

**ULOGA KVANTITATIVNIH GENSKIH BILJEGA
U SELEKCIJI SVINJA****Anamaria Ekert Kabalin, T. Balenović, V. Sušić,
I. Štoković, S. Menčik, Ž. Pavičić****Sažetak**

Selekcija svinja donedavno se temeljila isključivo na fenotipskom očitovanju pojedinih obilježja životinje i/ili njezinih predaka, potomaka i srodnika. No, tijekom zadnjeg desetljeća u intenzivnoj proizvodnji počele su se koristiti molekularno genetske metode u identifikaciji i poboljšanju uzgojno-seleksijskih svojstava. Na taj su način brojni znanstveno istraživački rezultati s područja genetike svinja sve više implementirani u praksi s ciljem poboljšanja ekonomičnosti proizvodnje. Primjenom navedenih spoznaja moguće je poželjne jedinke identificirati u najranijoj dobi, prije nego li se ekonomski bitna svojstva počnu očitovati. Također, primjenom testova kojima se otkrivaju pogreške u kodovima odgovarajućih gena, moguće je pravovremeno isključiti iz daljnjeg uzgoja jedinke koje su nosioci pojedinih nasljednih bolesti. Nakon pete službene objave u siječnju 2007. godine, baza podataka kvantitativnih genskih biljega (QTL) svinja sadržavala je 1673 QTL-a za 281 različitih svojstava, da bi krajem 2007. taj broj iznosio 1809 QTL-a.. Pritom je 77% utvrđenih biljega povezano sa svojstvima koja određuju kakvoću mesa, 15% vezano je za proizvodna svojstva, 4% uz reproduktivna svojstva, njih 3% povezano je s odlikama vanjštine, a dok je uz zdravlje jedinki vezano 1% utvrđenih QTL-a.

Ključne riječi: selekcija svinja, kvantitativni genski biljezi (QTL), proizvodna svojstva

Uvod

Svrha ovog rada je prikaz napretka u utvrđivanju kvantitativnih genskih biljega (engl. *quantitative trait loci*, QTL) svinja za pojedine setove proizvodnih ciljeva koji uključuju rast i vanjštinu jedinki, kvalitetu mesa, otpornost na bolesti, proizvodna i reproduktivna svojstva. Osnovni principi kvantitativne (populacijske) genetike korištene u intenzivnoj proizvodnji temelje se na odabiru jedinki s obzirom na vanjsko očitovanja određenog ekonomski važnog proizvodnog svojstva.

Anamaria Ekert Kabalin, T. Balenović, V. Sušić, I. Štoković, S. Menčik, Zavod za stočarstvo, Veterinarski fakultet, Heinzelova 55, 10000 Zagreb, Hrvatska (e-mail: akabalin@vef.hr)
Ž. Pavičić, Zavod za animalnu higijenu, okoliš i etologiju, Veterinarski fakultet, Heinzelova 55, 10000 Zagreb, Hrvatska

Većina tih ekonomski bitnih proizvodnih i reprodukcijских svojstava svinja vezano je uz djelovanje većeg broja gena. Kako je udio nasljednosti za takva svojstva manji nego za ona koja su vezana za jedan ili manji broj gena, važno je utvrditi određene genske markere odgovorne za njihovu izraženost. Naglim razvojem molekularne genetike dolazi do sve intenzivnije primjene kvantitativnih genskih biljega u svim granama stočarske proizvodnje - kako u dijagnostičkom, tako i u selekcijskom smislu. Poželjne jedinice tako je moguće odabrati na osnovi pouzdane prognoze proizvodnih svojstava i prije nego što započnu s vlastitom proizvodnjom. Osim toga, moguće je učinkovito smanjiti rasprostranjenost nasljednih bolesti u populaciji izlučivanjem ne samo homozigotnih jedinki koje eksponiraju navedene bolesti, već i heterozigotnih jedinki kod kojih se bolest ne mora očitovati, ali je prenose na potomstvo (Balenović i sur.; 2007, Misztal, 2006; Ivanković, 2005; Spelman i Bovenhuis, 1998).

Upotreba genskih markera u selekciji svinja

Informacije na razini DNK mogu pomoći kako industrijskim uzgajivačima, tako i genetičarima u utvrđivanju specifičnih gena za pojedina svojstva (poput halotan gena povezanog sa stresnim sindromom u svinja i pojavom bijelog, mekanog i vodnjikavog mesa). Također mogu se koristiti u selekciji jedinki s obzirom na pojedina kvantitativna svojstva, uključujući ona koja mogu biti selekcionirana i na tradicionalan način. Informacije na razini DNA vezane uz određene proizvodne ciljeve mogu povećati pouzdanost klasičnog načina provođenja selekcije, a time i njene učinke. Kvantitativni genski biljezi imaju važnu ulogu u stočarskoj industriji i srodnim biotehnoškim industrijama, jer mogu unaprijediti identifikaciju svojstava vezanih uz proizvodnju, zdravlje i otpornost jedinki (Rothschild i sur., 2007; Fadiel i sur., 2005; Tuggle i sur., 2001; Rothschild i Plastow, 1998).

Radi povezivanja učinaka određenih alelnih varijanti s proizvodnim svojstvima (kvalitativnim i kvantitativnim) te uključivanja u uzgojno selekcijski rad, koriste se različiti dijagnostički testovi za pojedina svojstva. Tako u svinja među najznačajnije ubrajaju testovi za utvrđivanje alelnih varijanti nekih lokusa vezanih za rast (MC4R), kvalitetu mesa i osjetljivost na stres (RN, RYR1, FABP4), plodnost (PRLP, ESR, FSHB), otpornost (FUT1), konverziju hrane (MC4R), boju kože (MC1R) i drugo (Rothschild, 2003).

Primjena kvantitativnih genskih biljega u selekciji svinja temelji se na povezanosti markera s poligenkim proizvodnim značajkama, tj. značajnim vezama pojedinih alelnih varijanti s odlikama određenog svojstva. Tako su, primjerice, u svinja utvrđene značajne veze pojedinih QTL-markera s kvalitetom polovica (značajna veza utvrđena je na više kromosoma: SSC1-4, SSC6-8, SSC12, SSC13, SSC17, SSCX), mišićnom masom (SSC1-15, SSC17, SSC18) te količinom masti (SSC1, SSC3-8, SSC12-14, SSC18) (Świtoński i sur., 2003; Ivanković i sur., 2005).

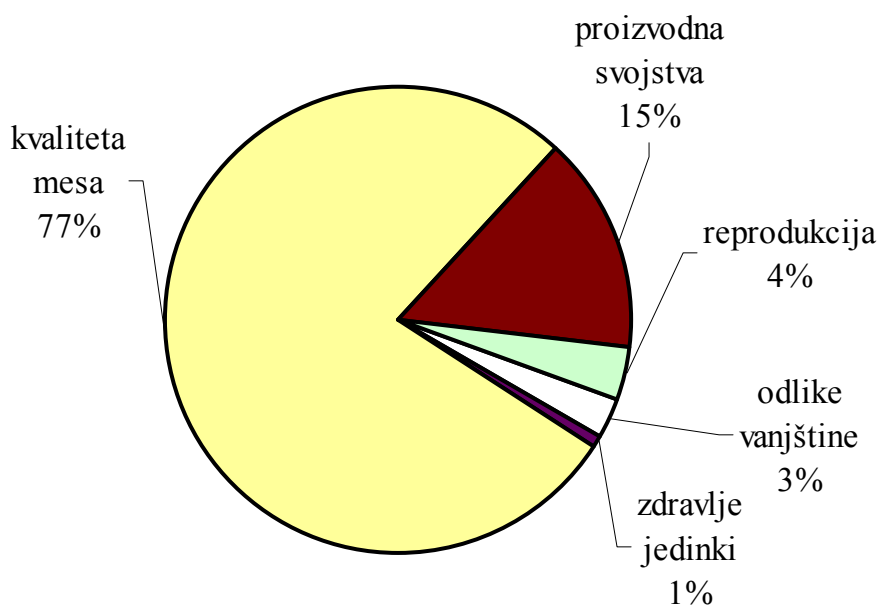
Baza podataka kvantitativnih genskih biljega u svinja

Kvantitativni genski biljezi predstavljaju specifične regije kromosoma koje sadrže gene koji značajno doprinose očitovanju poligenkog svojstva. Njihove međusobne interakcije su kompleksne, a na ekspresiju mogu utjecati i brojni negenetički čimbenici. Stoga su i oni podložni reviziji i ponovnoj interpretaciji. Među poznatije baze podataka sa slobodnim pristupom spada PigQTLdb (<http://www.animalgenome.org/QTLdb/>) koja sadrži objavljene podatke o kvantitativnim genskim biljezima više vrsta domaćih životinja, objedinjujući spoznaje iz drugih baza s kojima je povezana. Unutar navedene baze razvijen je sustav klasifikacije QTL-a radi standardizacije imena pojedinih svojstava (ciljeva selekcije) te lakše pretrage. Rezultati pretraživanja kvantitativnih genskih biljega u bazi su prikazani ovisno o načinu kojim pristupamo podacima (pregled cijele mape genoma ili pojedinih kromosoma, pretragom pojedinih svojstava, samih kvantitativnih genskih biljega, prema godini, autoru ili časopisu u kojem su objavljeni ili pretragom pomoću ključnih riječi) (Hu i sur., 2007 te 2005; Rotschild i sur., 2007; <http://www.animalgenome.org/QTLdb/>).

Utvrđeni kvantitativni genski biljezi svinja za pojedina svojstva u bazi podataka razvrstani su unutar pet osnovnih razreda (<http://www.animalgenome.org/QTLdb/>): odlike vanjštine (50 QTL-a), markeri vezani uz zdravlje jedinki (15), kvalitetu mesa (1409), proizvodna svojstva (268) te reprodukciju (67). Kao što je uočljivo iz grafičkog prikaza (grafikon 1), najzastupljenija istraživanja provedena su u smjeru utvrđivanja markera vezanih uz kvalitetu mesa te je i najveći udio QTL-a vezan uz navedena svojstva.

Grafikon 1. – UDIO KVANTITATIVNIH GENSKIH BILJEGA PREMA RAZREDU SVOJSTAVA (Izvor: <http://www.animalgenome.org/QTLdb/>)

Graph 1 – PERCENTAGE OF QUANTITATIVE TRAIT LOCI BY TRAIT CLASSES (Source: <http://www.animalgenome.org/QTLdb/>)



Prikaz podjele utvrđenih kvantitativnih genskih biljega prema tipu svojstva dan je na tablici 1, dok je na tablici 2 prikazan utvrđeni broj QTL-a na pojedinim kromosomima svinja.

Tablica 1. – BROJ UTVRĐENIH KVANTITATIVNIH GENSKIH BILJEGA PREMA TIPU SVOJSTVA
 Table 1 – NUMBER OF QUANTITATIVE TRAIT LOCI BY TRAIT TYPES

Tip svojstva	Broj QTL-a
Anatomija	592
Zamašćenost	438
Rast	234
Tekstura	86
Boja mesa	79
Sastav masti	70
pH	66
Reproduktivni organi	33
Okus (aroma)	26
Provodljivost	25
Ponašanje	22
Veličina legla	21
Kemijski sastav	18
Nedostaci (defekti)	18
Uzimanje hrane	16
Probavni organi	10
Reproduktivna svojstva	9
Konfirmacija	8
Konverzija hrane	8
Imunološki kapacitet	8
Otpornost na bolesti	7
Miris	5
Endokrini sustav	4
Ukrućivanje (ukočenost)	3
Boja kože	2
Aktivnost enzima	1

(Izvor / Source: <http://www.animalgenome.org/QTLdb/>)

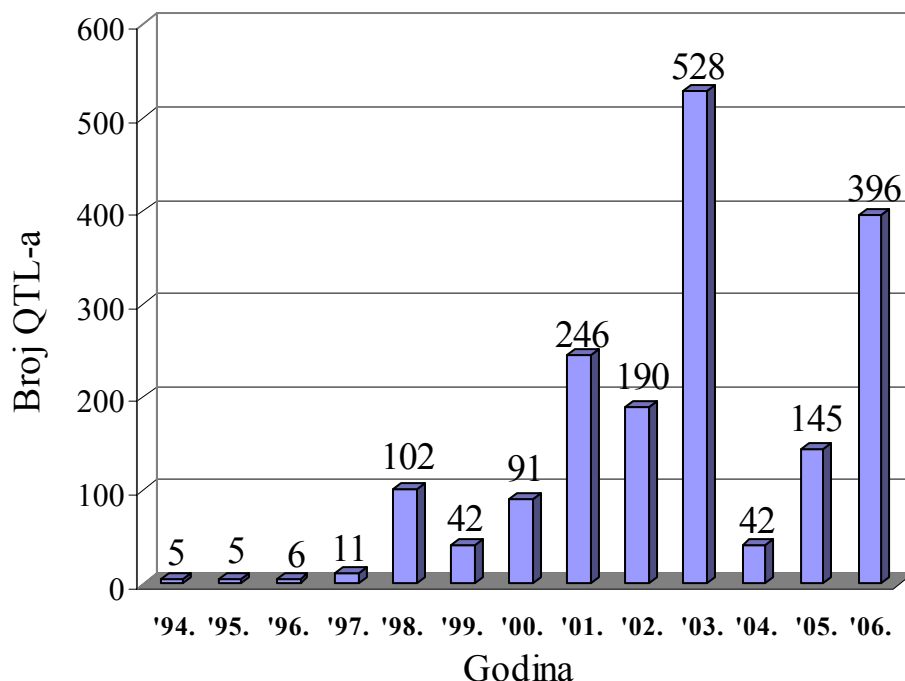
Tablica 2. – BROJ UTVRĐENIH KVANTITATIVNIH GENSKIH BILJEGA NA POJEDINIM KROMOSOMIMA

Table 2 – NUMBER OF QUANTITATIVE TRAIT LOCI ON PIG CHROMOSOMES

Kromosom	Broj QTL-a
X	108
Y	1
1	207
2	159
3	71
4	231
5	60
6	221
7	207
8	81
9	57
10	43
11	36
12	42
13	69
14	66
15	69
16	18
17	34
18	29

(Izvor / Source: <http://www.animalgenome.org/QTLdb/>)

Iz grafikona 2 uočljivo je da je tijekom prošlog desetljeća došlo do ekspanzije istraživanja genoma svinja i QTL-a vezanih uz pojedina svojstva, pri čemu je tijekom 2003. godine objavljeno najviše utvrđenih biljega.

Grafikon 2. – BROJ UTVRĐENIH KVANTITATIVNIH GENSKIH BILJEGA PREMA GODINI NJIHOVE OBJAVE (Izvor: <http://www.animalgenome.org/QTLdb/>)Graph 2 – NUMBER OF QUANTITATIVE TRAIT LOCI BY YEAR WHEN THEY WERE PUBLISHED (Source: <http://www.animalgenome.org/QTLdb/>)

Farmske životinje uz svoju ekonomsku važnost predstavljaju i vrijedne modele različitih patoloških i fizioloških istraživanja. Desetljećima su uzgajivači nastojali izmijeniti njihov genom prvotno tragajući za željenim fenotipskim svojstvima, a potom odabirući superiorne životinje da nastave svoju liniju u slijedećoj generaciji. Osim toga, purificirajućom selekcijom unutar populacija smanjivali su rasprostranjenost genetičkih bolesti. Sekvenciranje genoma svinja predstavlja neprocjenjiv izvor za napredak u istraživanjima na području enzimologije, reprodukcije, endokrinologije, hranidbe i biokemije te doprinosi unaprjeđenju zdravlja ljudi (Rothschild, 2003). U kliničkim istraživanjima transplantacije organa, metaboličkih bolesti, farmakologiji, fiziologiji, zaraznih i kardiovaskularnih bolesti kao modeli koriste se svinje.

Znanstvenici istražuju genom svinja i izoliraju gene koji mogu utjecati na ekonomski učinak uzgoja, to jest gene koji se mogu koristiti u svinjogojskoj industriji s ciljem povećanja količine i/ili kakvoće proizvoda. Također identifikacija pojedinih nasljednih bolesti omogućuje isključivanje heterozigotnih jedinki koje ne očituju navedene bolesti, čime se učinkovitije iskorjenjuje bolest iz uzgoja. Uz navedeno, izolacija DNK iz tkiva životinja može se koristiti kao pouzdana metoda praćenja porijekla mesa, a time kupcu pružati kvalitativnu sigurnost i identifikaciju izvora hrane .

LITERATURA

1. Balenović, T., A. Ekert Kabalin, M. Balenović, V. Sušić, I. Štoković, Ž. Pavičić (2007): Primjena molekularne genetike u unaprjeđenju uzgojno-seleksijskih svojstava kokoši. *Stočarstvo*, 61: 291-299.
2. Fadiel, A., I. Anidi, K. D. Eichenbaum (2005): Farm animal genomics and informatics: an update. *Nucleic Acid Research*, 33 (19): 6308-6318.
3. Hu, Z.-L., E. R. Fritz, J. M. Reecy (2007): AnimaQTLdb: a livestock QTL database tool set for positional QTL information mining and beyond. *Nucleic Acids Research*, 35, Database issue: D604-D609.
4. Hu, Z.-L., S. Dracheva, W. Jang, D. Maglott, J. Bastiaansen, M. F. Rothschild, J. M. Reecy (2005): A QTL resource and comparison tool for pigs: PigQTLdb. *Mammalian Genome* 16 (10): 792-800.
5. Ivanković, A. (2005): Uporaba molekularne genetike u animalnoj proizvodnji. *Stočarstvo* 59: 121-144.
6. Misztal, I. (2006): Challenges of application of marker assisted selection – a review. *Animal Science Papers and Reports* 24 (1): 5-10.
7. Rothschild, M. F. (2003): Advances in pig genomics and functional gene discovery. *Comparative and Functional Genomics* 4: 266-270.
8. Rothschild, M. F., Z.-L. Hu, Z. Jiang (2007): Advances in QTL mapping in pigs. *International Journal of Biological Sciences* 3 (3): 192-197.
9. Rothschild, M. F., G. S. Plastow (1998): Current advances in pig genomics and industry applications. http://db.genome.iastate.edu/~max/Reviews/1998_review (pristupljeno 2007).
10. Spelman, R. J., H. Bovenhuis (1998): Moving from QTL experimental results to the utilization of QTL in breeding programmes. *Animal Genetics* 29: 77-84.

11. Švitoňski, M., A. Chmurzyńska, M. Maćkowski (2003): Searching for genes controlling fatness traits in pigs – a review. *Animal Science Papers and Reports* 21 (2): 73-86.
12. Tuggle, C. K., R. S. Prather, M. B. Soares, T. Casavant, D. Pomp, M. F. Rothschild, W. Beavis (2001): Gene discovery and functional genomics in the pig. NSIF Proceedings. www.animalgenome.org/pigs/maps/recent/Tuggle-2001.html (pristupljeno 2007).
13. <http://www.animalgenome.org/QTLdb/>

THE ROLE OF QUANTITATIVE TRAIT LOCI IN PIG SELECTION

Sažetak

Pig selection was based on phenotypic manifestation of features in animals and/or their relatives. Molecular and genetic methods for identification and improvement of breeding and selection features take place in intensive production during last decade. In that way, numerous scientific results were implemented in practice to improve production economy. These methods make it possible to identify desirable animals in the early age, even before these economically significant production features have become apparent. With tests for detection of gene code errors concerning specific hereditary diseases these individuals could be eliminated from further breeding. After the fifth release of Pig quantitative trait loci database (QTLdb) at the beginning of 2007, there were 1673 QTL for 281 different breeding traits. At the end of 2007 this number reaches 1809 QTL. The most of them (77%) are traits connected with meat quality, 15% are connected with production features, 4% with reproduction features, 3% of them are connected with exterior and 1% with animals' health.

Key words: pig selection, quantitative trait loci (QTL), production features

Primljeno: 25.02.2008.