 allélt azonosítottak (ezekből 13 fehérje variáns jön létre, mivel 3 mutáció ún. csendes mutáció)
- Az expresszáldó fehérjék izoelektromos pontja alapján két csoportba sorolhatók az allélok:
A^{IEF} csoport: A, B, B', B'', C, C', F, G, H, I, J, L (IP = 5.29)
B^{IEF} csoport: D, E, K, M (IP = 5.66)
- A B^{IEF} csoportba tartozó állatok esetén nagyobb kazein és fehérje %-ot detektálható, mint az A^{IEF} csoport egyedeinél



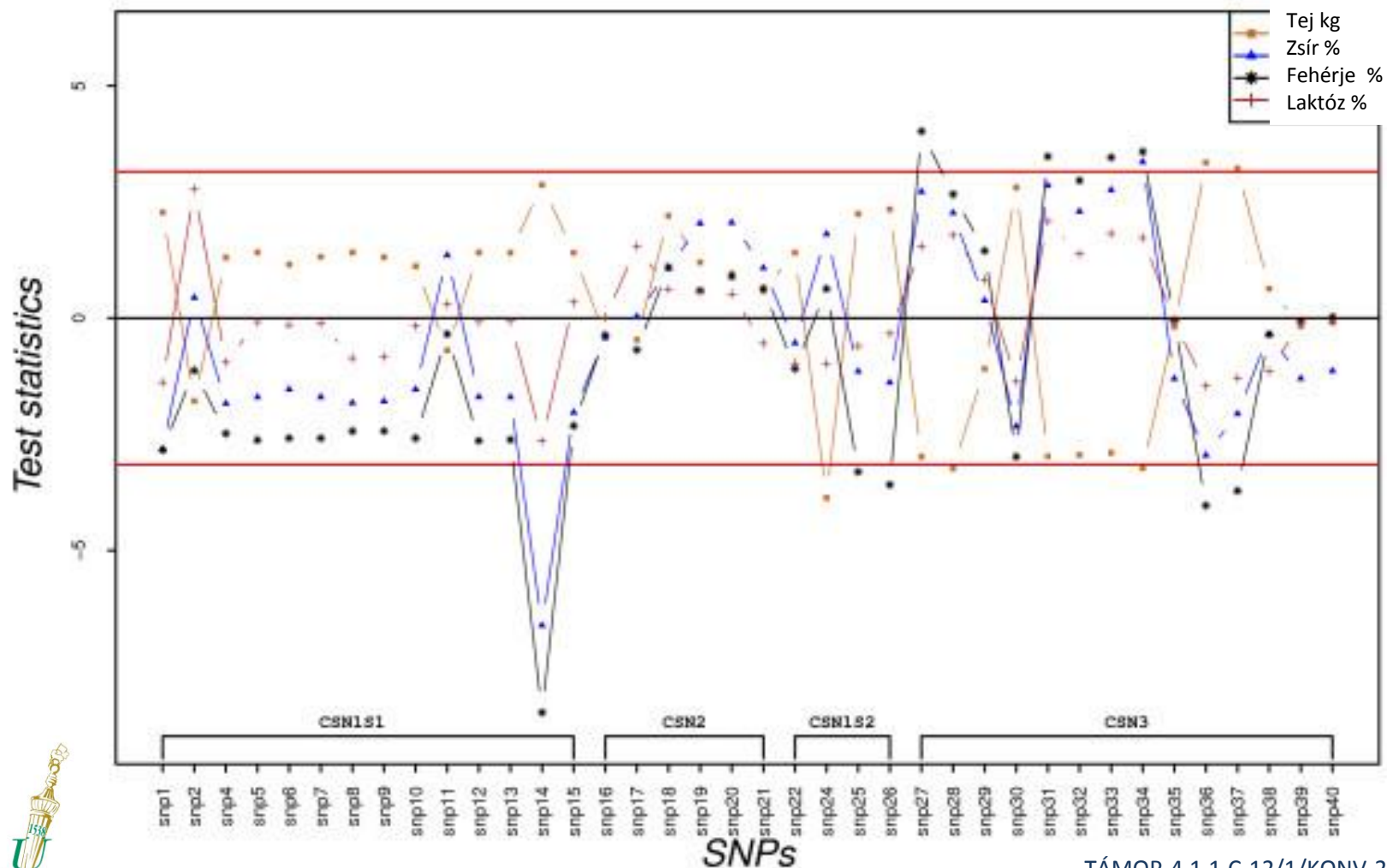


Juh

- 237-es pozícióban T/C szubsztitúció
- PCR-SSCP analízissel két konformációs változatot azonosítottak (K1 és K2)
- K1 szignifikáns összefüggést mutatott a magasabb laktóz %-kal és a nagyobb tejsűrűséggel



KAZEINEK



Dagnachew et al, 2011

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



Az előző ábra magyarázata:

SNP-k additív hatása a tej kg-ra, fehérje, zsír és laktóz %-ra

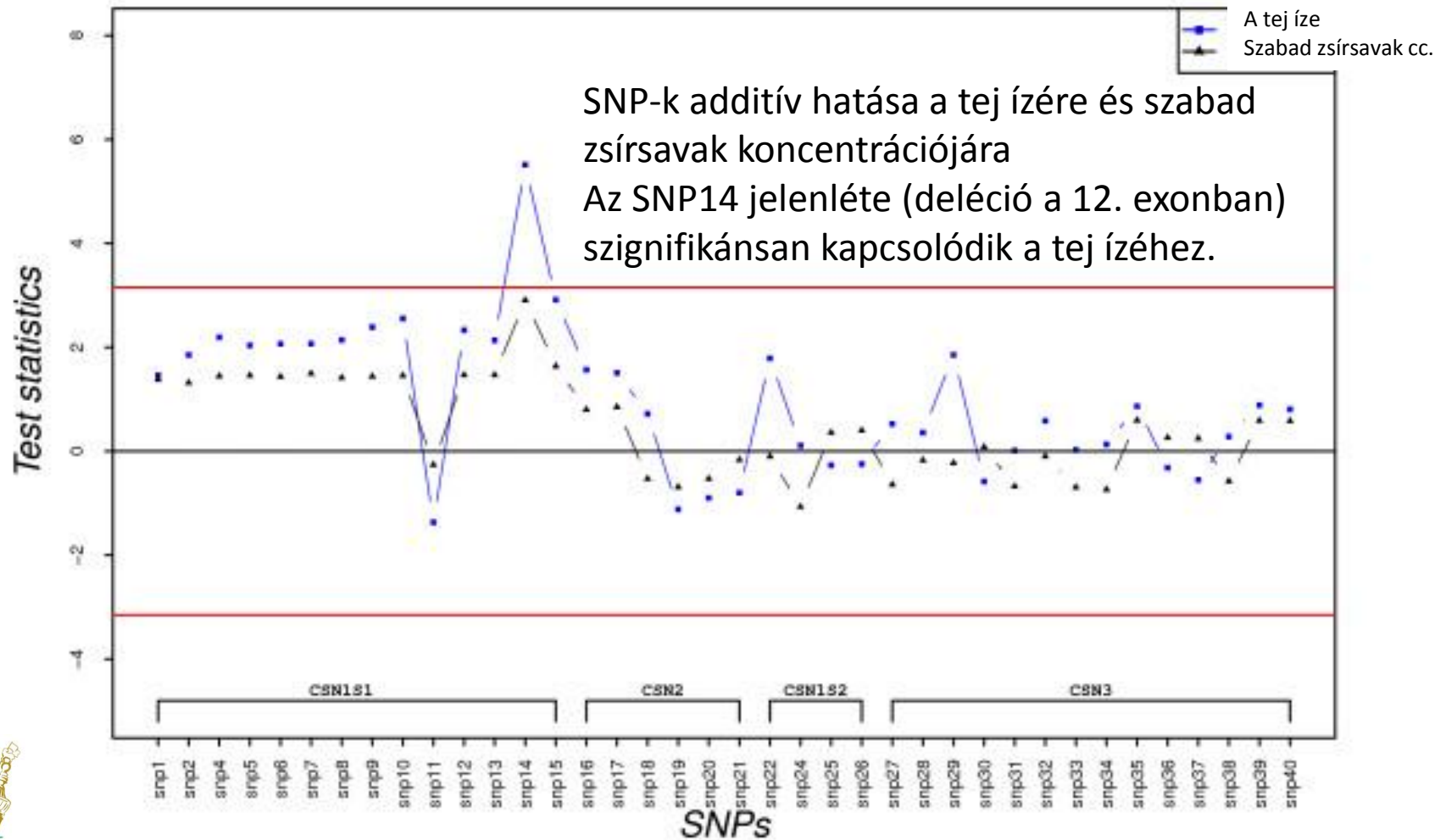
A CSN1S1 SNP-k közül az SNP14 szignifikánsan csökkenti a zsír és fehérje %-ot

A CSN1S2 SNP-k közül az SNP25 és SNP26 szignifikánsan negatívan hat a fehérje %-ra

A piros vonal jelzi a szignifikancia szintet (0,05)



KAZEINEK



Dagnachew et al, 2011

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



HAPLOTÍPUSOK

haplotípus: együtt öröklődő allélkombináció

Szarvasmarha

	AA	AT	TT
GG	AG AG	AG TG	TG TG
GC	AG AC	AG TC or AC TG	TG TC
CC	AC AC	AC TC	TC TC

wikipedia.org

- ❖ CSN1S1, CSN2, CSN3 – gének alléljaiból képzett haplotípusok:
- ❖ holstein: BA¹B magasabb zsír és fehérje %
- ❖ brown swiss: BA¹B magasabb zsír és fehérje %
CA²B, BA²A, BBA, és BBB magasabb fehérje %



HAPLOTÍPUSOK

- ❖ CSN3 B allél és CSN2 A₁ allél együttese esetén tapasztalhatóak legjobb koagulációs értékek és a legmagasabb kappa-kazein %
- ❖ CSN3 A v. E allél és CSN2 A₂ v. A₁ allél együttese esetén tapasztalhatóak legalacsonyabb koagulációs értékek



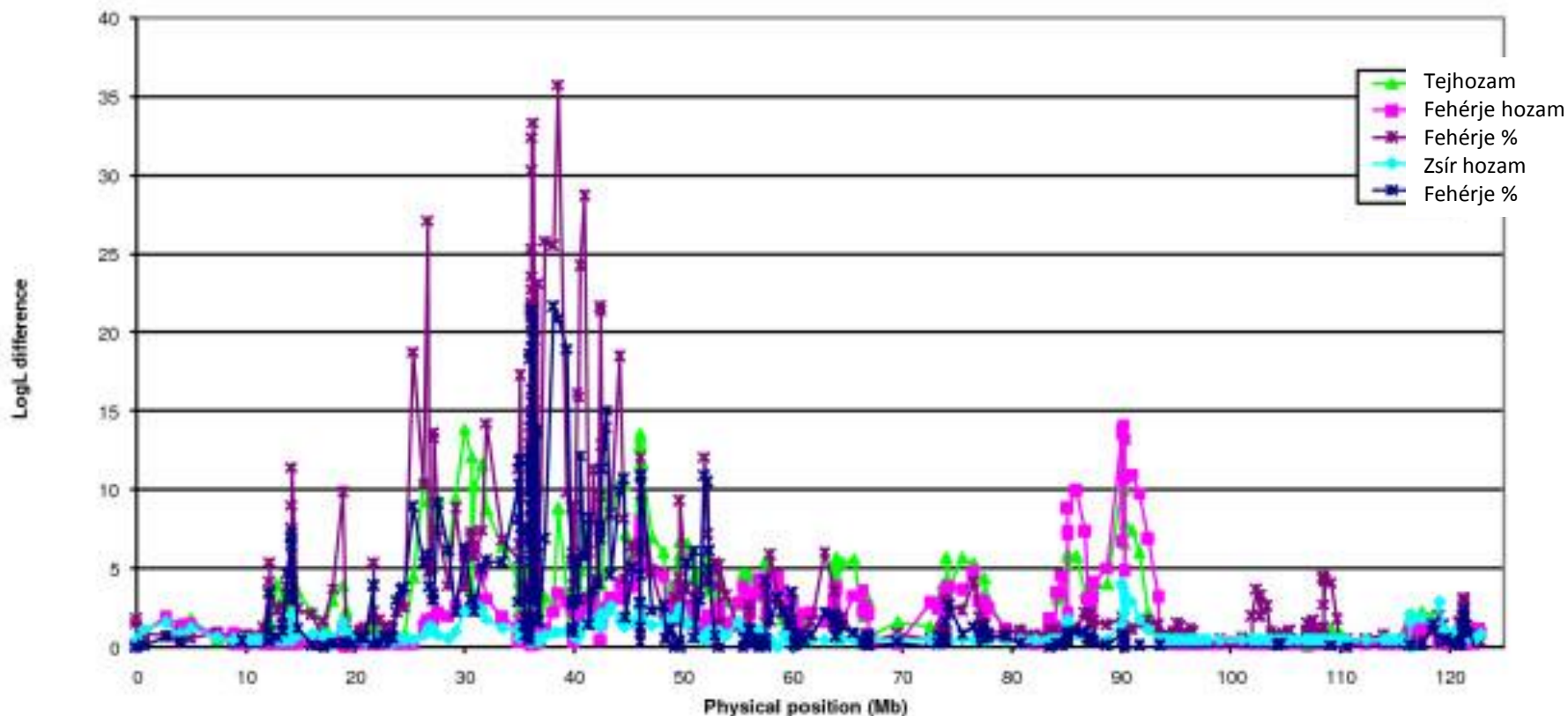
HAPLOTÍPUSOK

- ❖ Ritka haplotípus: CSN2 A₁ és CSN3 B alacsony tejhozam magas zsír és fehérje %, alacsony szomatikus sejtszám
- ❖ CSN2 A₁ és CSN3 E alacsony tejhozam magas zsír és legalacsonyabb fehérje %, magas szomatikus sejtszám
- ❖ A leggyakoribb béta/kappa kazein haplotípus: CSN2 A₂/CSN3 A legmagasabb tejhozam, legalacsonyabb zsír, közepes fehérje tartalom és valamelyest csökkent szomatikus sejtszám



HAPLOTÍPUSOK

QTL vizsgálat a szarvasmarha 6-os kromoszómáján



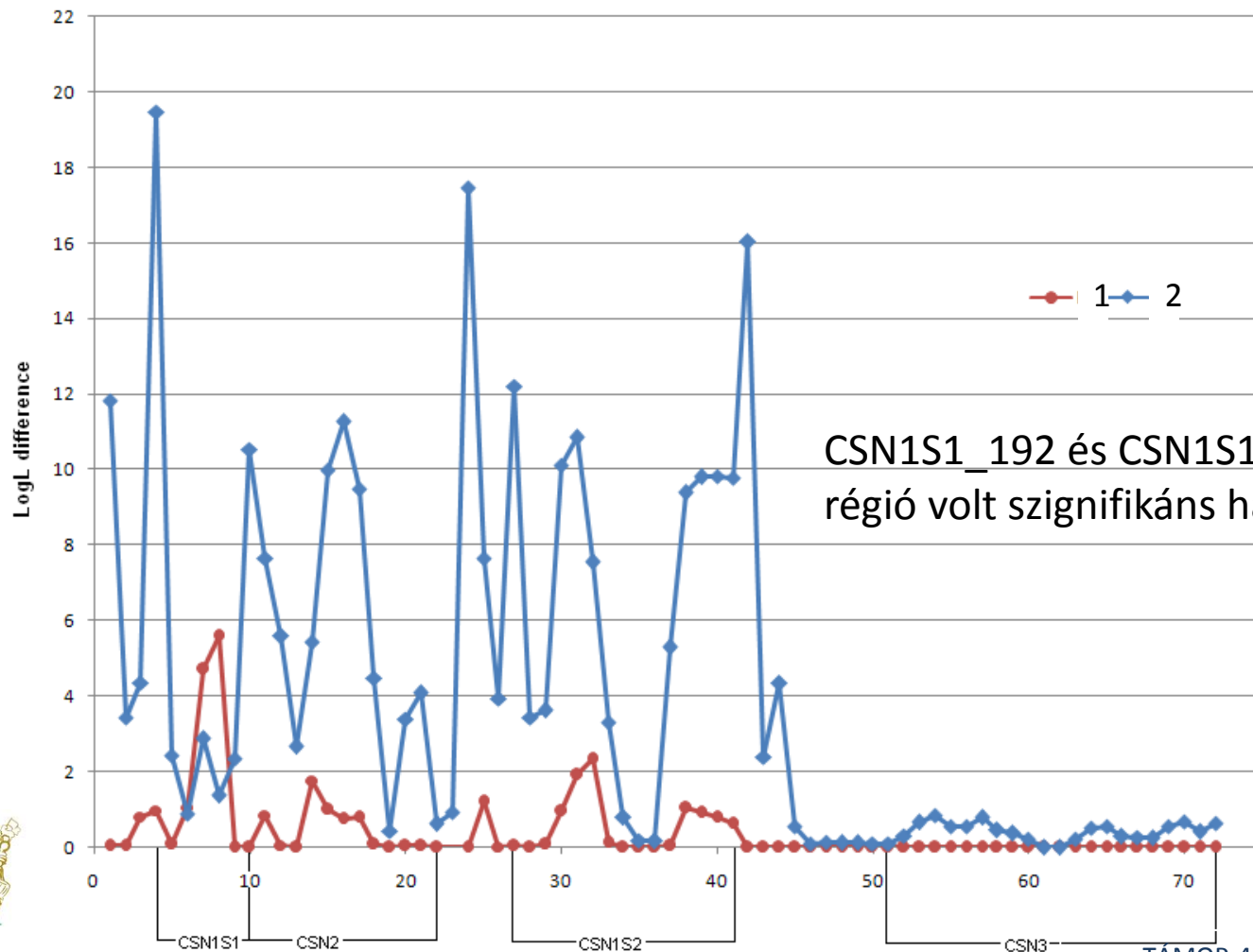
Zsír és fehérje % szignifikánsan magasabb
24 és 45 Mb között, míg a tej és fehérje
hozam a 90 Mb részen.

Nielsen et al, 2009

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



HAPLOTÍPUSOK



Nielsen et al, 2009

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



ZSÍRSAVÖSSZETÉTELRE HATÓ GÉNEK



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

TEHÉNTÉJ ZSÍRSAVÖSSZETÉTELE - FADS GÉNEK

Fatty acid desaturase 1 – zsírsav deszaturáz 1

Fatty acid desaturase 2 – zsírsav deszaturáz 2

GÉN

*A szénláncba kettős kötések
visznek be a delta-5, ill.
delta-6 pozícióban.*

**delta-5 deszaturáz
delta-6 deszaturáz**

FEHÉRJE

**Omega-3 zsírsavak szintézise
Omega-6 zsírsavak szintézise**

FUNKCIÓ

A szintézisben a FADS géneke lehetnek a limitáló faktorok.



TEHÉNTÉJ ZSÍRSAVÖSSZETÉTELE - FADS GÉNEK

FADS 3 – zsírsav deszaturáz 3

A pontos funkciója még nem ismert szarvasmarhában.
Ugyanott helyezkedik el, mint a FADS1 és FADS2.

29. kromoszóma

- Elongáció:** lánchosszibítás során acetil-, vagy malonil-CoA kapcsolódik a zsírsavhoz az endoplazmatikus retikulum membránján
- Deszaturáció:** endoplazmatikus retikulum felszínén játszódik le, kettős kötések kialakításával telítetlen zsírsavakat hoznak létre az emlősök nem képesek a C9 és későbbi pozícióban kötés kialakítására ez érinti az mega-3 és omega-6 zsírsavakat



TEHÉNTÉJ ZSÍRSAVÖSSZETÉTELE - FADS GÉNEK

FADS polimorfizmus hat egyes:

C8:0

Telített zsírsavakra

C11:0

C15:0

C14:1 t

C17:0

Egyszeresen telítetlen zsírsavakra

C18:1 total

C23:0

C18:1n9c

Többszörösen telítetlen zsírsavakra

konjugált linolsav – C18:2 10t 12c

linolsav – C18:2 omega6

Arachidonsav - C20:4 omega6

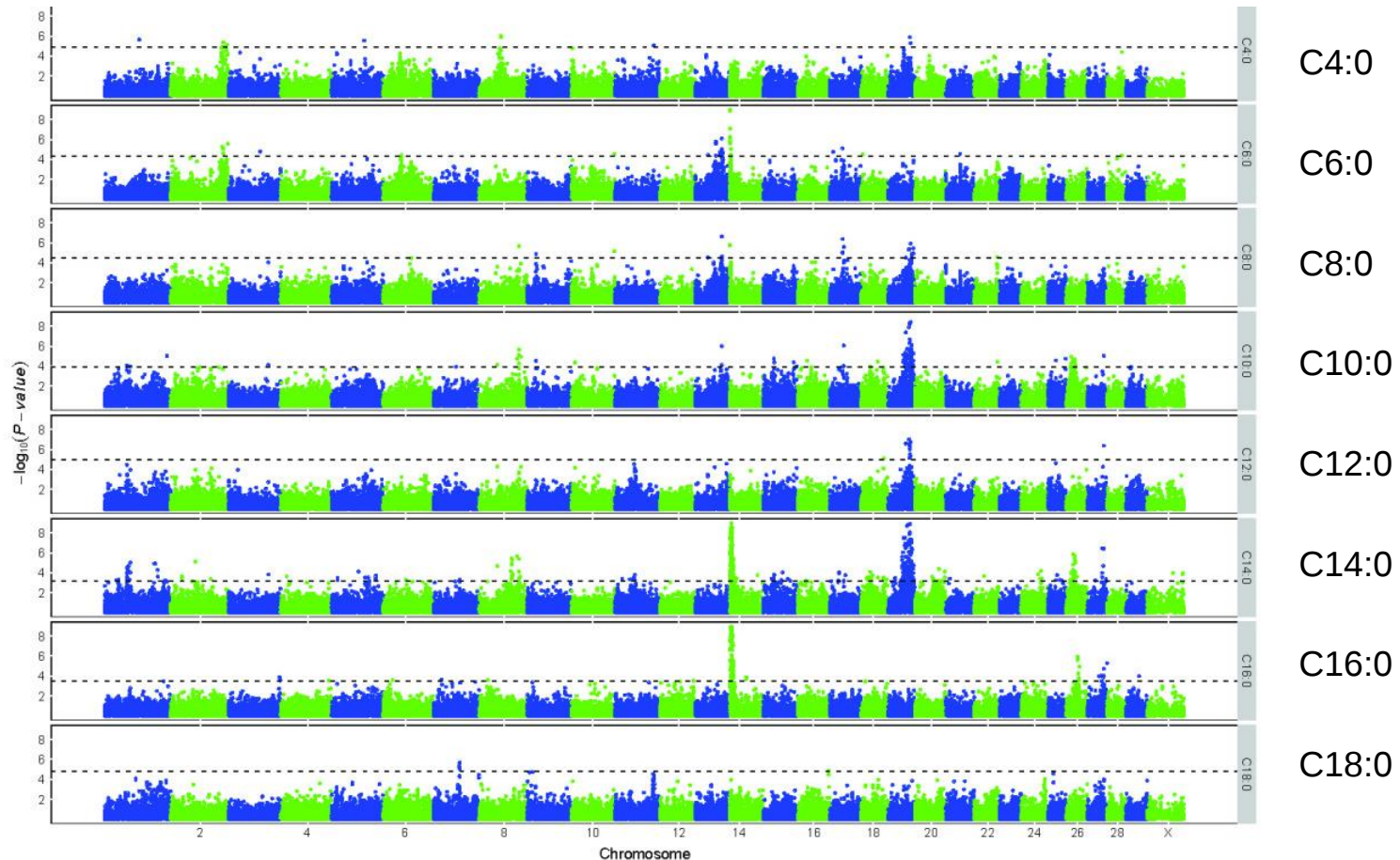
Eikozapentaénsav - C20:5 omega3



QTL KERESÉS A TEJ ZSÍRSAVÖSSZETÉTELÉRE HOLSTEIN-FRÍZ FAJTÁNÁL

TELÍTETT ZSÍRSAVAK

vonál = P 0.05

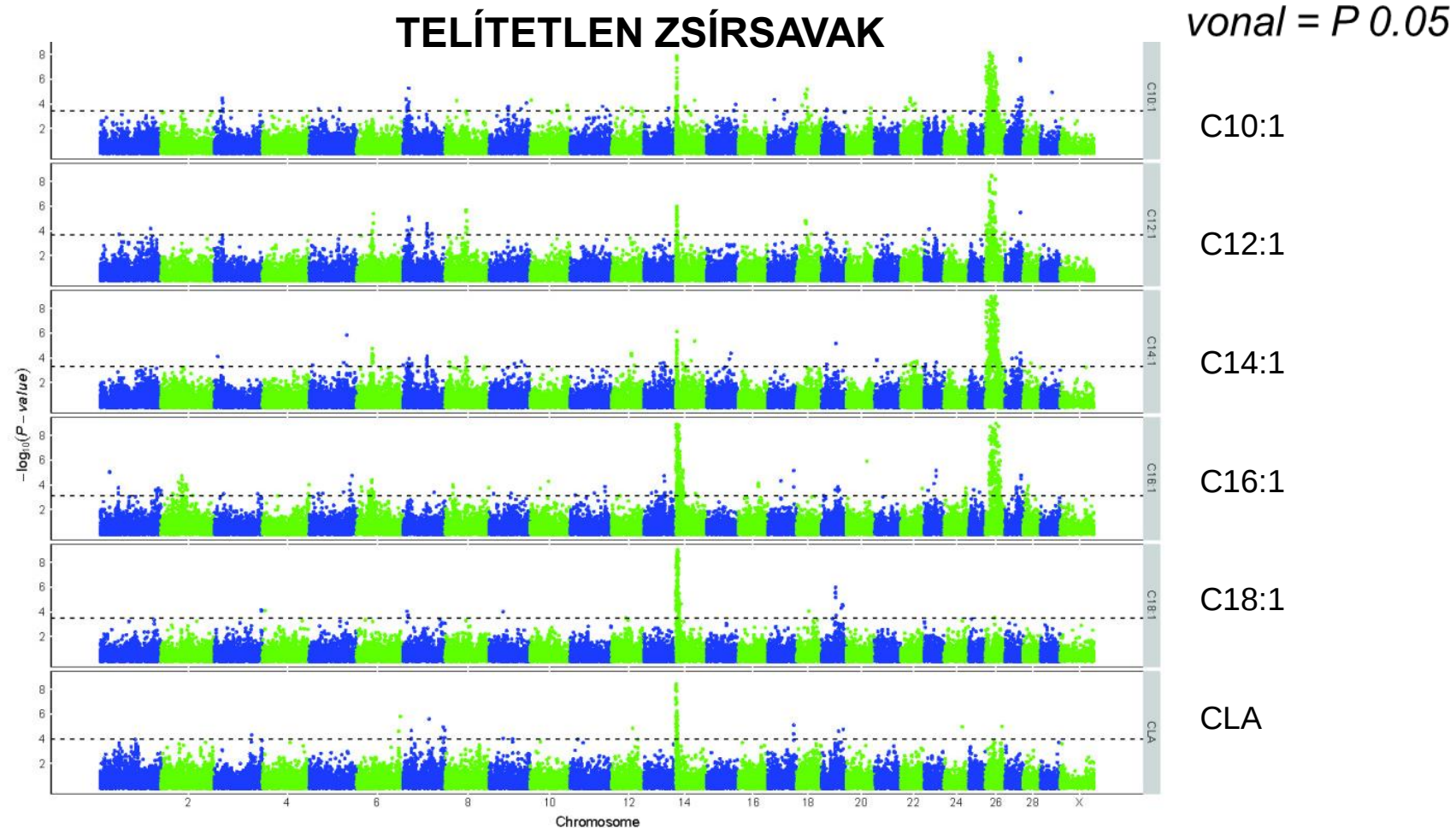


Bouwman et al, 2011

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



QTL KERESÉS A TEJ ZSÍRSAVÖSSZETÉTELÉRE HOLTEIN-FRÍZ FAJTÁNÁL



Bouwman et al, 2011

TAMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



DGAT1 - TEHÉNTEJ

Diglyceride acyltransferase 1

Az enzim a trigliceridek szintézisét katalizálja.
Kiindulási anyag az acil-koenzim A.

Hatás kvantitatív tulajdonságra:

- Tejhozam
- Tejzsírmennyiség

Hatás zsírsavösszetételre:

C6:0,
C8:0,
C14:0,
C16:0,
C10:1,
C12:1,
C14:1,
C16:1,
C18:1,
konjugált linolsav

**Leghatékonyabb polimorfizmus az
aminosavcserét okozó: *DGAT1 K232A***



emelkedett zsírsavarány

K allél: C6:0, C8:0, C16:0, C16:1

A allél: C14:0, C18:1, konjugált linolsav



SCD1 - TEHÉNTÉJ

Stearoyl-CoA desaturase-1

- Zsírsvmetabolizmus kulcsfontosságú enzime.
- A telített sztearinsavból telítetlen olajsav keletkezik.
- Az olajsav/sztearinsav arány szerepet játszik a sejtnövekedés és differenciálódás szabályozásában.
- Meghatározza a sejtmembrán tulajdonságait.

Az SCD1 SNP hat a zsírsavak arányára:

C10:0,
C14:0,
C16:0,
C10:1,
C12:1,
C14:1,
C16:1



Legerősebb SNP a génben:

SCD1 A293V



emelkedett zsírsavarány

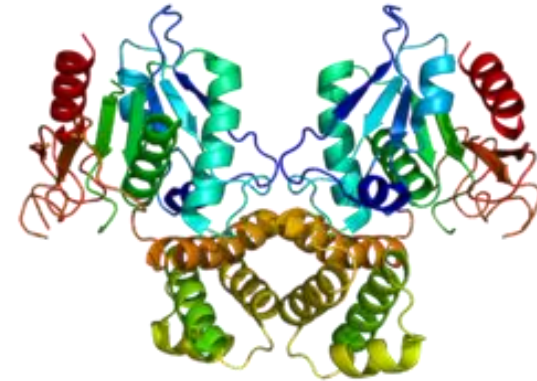
A allél: C10:1, C12:1, C14:1

V allél: C10:0, C14:0, C16:1

FASN - TEHÉNTÉJ

- A zsírsavszintáz a zsírsav-szintézist katalizálja.
- Két alegységből álló enzimkomplex.
- Az alegységek egymásnak adják át a szubsztrátot.
- Fő terméke az acetil-CoA-ból palmitinsavat szintetizálni.

Fatty acid synthase



wikipedia.org

A FASN SNP-k alapvetően a C14:0 zsírsavarányt befolyásolják.

A polimorf régiók:

*FASN*₁₆₀₀₉

*FASN*₇₆₃

*FASN*₁₇₉₂₄

*FASN*₁₆₀₂₄

*FASN*₁₅₅₃₁

*FASN*₁₅₆₀₃



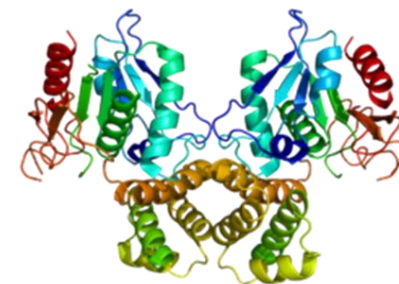
FASN - TEHÉNTÉJ

Ellenben a FASN SNP haplotípusok számos zsírsavra hatnak a zsírsavszintézisen keresztül:

C6:0, C8:0, C10:0, C12:0, C14:0, C18:1

Előfordulhat, hogy egy közeli régió QTL-e is szerepet játszhat, mivel minden tapasztalt változás nehezen indokolható a FASN tevékenységével.

Fatty acid synthase



wikipedia.org

A polimorf régiók:

*FASN*₁₆₀₀₉

*FASN*₇₆₃

*FASN*₁₇₉₂₄

*FASN*₁₆₀₂₄

*FASN*₁₅₅₃₁

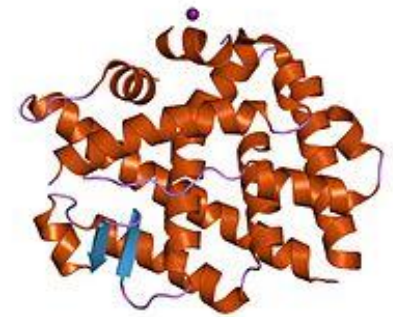
*FASN*₁₅₆₀₃



PPARGC1A - TEHÉNTÉJ

peroxysome proliferator-activated receptor-gamma coactivator-1alpha

- Transzkripciós koaktivátor.
- Energia metabolismusban lévő géneket szabályozza.
- Kapcsolatban áll a mitokondriális szabályozással.



wikipedia.org

Összefüggésben áll az elhízással.

Egyes tanulmányok szerint hat a tejzsírmennyiségre,
mások szerint az nem igazolható.

Zsírsavra gyakorolt hatás:

C16:1 - palmitoleinsav



ACSS2 - TEHÉNTÉJ

Acetyl-coenzyme A synthetase

- Citoszol enzim, ami az acetát aktiválását katalizálja.
- Acetátból acetil CoA-t állít elő, ATP igényes folyamatban.
- Energianyerésben, lipidszintézisben játszik szerepet.
- Expresszióját befolyásoló gének a telítetlen a zsírsavak szintézisében lévőek.

C6:0, C8:0, C10:0

C14:1 and C16:1

} vagy az ACSS2 vagy közeli QTL hatása



SZOMATIKUS SEJTSZÁM



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SZOMATIKUS SEJTSZÁM

Masztitisz (tőgygyulladás):

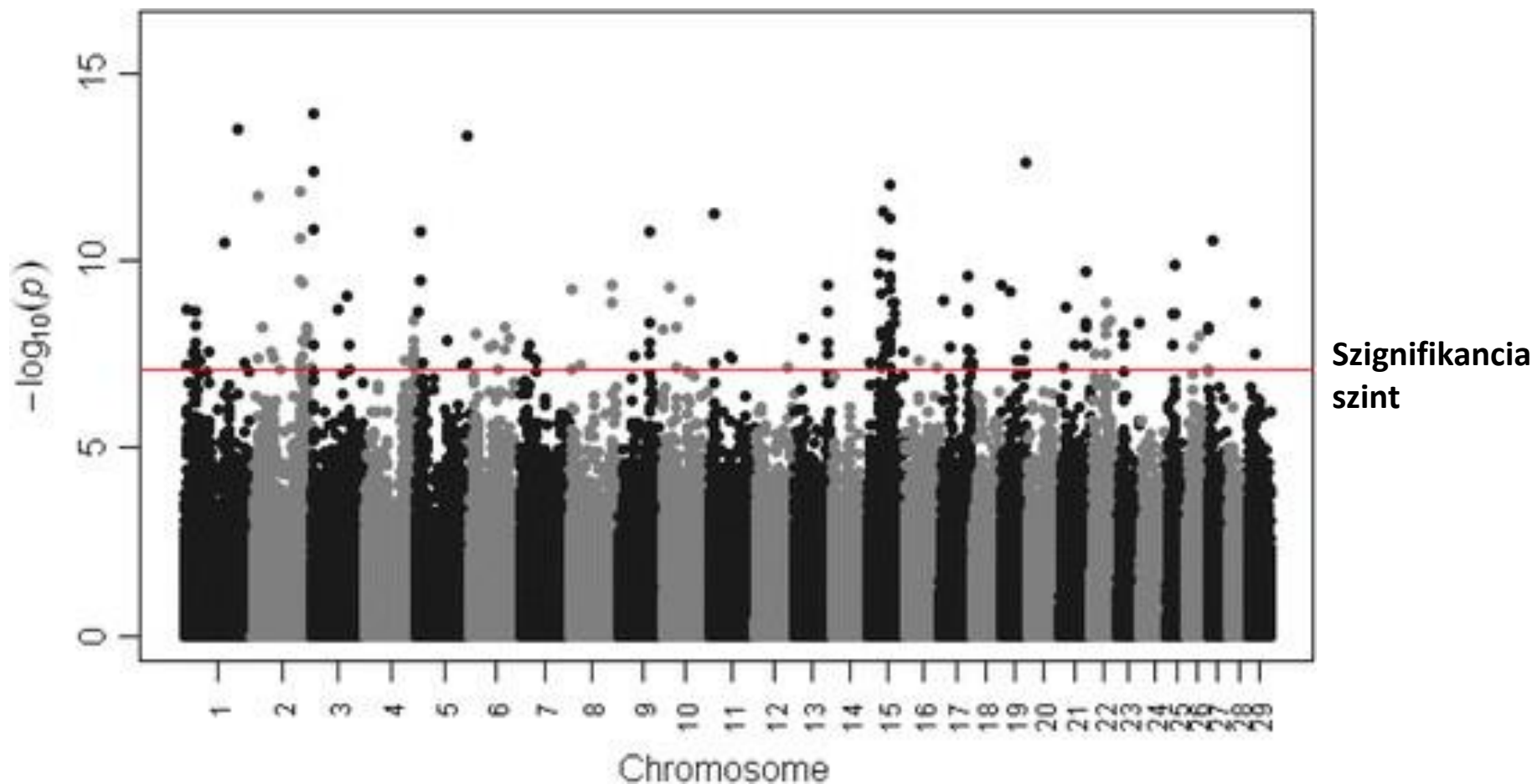
- leggyakoribb gyulladásos megbetegedés
- kórokozók bejutnak a tőgybe
- nagy gazdasági veszteségeket okoz
- a masztitisz és a tőgygyulladás közötti genetikai korreláció: 0,36-0,97



wikipedia.org



SZOMATIKUS SEJTSZÁM



Szomatikus sejtszámra ható gének vizsgálata teljes genom analízissel. Strillacci et al, 2014

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



SZOMATIKUS SEJTSZÁM

TLR 4 (toll-like receptor 4)

- TLR család a kórokozók felismerésében játszik szerepet
- TLR 4 felismeri a lipopoliszacharidokat a Gram-baktériumok (Klebsiella, E. coli) sejtfalában
- a szarvasmarha TLR4 nagyon polimorf 14 fajtában 36 SNP-t írtak le eddig, ezek közül több is összefüggésbe hozható a szomatikus sejtszámmal



SZOMATIKUS SEJTSZÁM

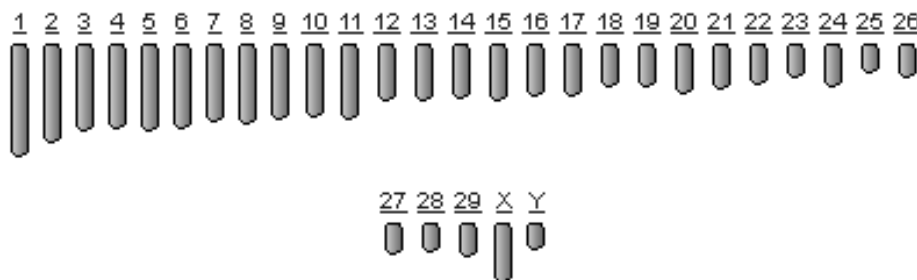
Egyéb gének, melyek összefüggésben vannak a szomatikus sejtszámmal vagy a masztitisz rezisztenciával:

- ☐ **Lactoferrin:** a masztitisz rezisztencia kandidáns génje
- ☐ **OPN:** 4 SNP szomatikus sejtszám
- ☐ **GHR:** 4 olyan SNP, melyek a szomatikus sejtszámmal vannak kapcsolatban
- ☐ **ATP1A1:** Na K ATP-ázt kódolja



SZOMATIKUS SEJTSZÁM

- A szarvasmarha 26 kromoszómájából 24 kromoszómán 171 SNP-t azonosítottak, melyek szignifikánsan kapcsolatba hozhatók a szomatikus sejtszámmal
- Az 1., 2., 3., 4., 9., 13., 15., 17., 21. és 22-es kromoszómákon találták a legtöbb SNP-t



ncbi.nlm.nih.gov



ELLENŐRZŐ KÉRDÉSEK

Témakörhöz kapcsolódó kérdések

Milyen kazein géneket ismerünk?

Mi a kappa kazein funkciója?

Milyen gének hatnak a tej zsírsavösszetételére?

Mely gének vannak hatással a szomatikus sejtszámra?

A masztitisz rezisztenciát meghatározzák, befolyásolják SNP-k?

Mi a kapcsolat a zsírsav deszaturáz és az omega3, omega6 zsírsavak között?

A PPARGC1A milyen zsírsav szintézisére gyakorol hatást?



Felhasznált és ajánlott irodalom

Strillaci et al. (2014): Genome-wide association study for somatic cell score in Valdostana Red Pied cattle breed using pooled DNA. BMC Genetics. 15:106

Bouwman et al. (2011): Genome-wide association of milk fatty acids in Dutch dairy cattle. BMC Genetics. 12. 43.

Nielsen et al. (2009): Casein haplotypes and their association with milk production traits in Norwegian Red cattle. Genetics Selection Evolution. 41:24.

Littlejohn et al. (2014): Expression variants of the lipogenic AGPAT6 gene affect diverse milk composition phenotypes in Bos taurus. PLoS ONE 9(1): e85757

Wang et al, (2012): Identification and Dissection of Four Major QTL Affecting Milk Fat Content in the German Holstein-Friesian Population PLoS ONE 7(7): e40711

Sodeland et al. (2011): Molecular characterization of a long range haplotype affecting protein yield and mastitis susceptibility in Norwegian Red cattle. BMC Genetics. 12:70.

Dagnachew et al, (2011): Casein SNP in Norwegian goats: additive and dominance effects on milk composition and quality. Genetics Selection Evolution. 43:31.

Ibeagha–Awemu et al. (2014): Associations between variants of FADS genes and omega-3 and omega-6 milk fatty acids of Canadian Holstein cows. BMC Genetics. 15. 25.





DEBRECENI EGYETEM

A TOJÁS MINŐSÉGÉT MEGHATÁROZÓ GENETIKAI FAKTOROK I.

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014

Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SZÉCHENYI 2020



MAGYARORSZÁG
KORMÁNYA

Európai Unió
Európai Szociális
Alap



BEFEKTETÉS A JÖVŐBE

ELŐADÁS VÁZLATA

- **A tojás minőségi tulajdonságai**
- **Heritabilitás és korreláció**
- **A tojás fehérje és sárgája minőségét meghatározó genetikai markerek**



A TOJÁS MINŐSÉGI TULAJDONSÁGAI



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

MINŐSÉGI TULAJDONSÁGOK

- ✓ tojás tömege
- ✓ tojás hosszúsága
- ✓ tojás szélessége
- ✓ héj tömege
- ✓ tojás alakja

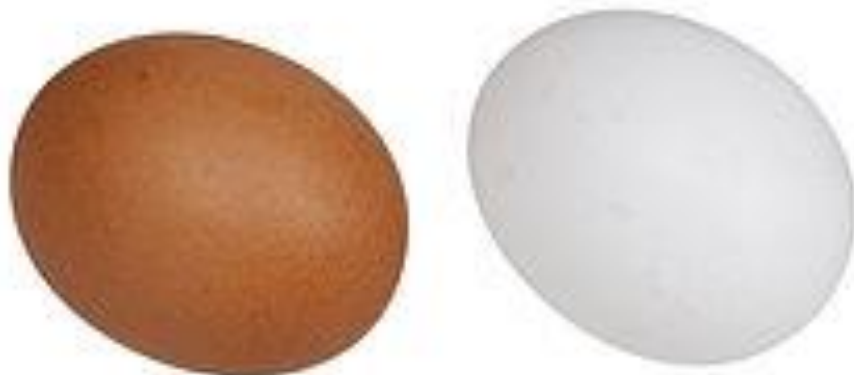


wikipedia.org



MINŐSÉGI TULAJDONSÁGOK

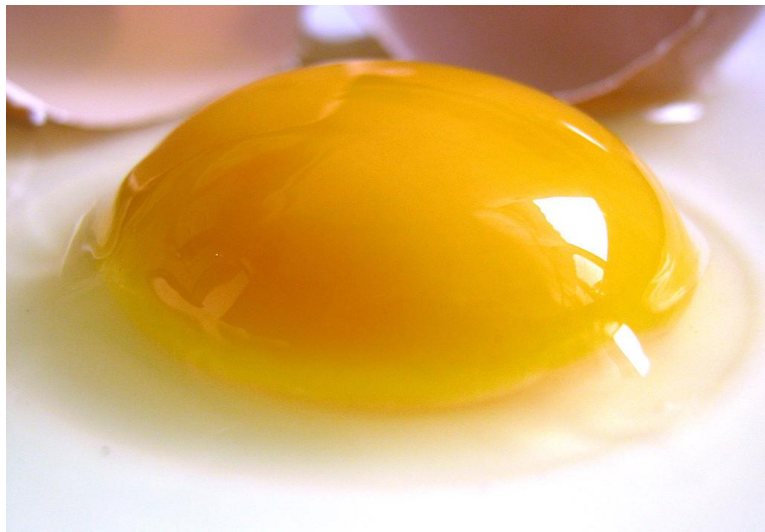
- ✓ héj vastagsága: 270-370 mikron
- ✓ tojáshéj színe: Európában inkább a barna héjú tojást kedvelik, a Közel-Keleten és az USA-ban inkább a fehér tojás dominál
- ✓ tojáshéj szilárdsága: szállíthatóság miatt fontos, törött tojás eladhatatlan



wikipedia.org



MINŐSÉGI TULAJDONSÁGOK



wikipedia.org

- ✓ fehérje tömege
- ✓ fehérje-magasság:
a sűrűfehérje- réteg átlagos magassága
- ✓ fehérje index: a sűrűfehérje magasságának a szélességében kifejezett %-os értéke
- ✓ Haugh-egység: fehérje minőségét jelzi, magasabb értéknél jobb a tojás minősége és a keltethetőség

$$HU = 100 * \log(h - 1.7w^{0.37} + 7.6)$$

HU: Haugh-egység

h: sűrűfehérje magassága

w: tojás tömege



MINŐSÉGI TULAJDONSÁGOK

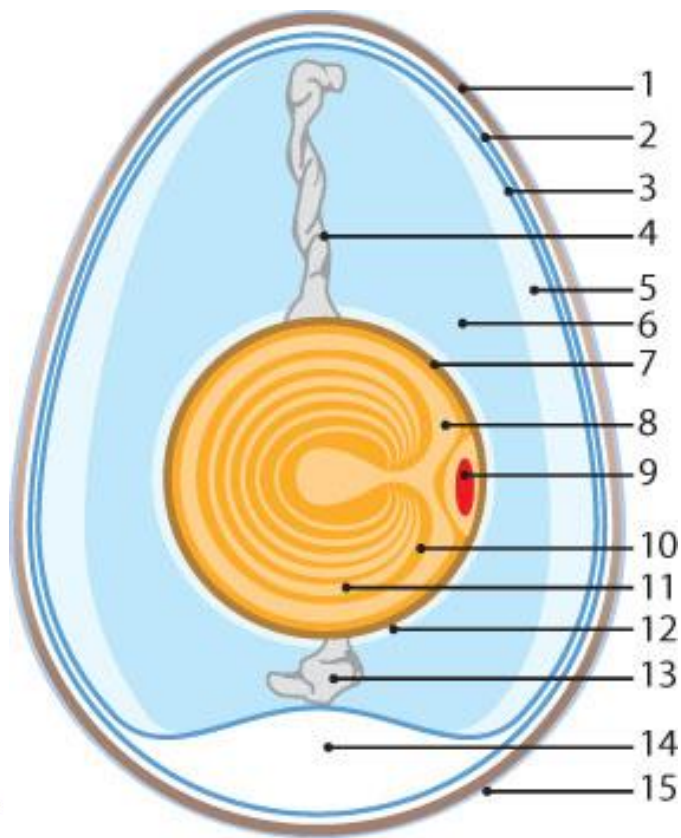


wikipedia.org

- ✓ sárgája tömege
- ✓ sárgája index: a sárgája relatív magassága
- ✓ zsír
- ✓ hamu
- ✓ nyers fehérje
- ✓ vér- és húsfoltos tojások gyakorisága (minőségi hiba)



A TOJÁS FELÉPÍTÉSE



wikipedia.org

1. méshéj
2. külső héjhártya
3. belső héjhártya
4. és 13. jégzsinór
5. külső híg fehérje
6. középső sűrű fehérje
7. háromrétegű szikhártya
9. csírákorong
10. sárga szik
11. fehér szik
14. légkamra



HERITABILITÁS ÉS KORRELÁCIÓ

- ✓ tojás tömege $h^2=0,5-0,6$
- ✓ tojáshéj szilárdsága $h^2=0,3-0,4$
- ✓ tojásszín $h^2= 0,46-0,49$
- ✓ fehérje magasság $h^2= 0,51$
- ✓ tojáshéj index $h^2= 0,40$
- ✓ Haugh-egység $h^2= 0,41$
- ✓ hús és vérfoltosság $h^2= 0,07-0,6$
- ✓ kristályok mérete a héjban $h^2=0,6$
- ✓ kristályok elhelyezkedése $h^2 =0,3$



HERITABILITÁS ÉS KORRELÁCIÓ

- ✓ tojás színe és a tojáshéj szilárdsága között: 0,393
- ✓ tojás színe és a tojáshéj vastagsága között: 0,372
- ✓ pozitív korreláció a fehérje és a tojáshéj minősége között
- ✓ tojáshéj vastagsága és tojáshéj szilárdsága között: 0,77
- ✓ Haugh-egység és a tojásfehérje magassága között: 0,98
- ✓ tojáshéj szilárdsága és a fehérje tömege között: - 0,41



TOJÁS SÁRGÁJA ÉS FEHÉRJE MINŐSÉGÉT BEFOLYÁSOLÓ GÉNEK



NAKED NECK GÉN



wikipedia.org

- **Naked neck (Na)** – csupasz nyak
- a nyaki régióban nincs toll
- a hőtoleranciát befolyásolja
- a csupasz nyak nagyobb hőleadást tesz lehetővé



NAKED NECK GÉN

- Magas hőmérséklet esetén a Na gén jelenléte pozitívan hat:
 - a takarmány hasznosításra
 - testtömeg növekedésre
 - a vágott test összetételére
 - a hús kihozatalra
 - **tojás minőségre**
 - **tojások mennyiségére**
- A Na gén intermedier öröklődést mutat:
Na/na heterozigóta- a nyak ventrális oldalán látható egy tollcsomó



NAKED NECK GÉN

- A csupasznyakú állatok esetén szignifikánsan magasabb:
 - ❖ tojás tömege
 - ❖ fehérje magassága
 - ❖ fehérje tömege
 - ❖ sárgája magassága
 - ❖ sárgája tömege
 - ❖ Haugh-egység



wikipedia.org



FRIZZLE GÉN

- **Frizzle gén (F)** –
fodros toll alakul ki
- csökkenti a tollazat
hőszigetelő képességét



[wikipedia.org](https://en.wikipedia.org/wiki/Frizzle_chicken)



FRIZZLE GÉN

- trópusi körülmények között előnyös a domináns gén jelenléte:
 - fokozza a tojás termelést
 - a tojás tömege nő
 - csökken a mortalitás
- FF és Ff genotípusú egyedeknél magasabb a sűrűfehérje és a sárgája is
- FF és Ff genotípusú egyedeknél több tojás, nagyobb tömegűek és a Haugh-egység is magasabb

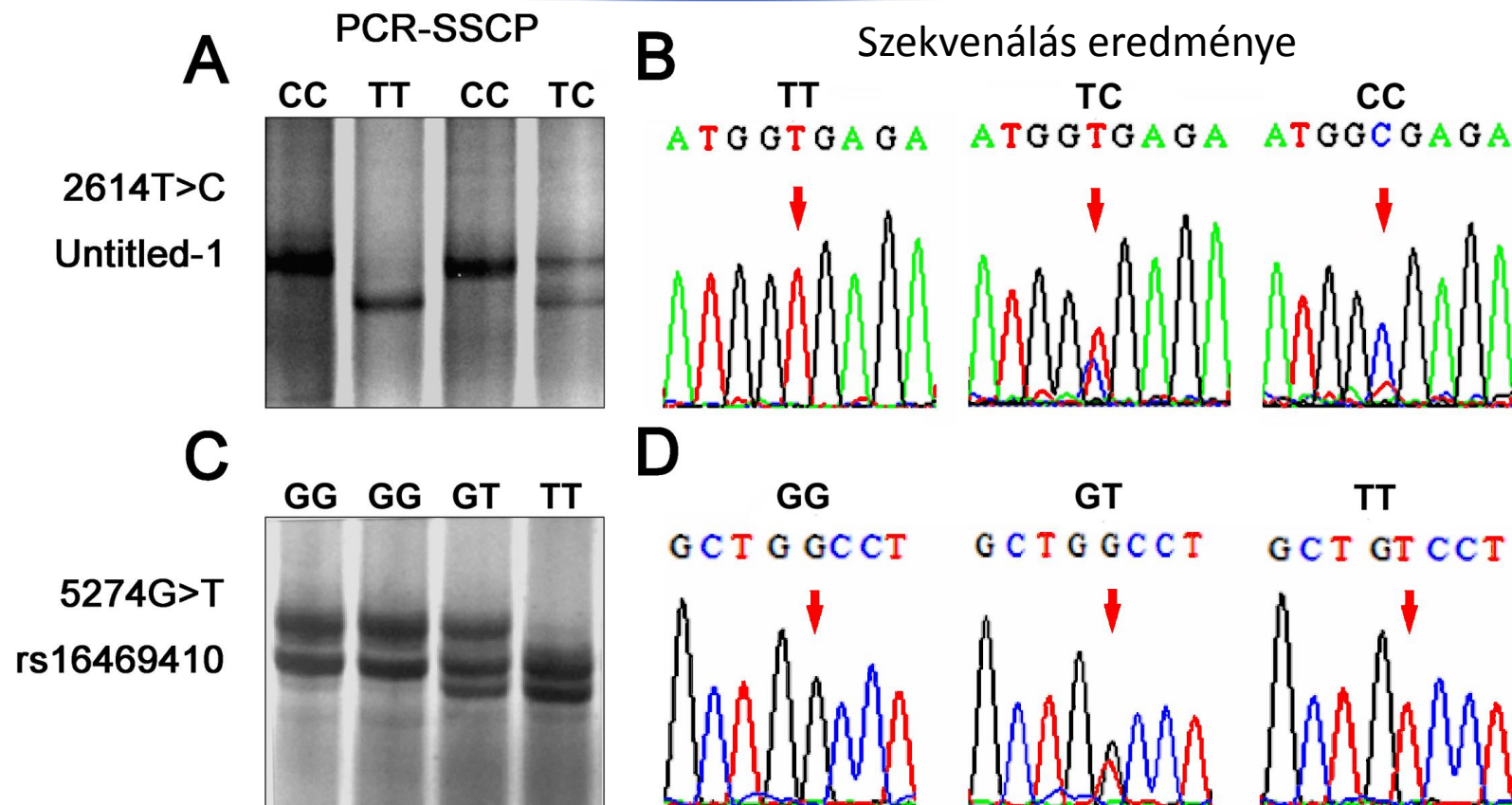
en.wikipedia.org



- meghatározó enzim a tojás sárgája kialakításában:
 - a sárgája tömegét befolyásolja
 - a sárgája arányra is hatással van
 - a sárgájamagasságát is befolyásolja
- sárgája tulajdonságait befolyásoló egyéb gének:
 - OCX32 (ovocalyxin-32)
 - LRP8 (low-density lipoprotein receptor-related protein)



KATEPSZIN



Katepszin gén polimorfizmusainak vizsgálata PCR-SSCP módszerrel
Sheng et al, 2013



KATEPSZIN

SNP	2614T>C, untitled-1				5274G>T, rs16469410			
Genotype	TT	TC	CC	P-value	GG	GT	TT	P-value
Sárgája tömege (g)	15.83±0.142A	15.88±0.099A	15.44±0.110B	0.0071**	15.51±0.082B	15.94±0.125AB	16.09±0.166A	0.0025**
Sárgája aránya (%)	32.58±0.216	32.85±0.155	32.50±0.162	0.2738	32.47±0.123ab	32.98±0.190a	32.79±0.284b	0.0501*
Sárgája átmérője (cm)	3.91±0.035	3.90±0.025	3.95±0.018	0.2475	3.92±0.017	3.92±0.027	3.91±0.067	0.9618
Sárgájamagasság (cm)	2.03±0.092	1.99±0.027	1.90±0.031	0.0929	1.91±0.019B	1.99±0.039AB	2.24±0.252A	0.0030**

*P<0,05

**P<0,01

Sheng et al, 2013



HÚS- ÉS VÉRFOLTÓSSÁG

- minőségi hiba, esztétikai és etikai problémákat is felvet
- nincs hatással a tojás ízére
- növelheti a fertőzések veszélyét (szalmonella) és a keltethetőséget csökkenti
- a vérfolt általában a sárgája felszínén található és vörösvértestekből származik
- a húsfolt az epithéliumból származik



HÚS- ÉS VÉRFOLTÓSSÁG

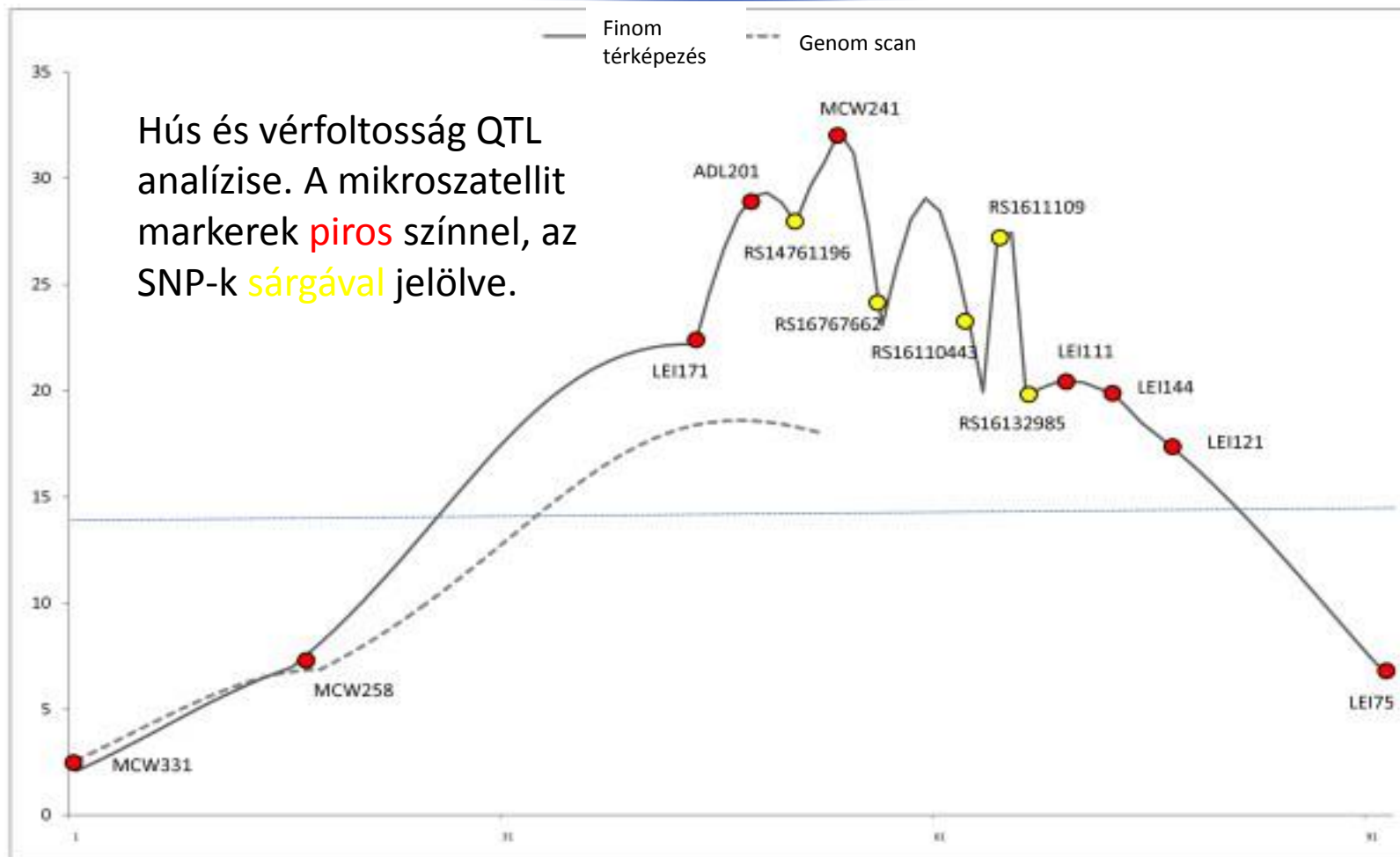
- ezeknek a hibáknak a gyakorisága összességében kb. 1% a kereskedelmi vonalakban, bár elég nagy változatosságot mutat, a barna tojású fajták esetén 18%, míg a fehér tojású fajtákban kb. 0,5% a gyakoriság
- a tulajdonsággal legszignifikánsabban összefüggő QTL a Z kromoszómán, 3 javasolt QTL az 1, 2 és 4-es kromoszómán



wikipedia.org



HÚS- ÉS VÉRFOLOSSÁG



Honkatukia et al, 2011

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



PROLAKTIN GÉN

- **Prolaktin gén (PRL):**

- polipeptid hormon, agyalapi mirigy termeli
- a prolaktin hormon megnövekedett mennyisége váltja ki a kotlási folyamatot
- tojás minőségre és a tojástermelés intenzitására hat



wikipedia.org



PROLAKTIN GÉN

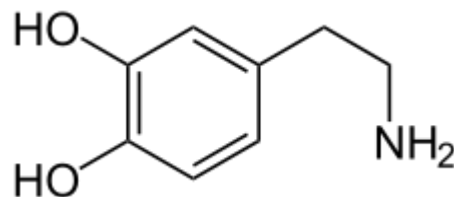
- **Prolaktin gén (PRL):**

- fontosabb polimorfizmusai: T8052C, G8113C, C-2402T, C-2161G, T-2101G, C-2062G, T-2054
- befolyásolják a Haugh-egységet, a fehérje és a tojáshéj %-ot, a fehérje és a sárgája tömegét
- hatással vannak az első tojás kori életkorra, a 300 napra vonatkoztatott tojás termelésre



DOPAMIN D1 RECEPTOR GÉN

- **dopamin D1 receptor gén (DRD1)**
- dopamin: neurotransmitter
- a kotlásra és tojás termelésre is hatással van
- dopamin képes serkenteni és gátolni is a prolaktin szekréciót



wikipedia.org



DOPAMIN D1 RECEPTOR GÉN

No.	Variation ¹	region	No.	Variation ¹	region
1	A-1793C	5' regulatory region	16	A-647G	5' regulatory region
2	G-1735C	5' regulatory region	17	C-634G	5' regulatory region
3	C-1687T	5' regulatory region	18	A-570G	5' regulatory region
4	T-1679C	5' regulatory region	19	G-454A	5' regulatory region
5	G-1591C	5' regulatory region	20	T-349C	5' regulatory region
6	G-1463C	5' regulatory region	21	-225A indel	5' regulatory region
7	A-1412T	5' regulatory region	22	A-179T	5' regulatory region
8	-1157C indel	5' regulatory region	23	G+123A	Exon
9	C-1029T	5' regulatory region	24	T+198C	Exon
10	G-995A	5' regulatory region	25	A+505G	Exon
11	A-942G	5' regulatory region	26	C+765T	Exon
12	T-941C	5' regulatory region	27	C+1011T	Exon
13	A-910G	5' regulatory region	28	G+1065A	Exon
14	T-823G	5' regulatory region	29	C+1107T	Exon
15	C-684A	5' regulatory region			

**Dopamin D1
receptor gén
polimorfizmusai**

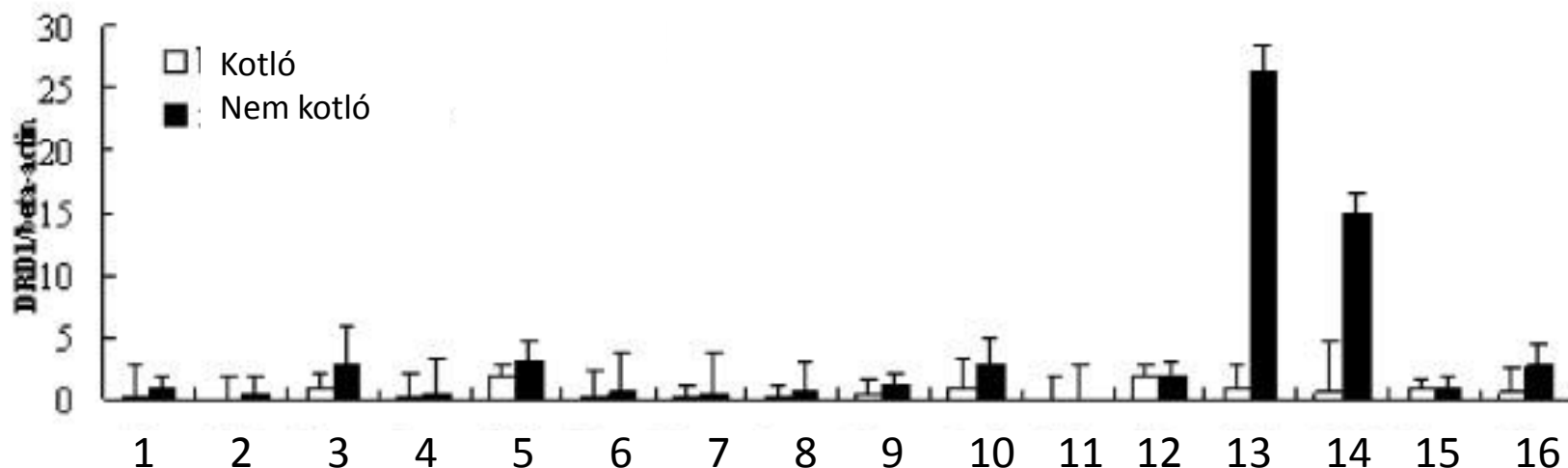
Xu et al, 2010

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



DOPAMIN D1 RECEPTOR GÉN

Xu et al, 2010



A különböző szövetek DRD1 mRNS szintje a kotló és nem kotló állatok esetén.
1:máj, 2:lép, 3:szív, 4:tüdő, 5:vese, 6:mell, 7:comb, 8:duodenum, 9:petefészek,
10:petevezeték, 11:zúza, 12:mirigyes gyomor, 13:bőr alatti zsír, 14:hasi zsír,
15:hipotalamusz, 16: hipofízis



ELLENŐRZŐ KÉRDÉSEK ÉS FELKÉSZÜLÉS

Témakörhöz kapcsolódó kérdések

Milyen minőségi tulajdonságokkal jellemezhető a tojásfehérje?

Milyen tulajdonságra/tulajdonságokra hat a katepszin gén?

Milyen tulajdonságra/tulajdonságokra hat a prolaktin gén?

Felhasznált és ajánlott irodalom

Sheng et al. (2013): Detection of SNPs in the Cathepsin D Gene and Their Association with Yolk Traits in Chickens. *PLoS ONE* 8(2): e56656.

Xu et al. (2010): The genetic effects of the dopamine D1 receptor gene on chicken egg production and broodiness traits. *BMC Genetics* , 11:17

Wardecka et al. (2003): Preliminary mapping of QTLs affecting egg quality on chromosomes 1–5 in chickens. *Czech J. Anim. Sci.* 48. 97–105.

Abasht et al. (2009): Extent and consistency of linkage disequilibrium and identification of DNA markers for production and egg quality traits in commercial layer chicken populations.

BMC Genomics 2009, 10



Honkatukia et al. (2013): QTL mapping of egg albumen quality in egg layers. *Genetics Selection Evolution.* 45:31



DEBRECENI EGYETEM

A TOJÁS MINŐSÉGÉT MEGHATÁROZÓ GENETIKAI FAKTOROK II.

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014

Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SZÉCHENYI 2020



MAGYARORSZÁG
KORMÁNYA

Európai Unió
Európai Szociális
Alap



BEFEKTETÉS A JÖVŐBE

ELŐADÁS VÁZLATA

- **A tojáshéj minőségére ható gének és QTL-ek, különös tekintettel a tojáshéj színére**
- **A tojás minőségét befolyásoló QTL-ek**

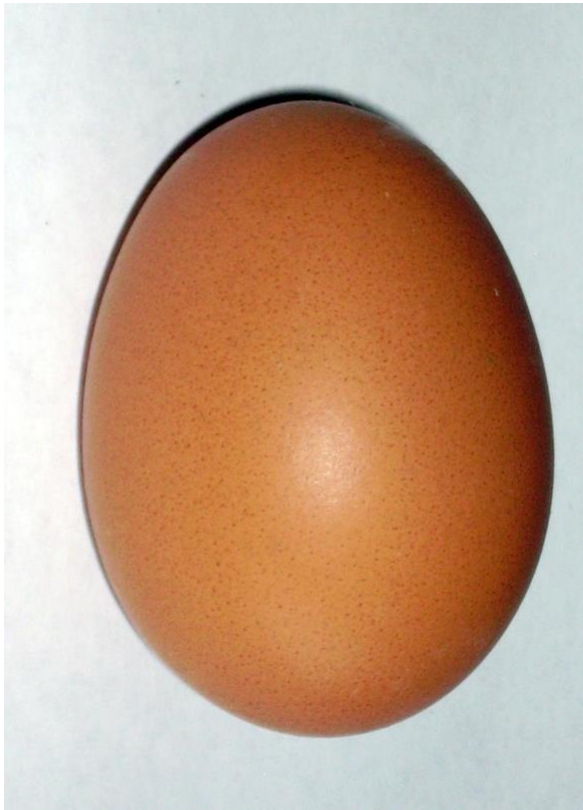


A TOJÁSHÉJ MINŐSÉGÉRE HATÓ GÉNEK



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

TOJÁSHÉJ



[wikipedia.org](https://en.wikipedia.org/wiki/Eggshell)

- védi az embriót a mikrobiális és a fizikai környezeti hatásokkal szemben
- kalciumot biztosít a növekvő embrió számára
- szabályozza a víz és gázcserét



TOJÁSHÉJ

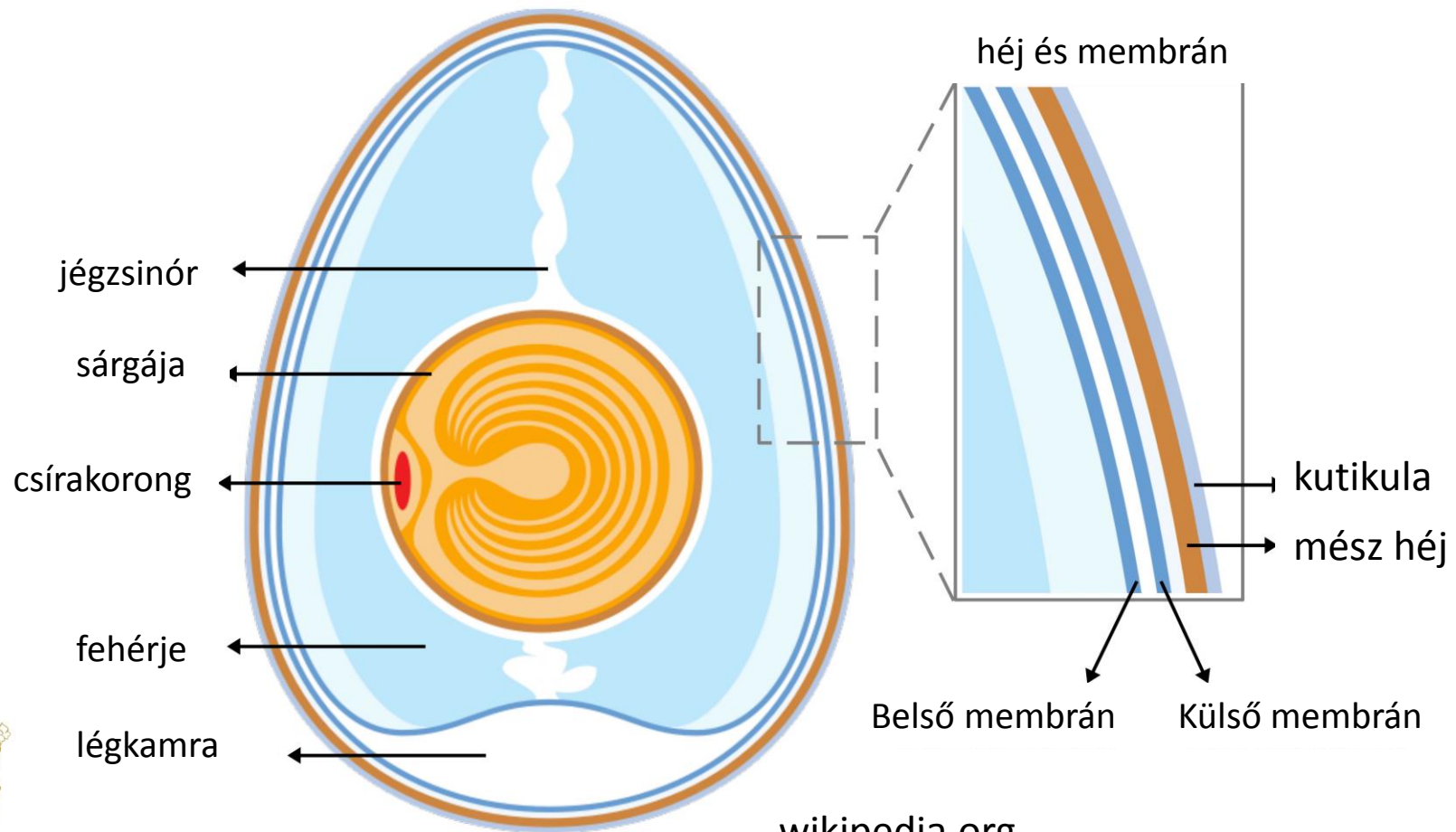
- rétegei:
 - kutikula: legkülső vékony filmréteg, mely lezárja a pórusokat, véd a kórokozók ellen
 - mészhéj: kalcit
 - héjhártya: dupla membrán



[wikipedia.org](https://www.wikipedia.org)

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

TOJÁSHÉJ



wikipedia.org

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



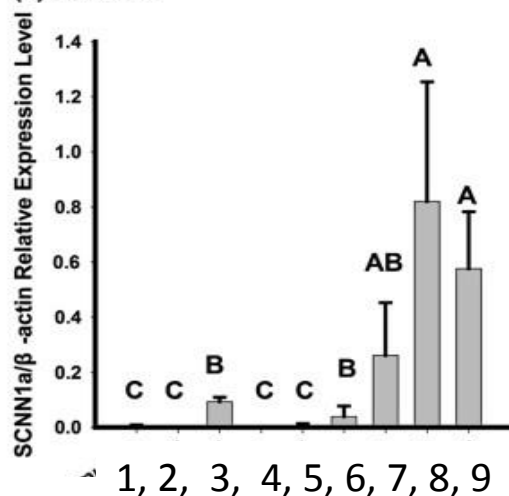
NA-CSATORNA GÉNEK

- Az ion transzport fontos szerepet játszik a tojáshéj kialakításában
- SCNN1 géncsalád (sodium channel gene family): Na csatornák kialakításában játszik szerepet
- szignifikánsan befolyásolja a tojáshéj vastagságát, a tojáshéj %-ot és a tojáshéj szilárdságát

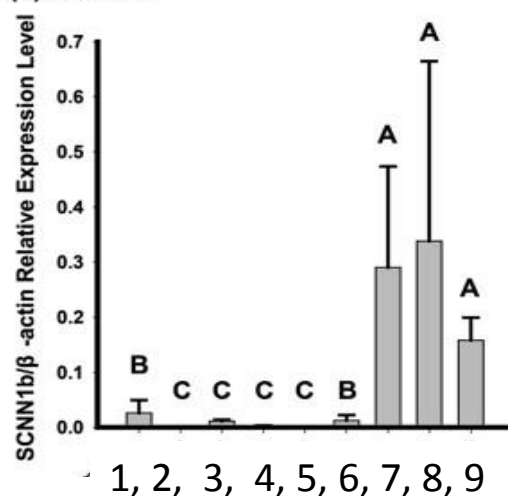


NA-CSATORNA GÉNEK

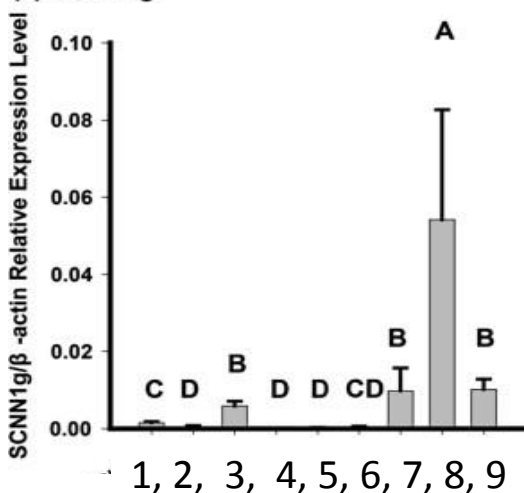
(a)-SCNN1a



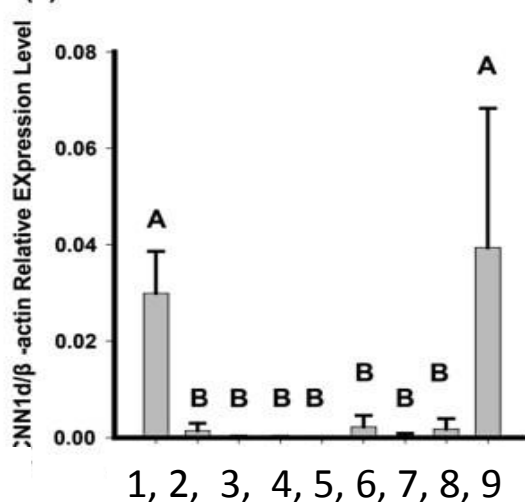
(b)-SCNN1b



(c)-SCNN1g



(d)-SCNN1d



1:mell, 2:máj, 3:vese,
4:éhbél, 5:petefészek,
6: magnum, 7:isthmus,
8:méh, 9:inaktív méh

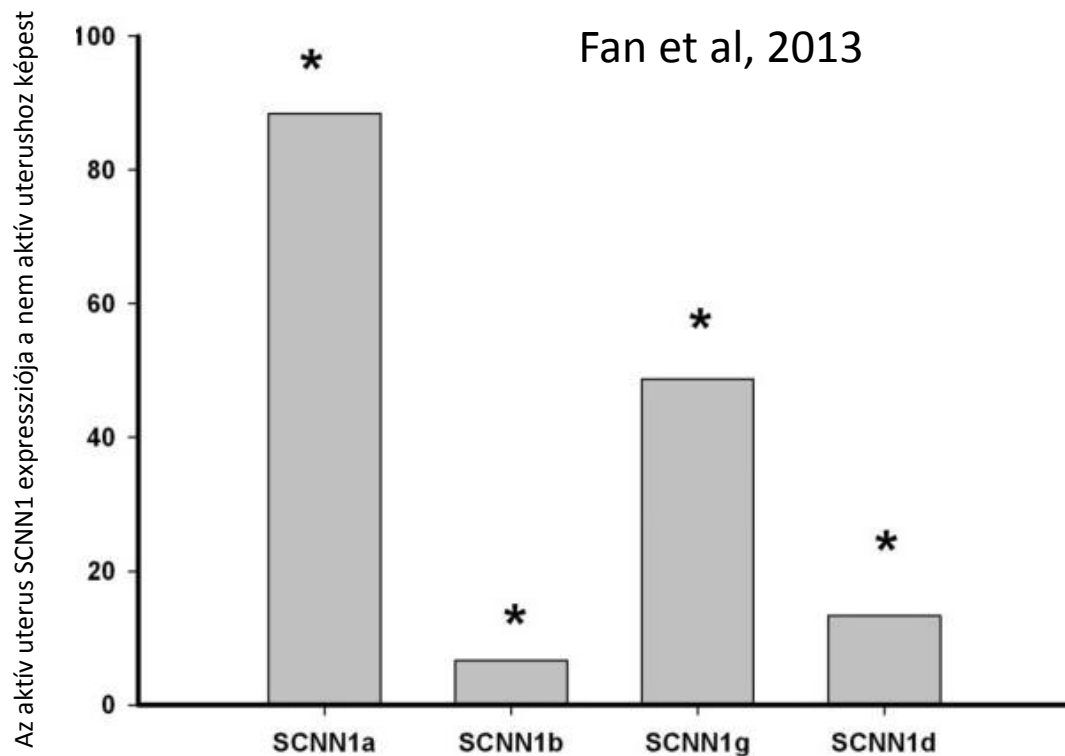
Fan et al, 2013

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



NA-CSATORNA GÉNEK

Az SCNN1 géncsalád tagjai szignifikánsan magasabb expressziót mutatnak az aktív uterusban mint a nem-aktívban.



A TOJÁSHÉJ MINŐSÉGÉRE HATÓ GÉNEK

- a kalcium-karbonát kristályok mérete és elhelyezkedés befolyásolja a tojáshéj szerkezetét és szilárdságát
- a kristályok méretének heritabilitási értéke magas (0,6) , míg a kristályok elhelyezkedésének h^2 értéke közepes (0,3)
- az **ovalbumin** és **ovotransferrin** gének a kristályok méretét befolyásolják
- **ovocleidin** és **ovocalyxin 32** (RARRES1) markerek a kristályok elhelyezkedésére vannak hatással



A TOJÁSHÉJ MINŐSÉGÉRE HATÓ GÉNEK

- **ovocleidin-116**: rugalmasságra, héjvastagságra és a tojás alakjára van hatással
- **osteopontin (SPP1)**: törékenységre hat
- **ovalbumin**: a héjszilárdságra és héjvastagságra hat
- **ovocalyxin-36**: kórokozók elleni védelem

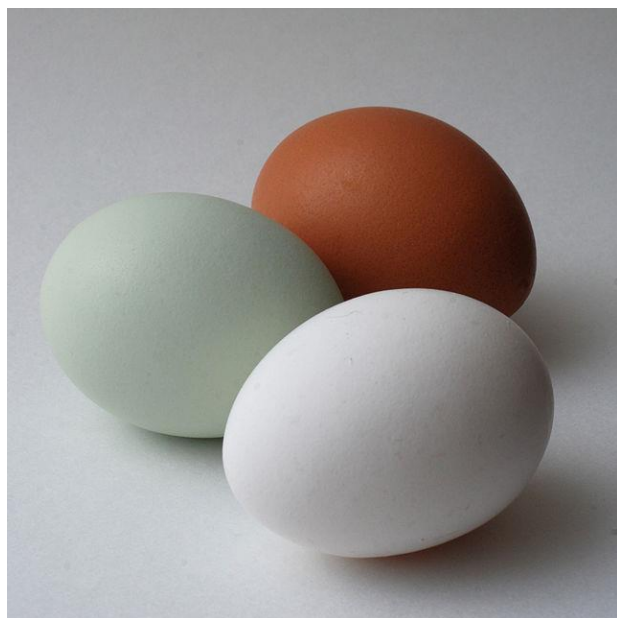


A TOJÁSHÉJ MINŐSÉGÉRE HATÓ GÉNEK

- ösztrogén receptor (ESR1): dinamikai merevségre hat
- carbonic anhydrase II (CAII): tojások alakjára hat
- naked neck gén:
 - ❖ tojás szélessége és hosszúsága
 - ❖ tojás alakjának indexe
 - ❖ héj vastagsága



A TOJÁS SZÍNÉNEK KIALAKÍTÁSÁBAN SZEREPET JÁTSZÓ GÉNEK



wikipedia.org

- fehér, barna, kék, zöld
- kék tojások pigmentje: biliverdin-IX (Araucana, Ameraucana fajta)
- zöld tojások pigmentje: biliverdin-IX + protoporphyrin-IX (barna pöttyök a tojás felszínén)



A TOJÁS SZÍNÉNEK KIALAKÍTÁSÁBAN SZEREPEST JÁTSZÓ GÉNEK



ameraucana és araucana fajta

wikipedia.org



A TOJÁS SZÍNÉNEK KIALAKÍTÁSÁBAN SZEREPET JÁTSZÓ GÉNEK

Összességében 3 gén határozza meg a tojások színét

1. Oocyan : fehér és kék színt határozza meg
o+/o+ fehér
O/O vagy O/o+ kék
2. Recesszív allél: barna pigment inhibítor
3. Domináns allél: barna pigment inhibítor



[wikipedia.org](https://www.wikipedia.org)



A TOJÁS SZÍNÉNEK KIALAKÍTÁSÁBAN SZEREPET JÁTSZÓ GÉNEK

Fenotípus	Oocyan allél3ek	Domináns barna allél	Recesszív barna héj inhibitor	Domináns barna héj inhibitor
Barna	$o+/o+$	igen	nem	nem
Kék	O/O v. $O/o+$	nem	nem	igen
Kék	O/O v. $O/o+$	igen	igen	igen v. nem
Fehér	$o+/o+$	igen	igen	igen v. nem
Fehér	$o+/o+$	nem	igen v. nem	igen v. nem
Zöld	O/O v. $O/o+$	igen	nem	igen

Oocyan lókus az 1. kromoszómán helyezkedik el



A TOJÁS SZÍNÉNEK KIALAKÍTÁSÁBAN SZEREPET JÁTSZÓ GÉNEK



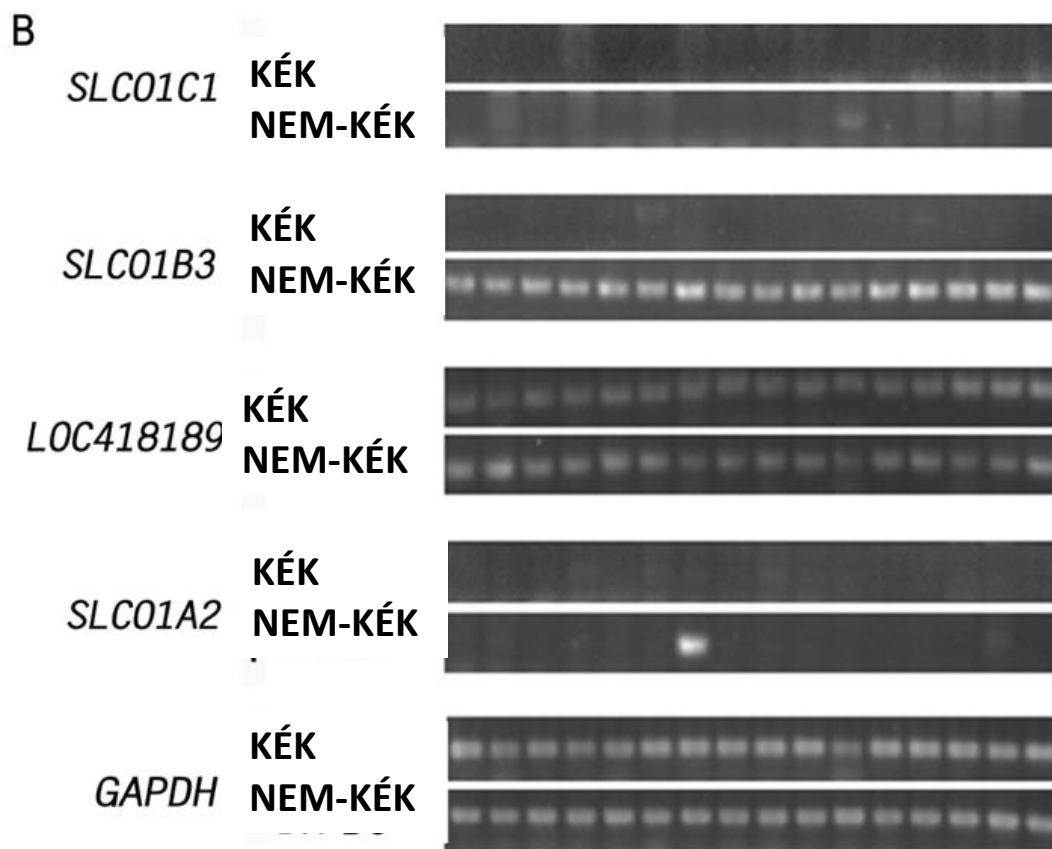
SLCO1B3 gén is
szerepet játszik a kék
szín kialakításában

Wang et al, 2013

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



A TOJÁS SZÍNÉNEK KIALAKÍTÁSÁBAN SZEREPEST JÁTSZÓ GÉNEK



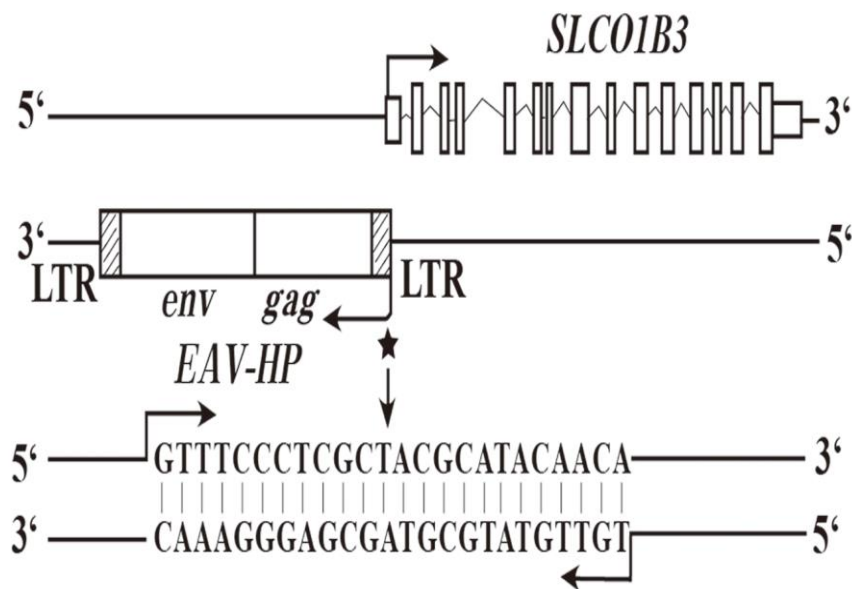
EAV-HP retrovírus
inzerció elősegíti az
SLC01B3 gén
expresszióját az
uterusban a kék
tojást tojó fajtákban

Wang et al, 2013

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



A TOJÁS SZÍNÉNEK KIALAKÍTÁSÁBAN SZEREPET JÁTSZÓ GÉNEK

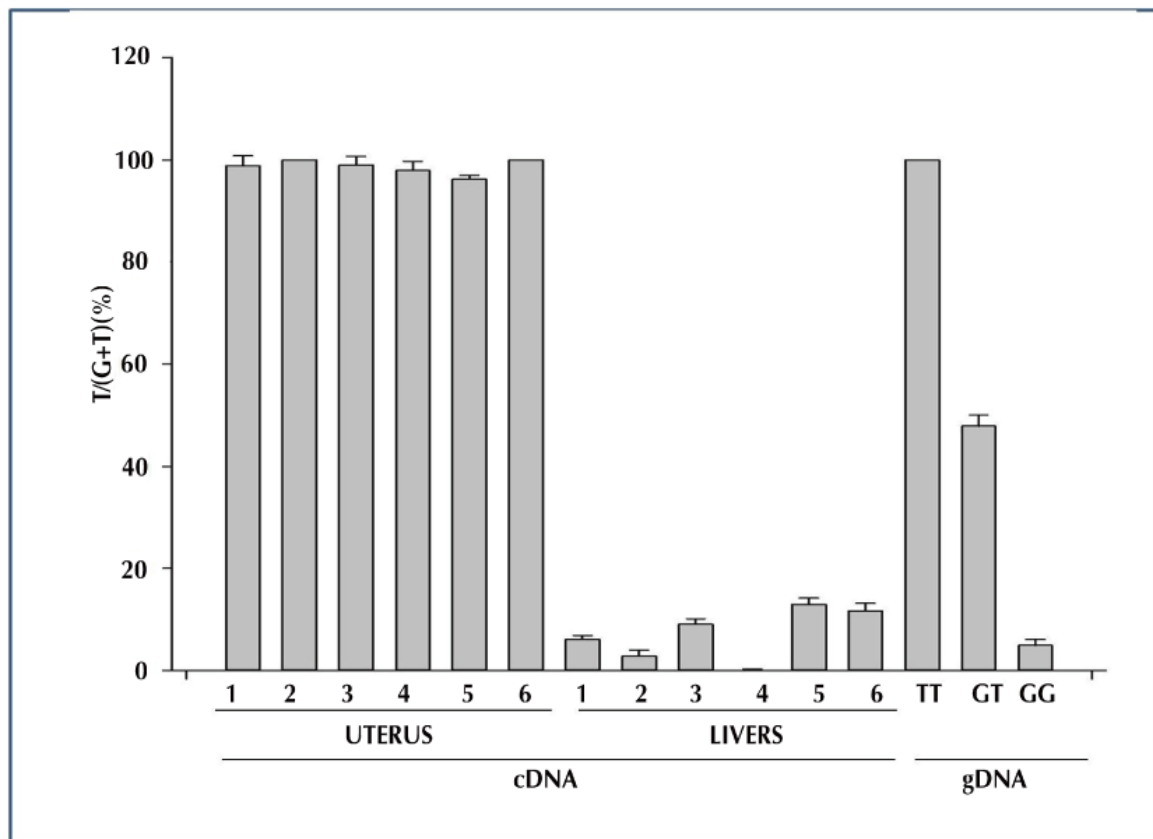


Wang et al, 2013

- Az EAV-HP retrovírus és az SLC01B3 gén elhelyezkedése a csirke genomban.
- Az EAV-HP az SLC01B3 5' régióba integrálódik.
- Az átírás után így +24 bp-t tartalmaz az SLC01B3 gén.



A TOJÁS SZÍNÉNEK KIALAKÍTÁSÁBAN SZEREPET JÁTSZÓ GÉNEK



A kék héjra nézve heterozigóta egyed SLCO1B3 expressziója a méhben. Genomiális DNS a kontroll.

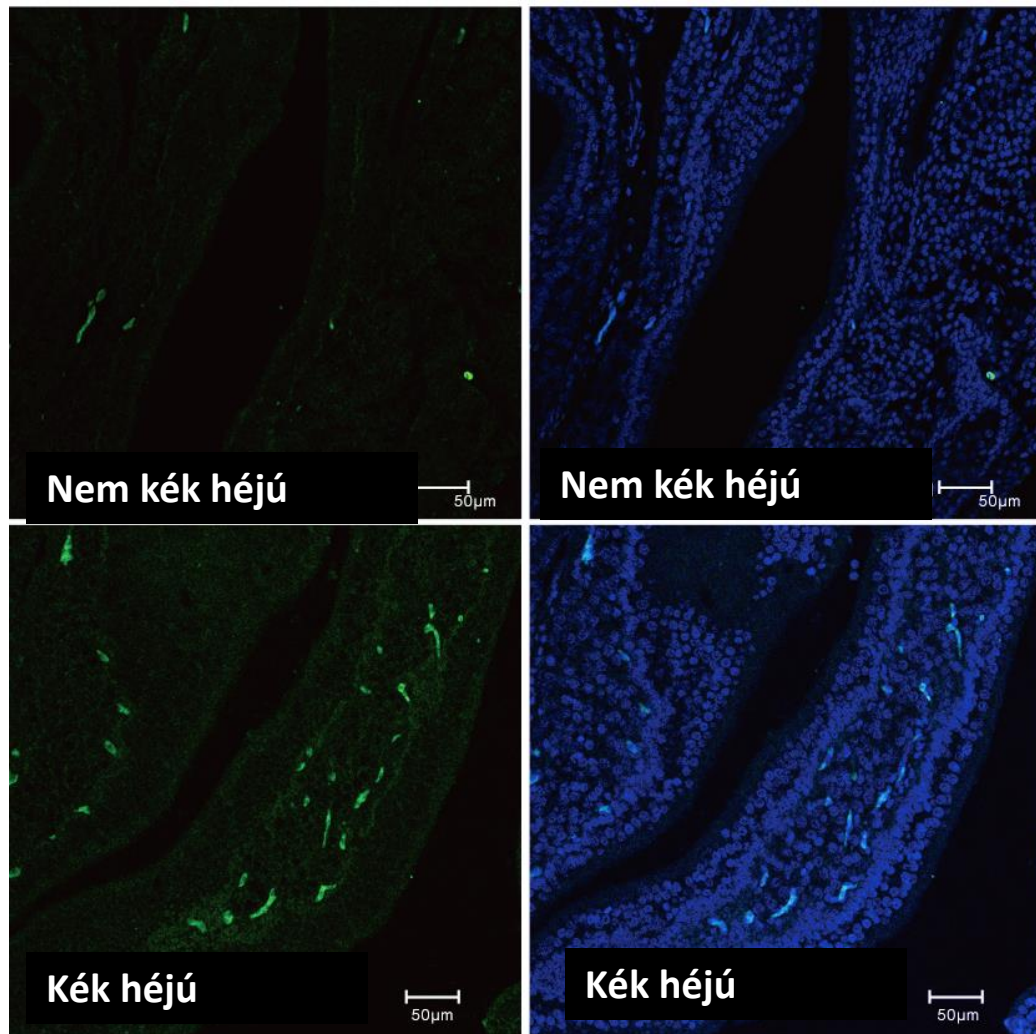
Wang et al, 2013



A TOJÁS SZÍNÉNEK KIALAKÍTÁSÁBAN SZEREPET JÁTSZÓ GÉNEK

MÉH

MÁJ



SLCO1B3 expresszió
detektálása méhben
és májban

Wang et al, 2013

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



A TOJÁS MINŐSÉGÉT BEFOLYÁSOLÓ QTL-EK

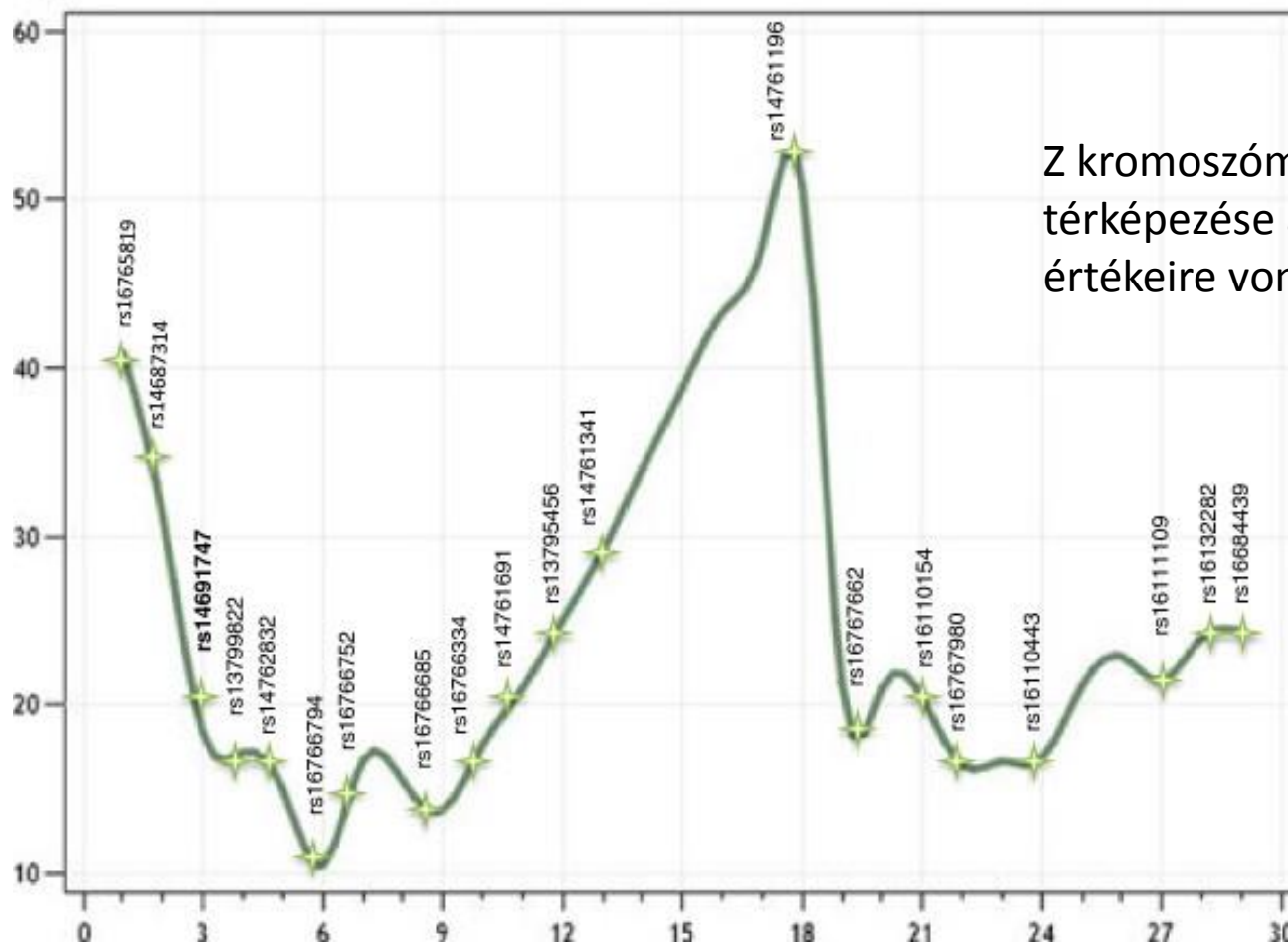


TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

- ✓ 2-es kromoszómán található QTL-ek: a tojásfehérje magassága
- ✓ Z kromoszómán lokalizálódó QTL-ek: tojások száma, Haugh-egység, fehérje magasság
- ✓ 4-es kromoszóma QTL-jei: a tojás tömege mellett a testtömegre és a takarmányfelvételre is hatással vannak



Haugh-egység



Z kromoszóma QTL
térképezése a Haugh-egység
értékeire vonatkoztatva

Honkatukia
et al,2013



TOJÁSHÉJ QTL

- ✓ a Z kromoszómán nem találtak olyan QTL-eket, melyek a tojáshéj minőségére hatnak
- ✓ a 9. kromoszóma *ABR0545* és *ABR0362* régiójában található QTL-ek szignifikánsan befolyásolja a tojáshéj tömegét, vastagságát, szilárdságát és a tojások tömegét
- ✓ ezek a QTL-ek alkalmasak lehetnek arra, hogy csökkentsük a törött és elrepedt tojások számát marker-asszisztált szelekcióval



ELLENŐRZŐ KÉRDÉSEK ÉS FELKÉSZÜLÉS

Témakörhöz kapcsolódó kérdések

Melyek a tojáshéj minőségére ható fontosabb gének?

Milyen gének vesznek részt a tojáshéj színének kialakításában?

A Z kromoszómán elhelyezkedő QTL-ek a tojás mely minőségi paraméterei hatnak?

Felhasznált és ajánlott irodalom

Isidahomen et al. (2013): Egg Quality Traits of Indigenous and Exotic Chickens As Influenced By Specific Genes. Journal of Biology, Agriculture and Healthcare. 3. 53-59.

Goto et al. (2014): Quantitative Trait Loci Mapping for External Egg Traits in F2 Chickens. Japan Poultry Science Association. 51. 118-129.

Wang et al. (2013): An EAV-HP Insertion in 5' Flanking Region of SLCO1B3 Causes Blue Eggshell in the Chicken. PLoS Genet 9(1): e1003183

Fan et al (2013): The sodium channel gene family is specifically expressed in hen uterus and associated with eggshell quality traits. BMC Genet.24;14:90.





DEBRECENI EGYETEM

A GYAPJÚ MINŐSÉGÉT BEFOLYÁSOLÓ MOLEKULÁRIS MARKEREK

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014

Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

SZÉCHENYI 2020



MAGYARORSZÁG
KORMÁNYA

Európai Unió
Európai Szociális
Alap



BEFEKTETÉS A JÖVŐBE

ELŐADÁS VÁZLATA

- **A gyapjú minőségi tulajdonságai**
- **A gyapjú színét meghatározó gének**
- **A gyapjuszál finomságát, hosszúságát és szakítószilárdságát befolyásoló gének**
- **A szőrtelenség háttérében álló genetikai tényezők**
- **A gyapjú minőségét befolyásoló QTL-ek**



A GYAPJÚ MINŐSÉGI TULAJDONSÁGAI



MINŐSÉGI TULAJDONSÁGOK

Szálfínomság (átlagos szálátmérő)

- legfontosabb értékmérő tulajdonság, h^2 = közepes-jó
- annál finomabb, minél kisebb a szál keresztmetszete
- befolyásolja: életkor, ivar, testtáj, takarmányozás, szoptatás, betegség



en.wikipedia.org



MINŐSÉGI TULAJDONSÁGOK

Kiegyenlítettség (egyöntetűség, egyneműség)

- gyapjú szálfinomságára és minőségére vonatkozik
- a kiegyenlítetlenség az egyik legsúlyosabb gyapjúhiba



wikipedia.org



MINŐSÉGI TULAJDONSÁGOK

Fürthosszúság

- meghatározza a feldolgozás technológiáját (kártolás v. fésülés)
- hosszabb fürtű gyapjú értékesebb, jobb minőségű lesz a fonál

Íveltség

- a gyapjúsálak nem egyenes lefutásúak, térbeli íveltséget mutatnak
- típusok: szabályos, tágan ívelt (lapos, nyújtott, sima), túlívelt (magas, nyomott, horgolt)



MINŐSÉGI TULAJDONSÁGOK

Gyapjútisztaság (rendement)

- rendement: megmutatja, hogy a zsírosgyapjú hány százalék 17%-os víztartalmú tiszta gyapjút tartalmaz



en.wikipedia.org

Szín

- genetikailag meghatározott
- eumelanin: fekete v. barna
- feomelanin: sárga v. vörös
- a textilipar a fehér gyapjút kedveli inkább



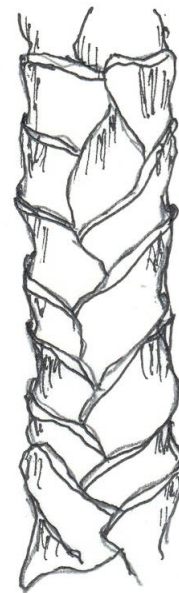
MINŐSÉGI TULAJDONSÁGOK

Fény

- ezüst vagy nemes fény (merinó)
- selyemfény (crossbred gyapjú)
- krétafény, fénytelen (sérült fürt, hiányos epidermisz)

Szakítószilárdság, nyújthatóság

- a gyapjúsálak a feldolgozás során nagy igénybevételnek vannak kitéve
- a száraz gyapjúsál 20-25%-ig , a nedves 70-90%-ig nyújtható szakadás nélkül



en.wikipedia.org

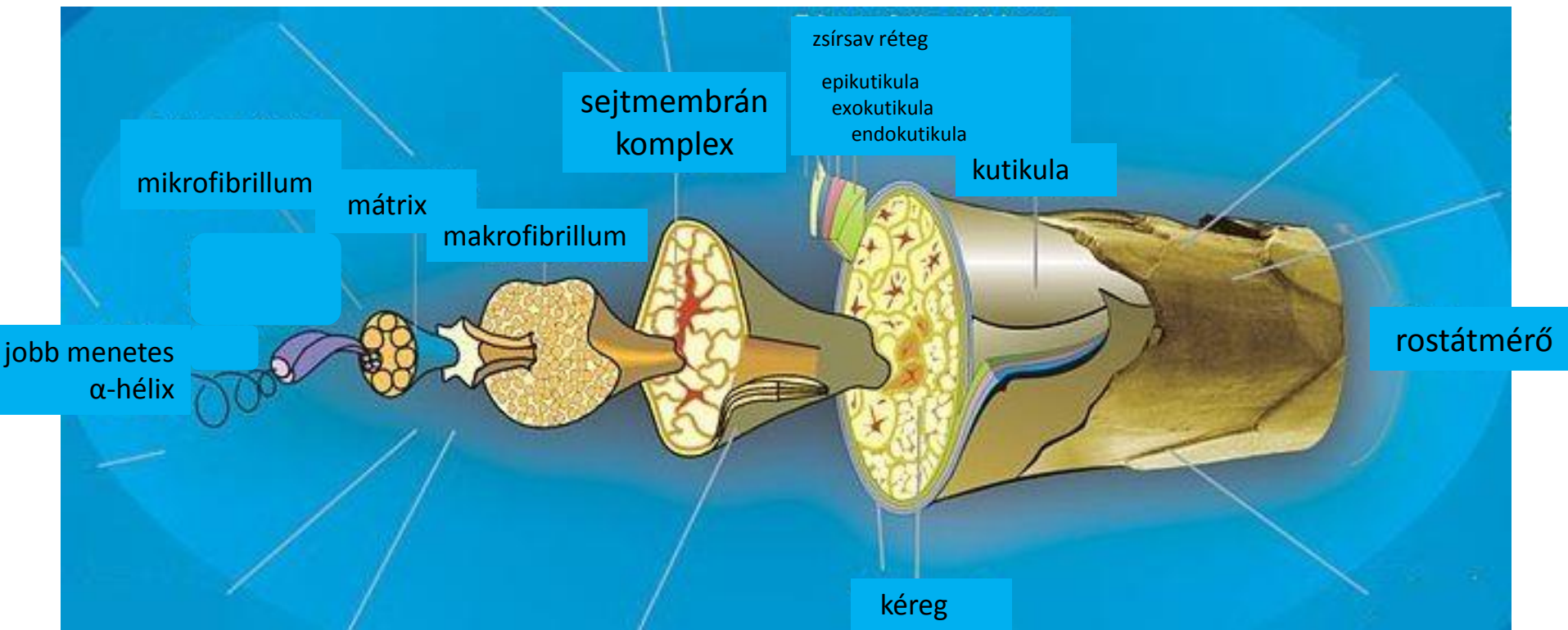


Belszerkezet

- a bunda fürtjei, pászmái által mutatott kép, a pászmák, fürtöcskék, és fürtök alakulása
- normális (habos), pászmázott, motringos, cérnás gyüremes, nemezes



MINŐSÉGI TULAJDONSÁGOK



en.wikipedia.org



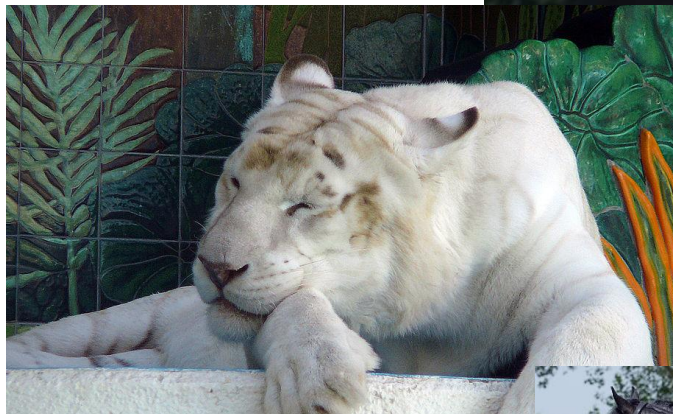
A GYAPJÚ SZÍNÉT BEFOLYÁSOLÓ GÉNEK



TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME

A GYAPJÚ SZÍNÉT BEFOLYÁSOLÓ GÉNEK

Az emlősöknél a
szőr színe 127 lókuszt
és több mint 800 allél
által szabályozott
tulajdonság



en.wikipedia.org

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



A GYAPJÚ SZÍNÉT BEFOLYÁSOLÓ GÉNEK

- Juhoknál 11 lókuszt azonosítottak, melyek a gyapjú színét befolyásolják: Agouti, Albino, Australian Piebald, Brown, Extension, Pigmented Head, Roan (deres), Spotting (foltos), Sur Bukhara, Ticking Sur Surkhandarya



en.wikipedia.org



A GYAPJÚ SZÍNÉT BEFOLYÁSOLÓ GÉNEK

- két meghatározó lókuszt: extension és agouti
- **Extension lókuszt:** melanocytá stimuláló hormon receptor vagy más néven melanocortin 1 receptor gén (MC1R)
 - melanocytá stimuláló hormon (MSH) kapcsolódik hozzá
 - MC1R az eumelanin és a feomelanin termelődését befolyásolja
 - a melaninok tirozinból szintetizálódnak, számos enzim befolyásolja (tirozináz a legfontosabb, cAMP-n keresztül)
 - tirozináz alaktivitás → feomelanin termelődik
 - emelkedett tirozináz aktivitás → eumelanin termelődik



A GYAPJÚ SZÍNÉT BEFOLYÁSOLÓ GÉNEK

- **Agouti lókus:**
 - agouti szignalizációs peptid (ASIP) MSH antagonistaként hat
 - megakadályozza az MSH-MC1R kapcsolódást: feomelanin termelődik



A GYAPJÚ SZÍNÉT BEFOLYÁSOLÓ GÉNEK

- eumelanin: fekete/barna
- feomelanin: vörös/sárga
- domináns extension allélek jelenléte → eumelanin (fekete szín)
- recesszív extension allélek jelenléte → feomelanin (vörös/sárga szín)
- az agouti allélok esetén pontosan fordítva



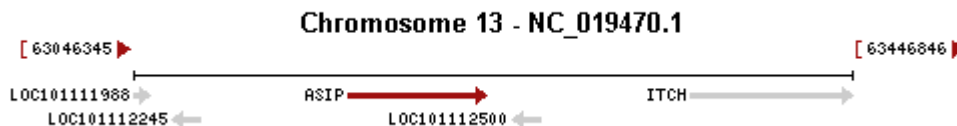
A GYAPJÚ SZÍNÉT BEFOLYÁSOLÓ GÉNEK

- Extension lókuszt alléljai:
 - vad típus (E^+)
 - domináns fekete (E^D), két missense mutáció okozza
 - recesszív e' , missense mutáció okozza



A GYAPJÚ SZÍNÉT BEFOLYÁSOLÓ GÉNEK

- Agouti lókuszt alléljai:
 - non-Agouti (A^a) recesszív fekete: 3 mutáció okozhatja (5 bp del a 2-es exonban, missense mutáció a 4-es exonban, szabályozó régiót érintő mutáció-még nem azonosították pontosan)
 - ASIP allél (A^{Wt}) domináns fehér



ncbi.nlm.nih.gov



A GYAPJÚ SZÍNÉT BEFOLYÁSOLÓ GÉNEK

- Badgerface (A^b): dorsálisan feomelanin, ventrálisan eumelanin, ez recesszív a fehérhez képest, de domináns a feketéhez viszonyítva
- ASIP génben duplikáció: szürke színt eredményez (további vizsgálatok szükségesek)



en.wikipedia.org



A GYAPJÚ SZÍNÉT BEFOLYÁSOLÓ GÉNEK

- **TYRP1 tyrosinase-related protein 1:**
 - a melanogenezis fontos résztvevője
 - embereknél egyes mutációi az albinizmussal vannak összefüggésben
 - juhokban a 2. kromoszómán helyezkedik el
 - 869. pozícióban mutáció G/T
 - világos szín recesszív homozigóta TT, sötét szín domináns homozigóta GG, soay juhban (skót fajta) detektálták



A GYAPJÚ SZÍNÉT BEFOLYÁSOLÓ GÉNEK

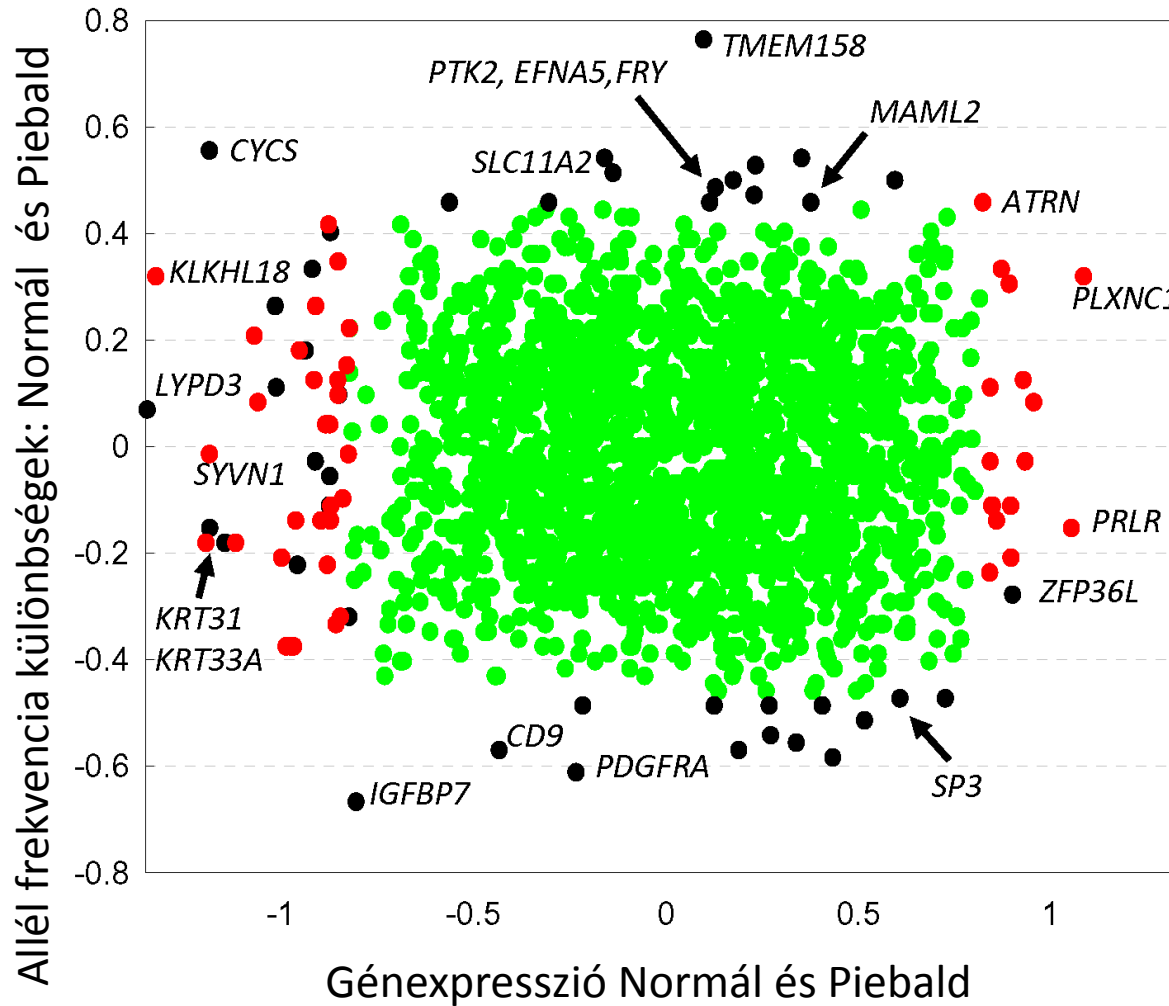
- Piebald: fekete foltos gyapjú



en.wikipedia.org



A GYAPJÚ SZÍNÉT BEFOLYÁSOLÓ GÉNEK



García-Gámez et al, 2011

TÁMOP-4.1.1.C-12/1/KONV-2012-0014
Élelmiszerbiztonság és gasztronómia vonatkozású
egyetemi együttműködés, DE-SZTE-EKF-NYME



A GYAPJÚ SZÍNÉT BEFOLYÁSOLÓ GÉNEK

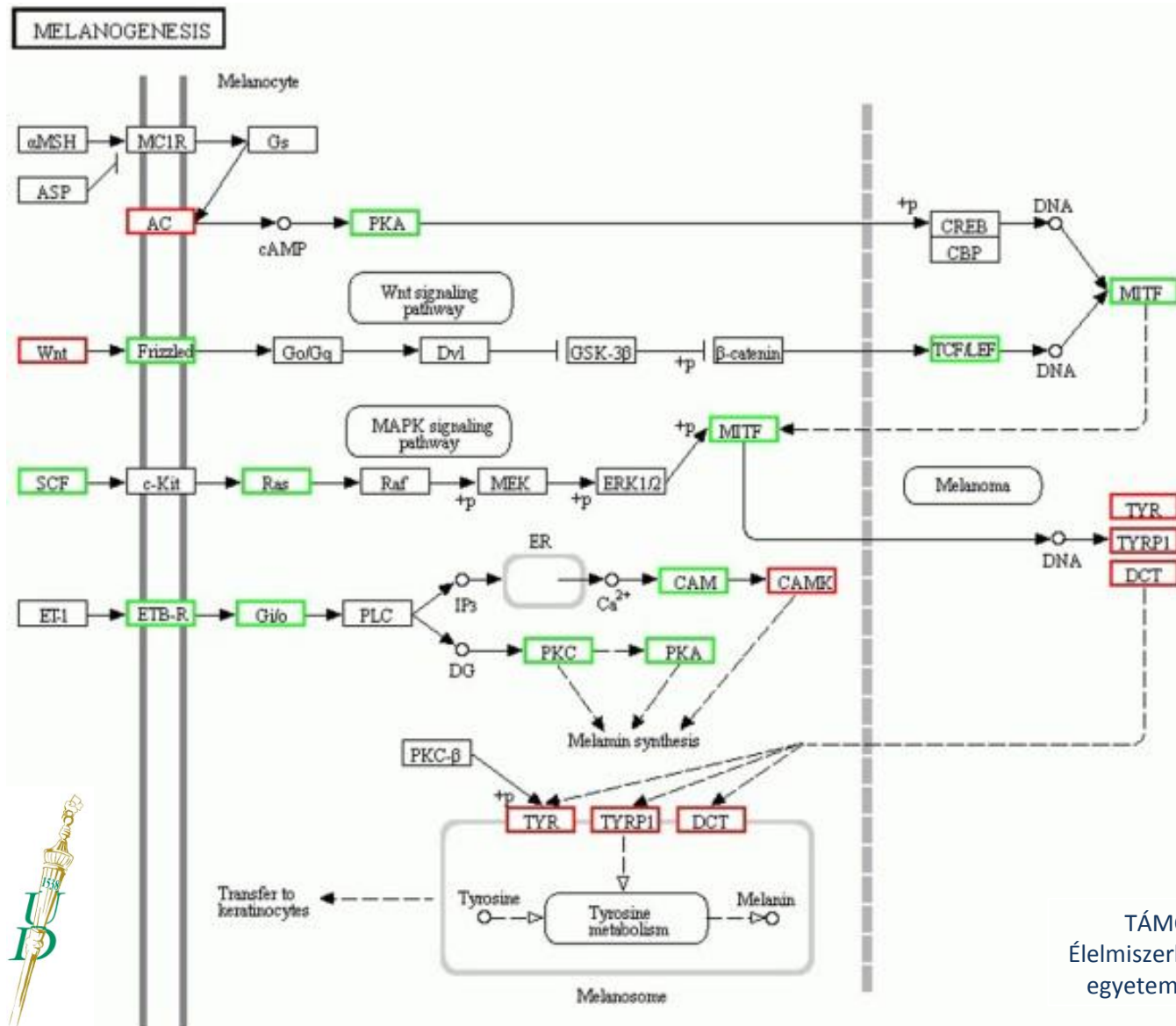
Piros szimbólumok: gének, melyek eltérő expressziót mutatnak a normál és a piebald genotípus között, és 2,5 Kb belül található egy SNP

Fekete szimbólumok: gének, melyek eltérő expressziót mutatnak a normál és a piebald genotípus között vagy 1 Mb belül található egy SNP

Zöld szimbólumok: nem mutatnak eltérő expressziót a két csoport között és nem kapcsolódik hozzájuk SNP



A GYAPJÚ SZÍNÉT BEFOLYÁSOLÓ GÉNEK



A juhok gyapjú színének kialakításában szerepet játszó gének és a melanogenezisben betöltött funkciójuk.

A zölddel jelölt gének a fehér állatokban, a pirossal jelölt gének a fekete állatokban mutattak magasabb expressziót.
Fan et al, 2013

FÉNYES GYAPJÚ

- ❖ több fajnál is azonosították ezt a gént: nyúl, tengeri malac, hörcsög, juh
- ❖ autoszomális génben mutáció, mely domináns módon öröklődik
- ❖ merinó fajtában fordulhat elő
- ❖ kedvezőtlen fenotípusos tulajdonságok:
csökken a gyapjú tömege, szőrtüszők sűrűsége csökken

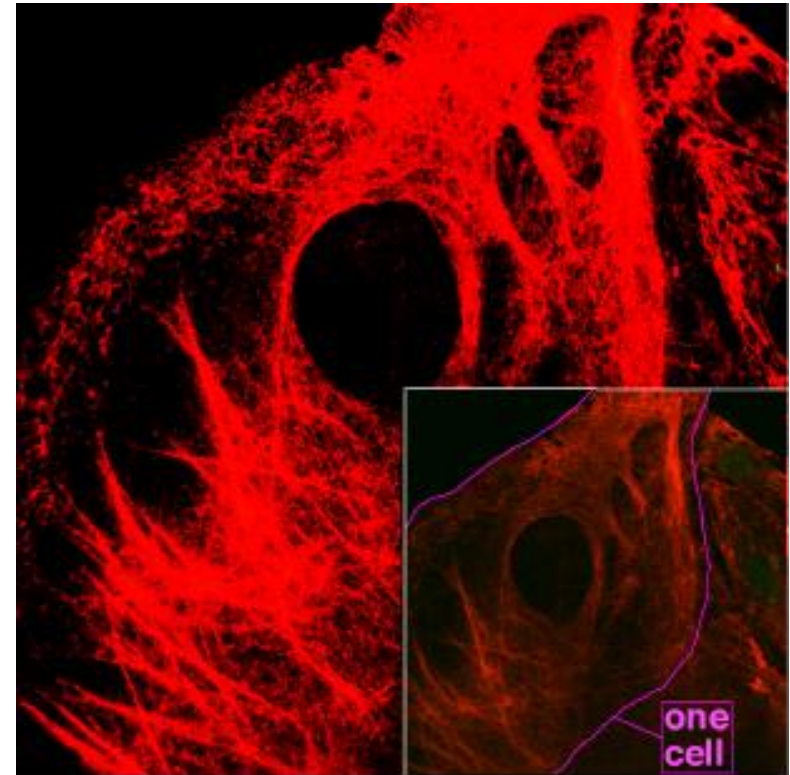


A SZÁL ÁTMÉRŐT, HOSSZÚSÁGOT ÉS SZAKÍTÓSZILÁRDSÁGOT BEFOLYÁSOLÓ GÉNEK



KERATIN

- keratin fehérje a gyapjú fő komponense, a szerkezeti és mechanikai tulajdonságokért felelős
- 50-100 keratin gén expresszálódik a gyapjúban



wikipedia.org



KERATIN

- a keratin fehérjék 2 fő csoportba sorolhatók:
 - keratin intermediate filament protein (KIF):**
a gyapjúsál váz szerkezetét alakítja ki
 - keratin associated protein (KAP):** a KIF fehérjék
a KAP mátrixba vannak beágyazódva
- KIF gének: KIF 1 – 11-es kromoszómán
KIF 2 – 3-as kromoszómán
- KAP gének: fehérje szekvencia alapján három fő csoport
- A KIF és KAP gének variációinak kapcsolata hatással van a bőr és a gyapjúsálak tulajdonságaira



KERATIN

Gyapjú hozamot befolyásolja: KAP1.1 és KAP1.3

Szál hosszúságot befolyásolja: KAP1.1, KAP1.3 és KRT1.2

Szál szakítószilárdságát befolyásolja: KAP1.1, KAP1.3 és KRT1.2

Átlagos szálátmérőt befolyásolja: KAP6 és KAP8

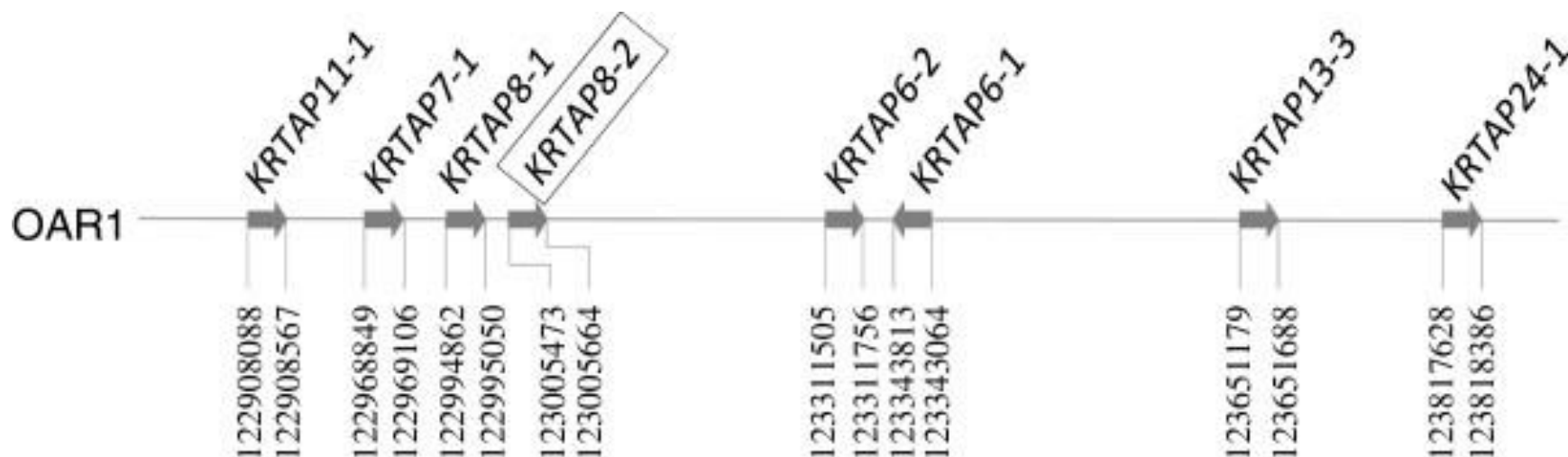
Szálátmérő szórását befolyásolja: KRT1.2

A gyapjú sárgaságát befolyásolja: KAP1.3



KERATIN

A juh 1. kromoszómája, melyen számos keratin associated protein lokalizálódik



Gong et al, 2014



N-TYPE GÉN

- más néven: halo-hair 1 (HH1) vagy Drysdale gén
- a gyapjú szálban jelentős velőállomány (medulla) kialakulását eredményezi, ez a gyapjú sokkal durvább
- kifejezetten szőnyegek készítésére használják
- először a Romney fajtában detektálták ezt a gént
- a medulla javítja a gyapjú hőszigetelő képességét, DE a rugalmasságra, szilárdságra, festhetőségre kedvezőtlenül hat
- HH1 gén alléljai:
HH1^N(Drysdale)
HH1^T (Tukidale)
HH1^J (Carpetmaster)



PROP1 GÉN

- transzkripciós faktort kódol , agyalapi mirigyben expresszálódik
- kandidáns gén mind a növekedésre, a szaporodásra és a gyapjú tulajdonságaira nézve
- polimorfizmusai a szálátmérőt befolyásolják



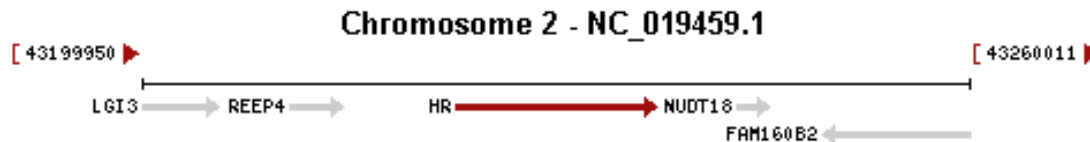
Traits	SNP Name	OAR	Position(bp)	Legközelebbi gén		P-érték
				Name	Távolság a génhez képest	
Fiber Diameter	s73369.1	1	262,567,035	TSPEAR	within	5.18E-07
Fiber Diameter	s68599.1	1	269,615,805	PIK3R4	within	8.90E-07
Fiber Diameter	s14929.1	3	34,364,400	KRTCAP3	within	3.36E-07
Fiber Diameter	OAR4_55981443.1	4	52,838,065	TFEC	396.1 kb	1.11E-08
Fiber Diameter	OAR8_53159504.1	8	49,600,831	SLC35A1	14.4 kb	8.64E-07
Fiber Diameter	OAR9_80743202.1	9	76,045,867	YWHAZ	within	2.43E-08
Fiber Diameter	OAR13_19523580.1	13	17,163,024	CCNY	6.6 kb	5.27E-10
Fiber Diameter	OAR13_19577291.1	13	17,218,383	CREM	19.3 kb	1.03E-06
Fiber Diameter	OAR25_21582203.1	25	20,863,365	CFDP2	136.6 kb	1.39E-07
fiber diameter coefficient of variation	OAR1_293501261.1	1	270,981,547	Mir563	141 bp	6.57E-07
fiber diameter coefficient of variation	s41906.1	10	30,072,709	HSPA1	7.9 kb	5.95E-07
fiber diameter coefficient of variation	s40917.1	13	9,809,552	KIF16B	within	1.06E-6
Fineness dispersion	OAR6_63321833.1	6	57,451,934	TBC1D1	52.2 kb	3.90E-07
Fineness dispersion	s40917.1	13	9,809,552	KIF16B	within	1.86E-10

Wang et al,
2014



SZŐRTELENSÉG GÉNJE

- recesszív módon öröklődik, legnagyobb mértékben az agyban és a bőrben expresszálódik
- veleszületett szőrtelenség hátterében áll
- fontos szerepet játszik a szőrtüszőkben zajló sejt proliferációban, differenciációban és apoptózisban



ncbi.nlm.nih.gov



SZŐRTELENSÉG GÉNJE

3 mutáció:

739. pozícióban A/T – 247 (Thr/Ser)

823. pozícióban G/A – 275 (Ala/Thr)

1312. pozícióban C/T -438 (Gln/Stop)



SZŐRTELENSÉG GÉNJE

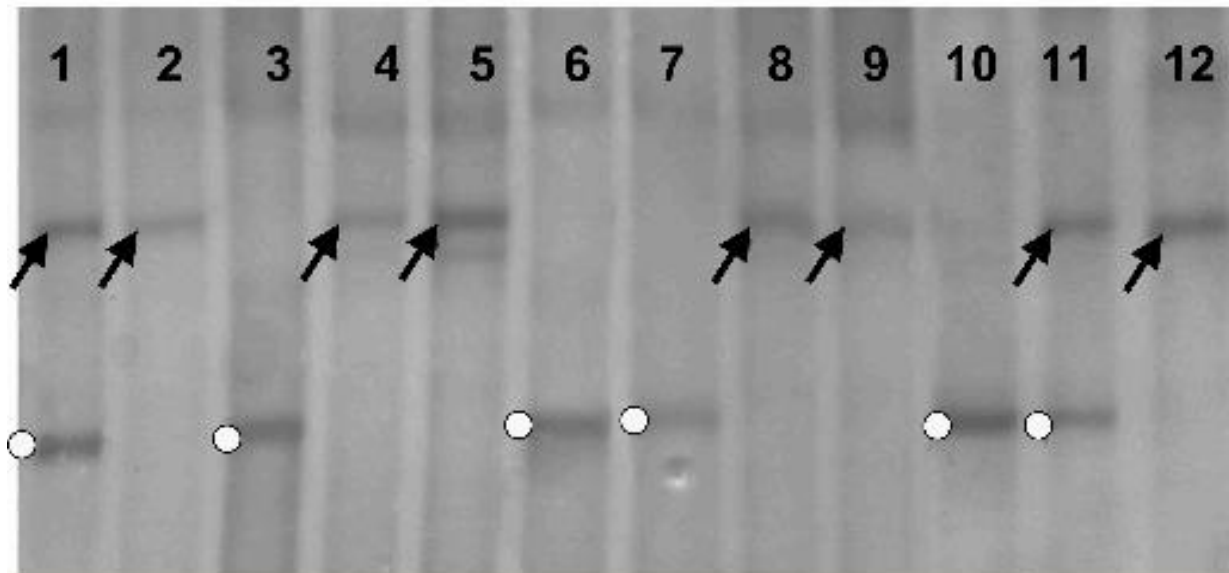
Egyedek	Fenotípus	739	823	1312
1	Normal	AA	GG	CC
2	Normal	TT	AA	CC
3	Normal	AA	GG	CC
4	Normal	AT	AG	CC
5	Normal	AT	GG	CT
6	Normal	AT	GG	CC
7	Normal	AT	AG	CC
8	Normal	AT	AG	CT
9	Hypotrichotic	TT	AA	TT
10	Hypotrichotic	TT	AA	TT
11	Hypotrichotic	TT	AA	TT
12	Hypotrichotic	TT	AA	TT

Finocchiaro et al, 2003



SZŐRTELENSÉG GÉNJE

- Az 1312. pozícióban lévő C/T szubsztitúció kimutatása PCR-SSCP módszerrel



CC: 2,4,5,8,9,10,12 CT: 1,11 TT: 3,6,7,10

Finocchiaro et al, 2003



HERITABILITÁS ÉS KORRELÁCIÓ

h^2

zsíros gyapjú tömege: 0,36

tiszta gyapjú tömege: 0,37

szálátmérő: 0,55

szálhosszúság: 0,46

korreláció

zsíros és tiszta gyapjú tömege között: 0,9

a szálátmérő és a zsíros gyapjú tömege között: 0,34

a szálátmérő és a tiszta gyapjú tömege között: 0,27



QTL-EK

- az 1-es és a 6-os kromoszómán található QTL a szálátmérőt befolyásolja
- a 4-es kromoszómán található QTL-ek a zsíros és tiszta gyapjú tömegével valamint a szálhosszúsággal mutatnak összefüggést
- a 14, 15 és 18-as kromoszómákon található QTL-ek a szálhosszúsággal mutatnak kapcsolatot
- a 11-es kromoszómán található QTL a szálerősséget befolyásolja



QTL-EK

- a 25-ös kromoszómán található QTL-ek:
 - a szálátmérővel
 - a szálak szilárdságával
 - a szálak hosszúságával
 - a szálak íveltségével
 - a velőállományt tartalmazó ill. velőállományt nem tartalmazó gyapjú arányával mutatnak összefüggést



ELLENŐRZŐ KÉRDÉSEK ÉS FELKÉSZÜLÉS

Témakörhöz kapcsolódó kérdések

Mik a gyapjú fontosabb minőségi tulajdonságai?

Milyen gének vesznek részt a gyapjú színének kialakításában?

A gyapjú mely tulajdonságait befolyásolják a keratin gének?

Felhasznált és ajánlott irodalom

García-Gámez et al. (2011): Using Regulatory and Epistatic Networks to Extend the Findings of a Genome Scan: Identifying the Gene Drivers of Pigmentation in Merino Sheep. PLoS ONE. 6(6). e21158.

Fan et al. (2013): Skin transcriptome profiles associated with coat color in sheep BMC Genomic. 14:389.

Szerk.: Jávora A. et al. (2006): Juhtenyésztés A-tól Z-ig. Mezőgazda Kiadó

Finocchiaro et al. (2003): The hairless (hr) gene is involved in the congenital hypotrichosis of Valle del Belice sheep. Genet. Sel. Evol. 35. S147–S156.

Adelson et al. (2004): Gene expression in sheep skin and wool (hair) Genomics 83. 95–105.



ELLENŐRZŐ KÉRDÉSEK ÉS FELKÉSZÜLÉS

Felhasznált és ajánlott irodalom

Safari et al. (2004): A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. *Livestock Production Science* 92. 271–289.

Purvis et al. (2007): Genetics of fibre production in sheep and goats. *Small Ruminant Research*. 70. 42–47.

Purvis et al. (2004): Major genes and QTL influencing wool production and quality: a review *Genet. Sel. Evol.* 37. 97–107

Cui et al. (2014): Molecular cloning and characterization of the β -catenin gene from fine-wool sheep. *Genetics*. 546. 277–282.

Vage et al. (2003): Mapping and Characterization of the Dominant Black Colour Locus in Sheep. *Pigment Cell Res* 16. 693–697.

Fontanesi et al. (2011): Coat colours in the Massese sheep breed are associated with mutations in the agouti signalling protein (ASIP) and melanocortin 1 receptor (MC1R) genes *Animal* 5. 8–17.

Gong et al. (2014): The sheep KAP8-2 gene, a new KAP8 family member that is absent in humans *Springerplus*. 3. 528.

