

DOKTORI (PhD) ÉRTEKEZÉS TÉZISEI

TEMPFLI KÁROLY

**MOSONMAGYARÓVÁR
2014**

DOKTORI (PhD) ÉRTEKEZÉS TÉZISEI

**NYUGAT-MAGYARORSZÁGI EGYETEM
MEZŐGAZDASÁG- ÉS ÉLELMISZERTUDOMÁNYI KAR**

UJHELYI IMRE ÁLLATTUDOMÁNYI DOKTORI ISKOLA

**AZ ÁLLATI TERMÉK TERMELÉS NEMESÍTÉSI ÉS
TARTÁSTECHNOLÓGIAI VONATKOZÁSA PROGRAM**

**DOKTORI ISKOLAVEZETŐ
DR. SZABÓ FERENC**

**PROGRAMVEZETŐ
KOVÁCSNÉ DR. GAÁL KATALIN**

**TÉMAVEZETŐ
DR. BALI PAPP ÁGNES**

**NÉHÁNY ÉRTÉKMÉRŐ TULAJDONSÁGOT MEGHATÁROZÓ GÉN
SZEREPE ŐSHONOS, VALAMINT KERESZTEZETT SERTÉS ÉS TYÚK
FAJTÁKNÁL**

**KÉSZÍTETTE
TEMPFLI KÁROLY**

**MOSONMAGYARÓVÁR
2014**

1 BEVEZETÉS

A haszonállatfajok genomjának egyre kiterjedtebb ismerete folyamatosan bővülő információforrást biztosít a termeléssel, a származással és az egyes populációk összetételével kapcsolatos kutatásokhoz.

A fenotípus és a genotípus közötti kapcsolatok és összefüggések molekuláris genetikai vizsgálatának segítségével gyors, fokozott tenyésztési előrehaladás és jelentős gazdasági előnyök érhetők el; ennek köszönhetően az intenzív környezetben termelő fajták és hibridek tenyésztésében általánossá válik a genetikai markerekre alapozott szelekció. A genetikai vizsgálatok eredményei egyre növekvő szerepet játszanak a tenyésztérbecslési rendszerekben és az intenzív árutermelő állományok kialakítása során. A genotipizálás terén elért eddigi áttörések (HRM-high resolution melting, fluoreszcens próbák, nagy teljesítményű DNS microarray technológia, DNS-chipek fejlesztése, új generációs szekvenálási módszerek) előrevetítik a molekuláris genetikai információk szélesebb körben történő felhasználását, és egyértelműen a jövő legígéretesebb lehetőségeit rejtik az állattenyésztés számára.

Az intenzív fajták termelési színvonalának emelése mellett a genetikai markerek a hagyományos, extenzív fajták esetében szintén növekvő jelentőséggel bírnak, hiszen a hatékony génmegőrzés és a fajtafenntartás nélkülözhetetlen eszközeiként is megjelennek.

1.1 Célkitűzések

Célunk volt a takarmányfelvétel és a zsírsanyagcsere szabályozásában kulcsszerepet betöltő melanokortin-4 receptor (MC4R) és a zsírsejtek által termelt leptin (LEP) hormon génjében található polimorfizmusok genotipizálása fajtatiszta és duroc-kal keresztezett szőke mangalica sertésben. További célunk volt az egyes allélok gyakoriságának és eloszlásának vizsgálata, valamint a genotípus és termelési tulajdonságok (szalonnastagság, karajátmérő, súlygyarapodás, sonka és lapocka tömege, élőtömeg) közötti összefüggések értékelése.

Az őshonos sárga magyar tyúk mosonmagyaróvári nukleusz állományában célunk volt a tojástermelésben szerepet játszó prolaktin (*PRL*) és dopamin receptor D1 (*DRD1*), a növekedési erélyt potenciálisan befolyásoló *Spot14a* (pajzsmirigyhormonok által szabályzott transzkripciós faktor), inzulinszerű növekedési faktor 1 (*IGF1*), inzulinszerű növekedési faktor-kötő fehérje 2 (*IGFBP2*) és szomatosztatin (*SST*) génben megfigyelhető polimorfizmusok genotipizálása; az egyes genotípusok gyakoriságának felmérése; az állomány összetételének meghatározása, valamint a genotípusok és kiemelt jelentőségű termelési mutatók (tojástermelési hatékonyság, tojástömeg, testtömeg) közötti kapcsolat elemzése.

2 ANYAGOK ÉS MÓDSZEREK

2.1 Melanokortin-4 receptor (*MC4R*) és leptin (*LEP*) genotípus-vizsgálat keresztezett és fajtatiszta szőke mangalicában

A vizsgálatok során 60 szőke mangalica (♀)×duroc (♂) F₁ hízó koca és 10 szőke mangalica ártány G1426A *MC4R* és T3469C *LEP* genotípusát határoztuk meg, valamint termelési és vágóhídi adatait gyűjtöttük. További 10 szőke mangalica kan genotípusát azonosítottuk, de ezek esetében vágóhídi adatok nem álltak rendelkezésre.

A vágóhídi minősítést gyakorlott szakemberek végezték az aktuális hivatalos minősítési eljárás előírásait figyelembe véve (136/2011. (XII. 22.) VM rendelet, 2011). A testtömeg és a különböző húsrészek (jobb és bal sonka, valamint lapocka) mérését hitelesített mérleggel végeztük. A színreflexiók érték, a karaj- és szalonnavastagság megállapításához Fat-o-Meater szűrőszondát alkalmaztak. Az elemzésbe vont állatok az OLMOS és TÓTH Kft. nyíribronyi telepéről származtak, az egyedek vágási adatait pedig a Surjányhús Kft. törökszentmiklósi vágóhídján rögzítettük. A DNS-izolálás szőrtüszőkből, Wizard Genomic DNA Purification kit (Promega, USA) felhasználásával, a genotipizálás PCR-RFLP módszerrel történt.

2.2 Genotípus-vizsgálatok a sárga magyar tyúkoknál

A tojástermelés és a növekedés szabályozásában kulcsszerepet játszó hat génben a következő polimorfizmusok genotipizálását végeztük el: 24 bp-os inzerció a prolaktin (*PRL*) génben (436 egyednél), G123A egyponos nukleotid polimorfizmus (SNP) a dopamin receptor D1 (*DRD1*) génben

(436 egyed), A213C SNP a pajzsmirigyhormonok által szabályzott (*Spot14a*) génben (436 egyed), A570C SNP az inzulinszerű növekedési faktor 1 (*IGF1*) génben (110 egyed), G645T SNP az inzulinszerű növekedési faktor-kötő fehérje 2 (*IGFBP2*) génben (110 egyed), A370G SNP a szomatosztatin (*SST*) génben (110 egyed). A vizsgálatban szereplő állatokat a Nyugat-magyarországi Egyetem Mezőgazdaság- és Élelmiszertudományi Kar mosonmagyaróvári sárga magyar tyúk fajtafenntartó telepe biztosította. Az egyes genotípusok és a növekedési erély összefüggéseinek elemzéséhez a keltetés napjától a 14. hétig kéthetente végzett testtömeg-mérések eredményeit használtuk fel. További méréseket végeztünk a tojástermelés ellenőrzésének kezdetén (40 hetes kor) és végén is (45 hetes kor). Az állatok azonosítására a kelés után (naposcsibe korban) a szárnyon rögzített egyedi azonosítóról leolvasható négyjegyű számot használtuk. A tojástermelés és tojástömeg mérését a 40. és 45. hét között a telep dolgozói végezték csapófészkés tojásgyűjtés és mérleg segítségével. A tojástömeg tulajdonság alatt az ebben az időszakban gyűjtött tojások átlaga értendő. A tojástermelés hatékonyságát a következő módon határoztuk meg: $(\text{tojások száma} / \text{gyűjtési napok száma}) \times 100$. A vizsgálatokhoz szükséges DNS-t teljes vérből izoláltuk Wizard Genomic DNA Purification kit (Promega, USA) segítségével. A genotipizálás során PCR-RFLP módszert alkalmaztunk. A DNS-tisztítást és a genotipizálást az Állattudományi Intézet laboratóriumaiban végeztük.

A PCR-termékek és további potenciális polimorfizmusok azonosítása érdekében 4-4 egyed *PRL*, *DRD1*, *Spot14a*, *IGF1*, *IGFBP2* és *SST* génrészletét szekvenáltattuk. A szekvenálás 3730xl DNA Analyzer vagy PRISM 3100 Genetic Analyzer (Applied Biosystems, USA) segítségével történt.

2.3 Statisztikai értékelés

Az adatok gyűjtését és rendszerezését Excel (Microsoft, 2003, USA) táblázatkezelő szoftverrel végeztük.

Az adatok eloszlását SPSS for Windows v.16.0 (SPSS, USA) programban Kolgomorov–Smirnov normalitásvizsgálat segítségével, a genotípus és a fenotípus közötti összefüggéseket LSD (least significant difference) varianciaanalízis és Mann–Whitney tesztekkel elemeztük.

A HARDY–WEINBERG egyensúly (HWE) vizsgálata a megfigyelt és az elvárt genotípus-gyakoriságok chi-négyzet (χ^2) próbájával történt.

A *PRL*, *DRD1* és *Spot14a* genotípusok és a termelési tulajdonságok közötti összefüggések értékeléséhez a következő lineáris modellt (general linear model, GLM) használtuk:

$$Y = \mu + H + P + G_{PRL} + G_{DRD1} + G_{Spot14a} + e,$$

ahol: Y = a tulajdonságok (testtömeg, tojástömeg, tojástermelési hatékonyság) fenotípusos értékei, μ = az egyes tulajdonságok populációátlaga, H = a kelési nap hatása, P = a törzsólak hatása, G_{PRL} = a *PRL* genotípus hatása, G_{DRD1} = a *DRD1* genotípus hatása, $G_{Spot14a}$ = a *Spot14a* genotípus hatása, e = véletlenszerű, random hiba. A genotípusok közötti interakciót ($G_{PRL} \times G_{DRD1}$; $G_{PRL} \times G_{Spot14a}$; $G_{DRD1} \times G_{Spot14a}$) szintén vizsgáltuk, de nem figyeltünk meg szignifikáns ($P < 0,05$) összefüggéseket.

3 EREDMÉNYEK

3.1 Eredmények a keresztezett és a fajtatiszta szőke mangalica csoportban

3.1.1 *MC4R* genotípus

A vizsgált keresztezett és fajtatiszta mangalica csoportban is megtalálható a G1426A polimorfizmus. Három genotípust különítettünk el a mangalica×duroc állomány 60 egyedénél (*GG*, *AG* és *AA*), míg a 20 fajtatiszta mangalicánál csak két genotípus (*GG* és *AG*) fordult elő. Az emésztés során keletkezett fragmentumok: 156 és 70 bázispár (bp) *GG*, 226, 156 és 70 bp *AG*, valamint 226 bp hosszúságúak *AA* genotípus esetében. Az allél- és genotípus-gyakoriságok az **1. és 2. táblázatban** láthatók a két különböző csoport esetében.

1. táblázat. *MC4R* allél- és genotípus-gyakoriság (%) az F₁ csoportban, valamint a HARDY–WEINBERG egyensúly feltételeit vizsgáló chi-négyzet teszt eredménye (szabadságfok (df) = 2).

Allélgyakoriság	Genotípus-gyakoriság (n)*	χ^2	p
G = 73	<i>GG</i> (30) = 50 / 52,5	0,99	0,61
A = 27	<i>AG</i> (27) = 45 / 40		
	<i>AA</i> (3) = 5 / 7,5		

* A megfigyelt és a Hardy–Weinberg egyenlet alapján várható gyakoriságokat %-ban, elválasztójellel tüntettem fel

2. táblázat. *MC4R* allél- és genotípus-gyakoriság (%) a mangalica csoportban (10 ártány és 10 szőke mangalica kan).

Allélgyakoriság	Genotípus-gyakoriság (n)*	χ^2	p
G = 78	<i>GG</i> (11) = 55 / 60	1,69	0,37
A = 22	<i>AG</i> (9) = 45 / 35		
	<i>AA</i> (0) = 0 / 5		

* A megfigyelt és a Hardy–Weinberg egyenlet alapján várható gyakoriságokat %-ban, elválasztójellel tüntettem fel

Szignifikáns ($P < 0,05$) összefüggést figyeltünk meg a *MC4R* genotípus és mindkét szalonnastagság értékei között a keresztezett csoportban. Ezek az eredmények alátámasztják az *A* allél szerepét a zsírbeépítésre hajlamosabb fenotípus kialakításában. Szignifikáns ($P < 0,05$) összefüggés figyelhető meg a *MC4R* genotípus és a Fat-o-Meater színreflexiós értékek között. Nagyobb színreflexiós értékek (világosabb húsról utal) jellemzőek a homozigóta *A*, mint a heterozigóta vagy *GG* egyedekre (**3. táblázat**). A többi vizsgált tulajdonság esetében a csoportok közötti különbség nem volt statisztikailag igazolható. Az *A* allél pozitív hatása figyelhető meg a napi súlygyarapodás, a lapocka és a sonka tömegének alakulásánál is, de a különbségek nem szignifikáns ($P > 0,05$) mértékűek.

3. táblázat. A G1426A *MC4R* genotípus hatása a keresztezett (F_1) állományban.

Tulajdonságok	<i>MC4R</i> genotípus (n)		
	<i>GG</i> (30)	<i>AG</i> (27)	<i>AA</i> (3)
Szalonna 1 (mm)	41,4 ± 4,7^a	45,1 ± 3,8^b	47,0 ± 2,6^b
Szalonna 2 (mm)	38,0 ± 4,8^a	41,4 ± 5,6^b	47,7 ± 3,8^c
Napi súlygyarapodás (g)	701,7 ± 54,1	715,2 ± 60,7	753,3 ± 32,1
Élősúly (kg)	140,5 ± 6,93	140,0 ± 8,1	147,3 ± 4,6
Teljes életkor (nap)	239,4 ± 15,7	237,4 ± 13,1	238,3 ± 7,1
Jobb sonka (kg)	11,63 ± 0,77	11,60 ± 0,89	12,10 ± 0,81
Bal sonka (kg)	11,66 ± 0,74	11,60 ± 0,82	11,84 ± 0,60
Jobb lapocka (kg)	7,20 ± 0,40	7,10 ± 0,49	7,40 ± 0,75
Bal lapocka (kg)	7,16 ± 0,42	7,25 ± 0,54	7,49 ± 0,94
Karajszélesség (mm)	55,1 ± 5,2	53,6 ± 6,8	50,5 ± 12,0
Színreflexiós érték	34,7 ± 2,8^a	36,9 ± 5,0^b	42,3 ± 4,7^c
Érkezési súly (kg)	34,8 ± 5,8	35,7 ± 6,6	33,6 ± 3,7
Hizlalási idő (nap)	148,5 ± 7,6	146,7 ± 9,3	151,0 ± 0,0

^{a, b, c} Az azonos soron belül különböző betűkkel ellátott értékek között szignifikáns ($P < 0,05$) a különbség

3.1.2 *LEP* genotípus

Mindkét csoportban két genotípust (*TT* és *TC*) figyeltünk meg, ami a *C* allél kis gyakoriságára utal (**4. táblázat**). A restriktív emésztés (*Hinf*I) során keletkező fragmentumok a következők voltak: *TT* esetében 397 és 89 bp, *TC* esetében 397, 347, 89 és 50 bp.

4. táblázat. *LEP* allél- és genotípus-gyakoriság (%) az F_1 és a fajtatiszta csoportban.

Csoport (n)	Allélgyakoriság	Genotípus-gyakoriság
F_1 (60)	<i>T</i> = 93	<i>TT</i> = 87
	<i>C</i> = 7	<i>TC</i> = 13
		<i>CC</i> = 0
Mangalica (20)	<i>T</i> = 80	<i>TT</i> = 60
	<i>C</i> = 20	<i>TC</i> = 40
		<i>CC</i> = 0

A vizsgált állomány termelési adatait tekintve a *C* allél előnyös hatása állapítható meg. A keresztezett csoportban a *TC* genotípust szignifikánsan ($P < 0,05$) nagyobb napi tömeggyarapodás jellemezte: több mint napi 50 g-nyi különbség figyelhető meg a hizlalási időszakban a két genotípus között (**5. táblázat**). A napi súlygyarapodáson kívül a *LEP* genotípus nem volt statisztikailag igazolható hatással a további vizsgált tulajdonságokra (hátszalonna-vastagság, élőtömeg, sonka és lapocka tömege, színreflexió érték).

5. táblázat. A T3469C *LEP* genotípus hatása a keresztezett (F₁) állományban.

Tulajdonságok	<i>LEP</i> genotípus (n)	
	<i>TT</i> (52)	<i>TC</i> (8)
Szalonna 1 (mm)	43,2 ± 4,6	43,9 ± 5,2
Szalonna 2 (mm)	39,9 ± 5,8	40,4 ± 4,8
Napi súlygyarapodás (g)	703,3 ± 51,5^a	756,3 ± 71,7^b
Élősúly (kg)	140,62 ± 7,57	140,63 ± 7,11
Teljes életkor (nap)	239,4 ± 13,3	232,6 ± 18,5
Jobb sonka (kg)	11,65 ± 0,82	11,62 ± 0,93
Bal sonka (kg)	11,67 ± 0,75	11,43 ± 0,85
Jobb lapocka (kg)	7,19 ± 0,45	7,05 ± 0,53
Bal lapocka (kg)	7,24 ± 0,47	7,07 ± 0,65
Karajszélesség (mm)	54,9 ± 5,1	49,2 ± 11,1
Színreflexiós érték	36,3 ± 4,1	34,6 ± 6,0
Érkezési súly (kg)	35,6 ± 6,1	31,7 ± 5,1
Hizlalási idő (nap)	148,2 ± 7,5	144,6 ± 11,9

^{a, b} Az azonos soron belül különböző betűkkel ellátott értékek között szignifikáns (P<0,05) a különbség

3.2 Eredmények sárga magyar tyúknál

3.2.1 *PRL* genotípus

A *PRL* promoter régiójában elhelyezkedő 24 bp-os inzerció megtalálható a sárga magyar fajtában. A polimorfizmusnak két allélját különítettük el: *I* (inzerció, a 24 bp-os szakasz jelen van), valamint *D* (deléció, a szakasz nincs jelen). Mindhárom genotípus (*DD*, *ID*, *II*) előfordult a vizsgált állományban. Az allél- és genotípus-gyakoriságokat a **6. táblázatban** tüntettem fel. Az *II* egyedek fragmenthossza 201 bp, a *DD* egyedeké 177 bp volt. A heterozigóta (*ID*) állatokban mindkét fragment megjelenik. A chi-négyzet teszt eredménye szerint az állomány HWE-ban

van a *PRL* polimorfizmus eloszlását tekintve; nem állapítható meg szignifikáns ($P > 0,05$) különbség a tényleges és az elvárt genotípus-gyakoriságok arányában.

6. táblázat. A *PRL* polimorfizmus allél- és genotípus-gyakorisága (%), a HWE chi-négyzet teszt eredményei, polimorfizmus információ tartalom (PIC) és heterozigócia (He) a sárga magyar állományban.

Allél-gyakoriság	Genotípus gyakoriság ^a	χ^2	P-érték ^b	PIC	He
<i>I</i> = 53 <i>D</i> = 47	<i>DD</i> = 23 (22) <i>ID</i> = 48 (50) <i>II</i> = 29 (28)	0,511	0,47	0,37	0,50

^a Zárójelben a Hardy–Weinberg szabály szerint várható gyakoriság szerepel

^b A chi-négyzet teszt P-értéke. Szabadságfok (df) = 1

A *PRL* genotípus és a termelési tulajdonságok közötti összefüggések vizsgálata során a tojástermelési hatékonyság esetében állapítható meg szignifikáns ($P < 0,05$) kapcsolat (**7. táblázat**). A többi tulajdonság (testtömeg keléstől a 14. hétig, a 40. és 45. héten, tojástartomány a 40. és 45. hét között) esetében nem volt statisztikailag igazolható különbség.

7. táblázat. A *PRL* genotípus hatása a vizsgált tulajdonságokra (EMM \pm standard hiba).

Tulajdonságok	<i>PRL</i> genotípus (n)		
	<i>DD</i> (102)	<i>ID</i> (210)	<i>II</i> (124)
Testtömeg a 8. héten (g)	541,8 \pm 5,8	560,4 \pm 3,7	568,2 \pm 5,9
Testtömeg a 10. héten (g)	789,4 \pm 7,9	806,2 \pm 6,3	793,3 \pm 5,9
Testtömeg a 12. héten (g)	886,7 \pm 10,5	915,8 \pm 6,8	913,4 \pm 7,7
Testtömeg a 14. héten (g)	969,6 \pm 16,4	1003,4 \pm 12,7	1010,8 \pm 14,0
Testtömeg a 40. héten (g)	1757,1 \pm 18,4	1791,7 \pm 17,3	1772,7 \pm 16,6
Testtömeg a 45. héten (g)	1941,2 \pm 21,94	1961,7 \pm 15,39	1911,3 \pm 22,19
Tojástartomány (g)	54,85 \pm 0,47	52,83 \pm 0,49	53,78 \pm 0,35
Tojástermelési hatékonyság (db)	49,52 \pm 1,11^b	55,76 \pm 0,83^a	55,08 \pm 0,81^a

^{a, b} A különböző betűkkel ellátott értékek közötti különbség szignifikáns ($P < 0,05$)

3.2.2 *DRD1* genotípus

A sárga magyar tyúkokban a G123A *DRD1* polimorfizmus mindkét allélját és három genotípusát azonosítottuk. *GG* esetében 283 bp-os, *AG* esetén 111, 172, és 283 bp-os, míg *AA* genotípus esetén 111 és 172 bp-os fragmentek jöttek létre a *BsrSI* enzimmel való restrikciós emésztés során. A 436 genotipizált egyed alapján megállapított allél- és genotípus-gyakoriságok a **8. táblázatban** találhatóak. A populáció a HWE chi-négyzet teszt eredménye szerint egyensúlyban van a polimorfizmusra.

8. táblázat. A *DRD1* G123A allél- és genotípus-gyakorisága (%), a HWE chi-négyzet teszt eredményei, polimorfizmus információ tartalom (PIC), és heterozigócia (He) a sárga magyar állományban.

Allél-gyakoriság	Genotípus-gyakoriság ^a	χ^2	P-érték ^b	PIC	He
<i>G</i> = 58	<i>AA</i> = 15 (17)	3,001	0,08	0,37	0,49
<i>A</i> = 42	<i>AG</i> = 53 (49)				
	<i>GG</i> = 32 (34)				

^a Zárójelben a Hardy – Weinberg szabály szerint várható gyakoriság szerepel

^b A chi-négyzet teszt P-értéke. Szabadságfok (df) = 1

A *DRD1* genotípus és a termelési tulajdonságok összefüggésének elemzése során a tojástermelési hatékonyság és a 45 hetes testtömeg esetében állapítottunk meg szignifikáns ($P < 0,05$) hatást (**9. táblázat**). Az eredmények alapján sárga magyar fajtánál az *A* allél jelenléte előnyösebb mind a tojástermelés, mind a 45 hetes testtömeg tekintetében. A kedvező *A* allél-gyakorisága a legalacsonyabb (15%) az állományban.

9. táblázat. A *DRD1* genotípus hatása a vizsgált tulajdonságokra (EMM ± standard hiba) a sárga magyar állományban.

Tulajdonságok	<i>DRD1</i> genotípus (n)		
	AA (68)	AG (230)	GG (138)
Testtömeg a 8. héten (g)	559,6 ± 6,1	559,3 ± 3,2	556,0 ± 4,9
Testtömeg a 10. héten (g)	808,8 ± 9,9	799,1 ± 5,2	792,8 ± 5,6
Testtömeg a 12. héten (g)	902,1 ± 9,9	916,0 ± 7,9	898,5 ± 8,0
Testtömeg a 14. héten (g)	1006,9 ± 17,7	1001,3 ± 12,3	986,8 ± 13,9
Testtömeg a 40. héten (g)	1788,1 ± 21,8	1781,9 ± 16,1	1767,2 ± 17,2
Testtömeg a 45. héten (g)	1995,6 ± 26,5^a	1944,9 ± 14,5^{ab}	1913,0 ± 21,1^b
Tojástömeg (g)	52,81 ± 0,98	53,47 ± 0,29	54,11 ± 0,35
Tojástermelési hatékonyság (db)	59,92 ± 1,14^a	53,89 ± 0,72^b	51,61 ± 0,78^b

^{a, b} A különböző betűkkel ellátott értékek közötti különbség szignifikáns (P<0,05)

4.2.3 *Spot14a* genotípus

Az A213C *Spot14a* SNP két allélját és három genotípusát (AA, AC, CC) különítettük el a sárga magyar fajtában.

Az emésztéshez használt *BsaHI* enzim a C változat jelenléte esetén végzett hasítást a 419 bázispár hosszúságú PCR-termékben, aminek következtében egy 100 és egy 319 bp hosszúságú szakasz keletkezett. A homozigóta C genotípus esetén két fragment (100 és 319 bp), heterozigóta (AC) genotípus esetén három fragment (100, 319, és 419 bp), míg a homozigóta A genotípus esetén egy szakasz (419 bp) figyelhető meg az agaróz gélen végzett elektroforézis eredményeként. A három genotípus jelenléte és a heterozigóták magas aránya (**10. táblázat**) kedvező a genetikai sokféleség fenntartása szempontjából, és valószínűleg az alkalmazott génmegőrző tenyésztési módszernek köszönhető.

10. táblázat. A *Spot14a* A213C SNP allél- és genotípus-gyakorisága (%), a HWE chi-négyzet teszt eredményei, polimorfizmus információ tartalom (PIC), és heterozigócia (HE) a sárga magyar állományban.

Allél-gyakoriság	Genotípus gyakoriság ^a	χ^2	P-érték ^b	PIC	He
C = 62 A = 38	AA = 13 (15) AC = 51 (47) CC = 36 (38)	2,213	0,14	0,36	0,47

^a Zárójelben a Hardy – Weinberg szabály szerint várható gyakoriság szerepel

^b A chi-négyzet teszt p-értéke. Szabadságfok (df) = 1

Nem figyelhető meg szignifikáns ($P > 0,05$) különbség az egyes genotípus csoportok között a fiatal korban mért testtömeget (keléstől a 6. hétig) tekintve.

A 8. héten mért testtömeg esetében szignifikáns ($P < 0,05$) különbség jelentkezett a homozigóta A és a heterozigóta (AC), valamint homozigóta C egyedek testtömege között. A későbbi életkorokban (12, 14, 40 és 45 hetes) a genotípus csoportok testtömege között nagyobb a különbség. A 40 és 45 hetes korban mért testtömegek esetében a genotípusok között erősen szignifikáns ($P < 0,01$) különbséget állapítottunk meg (**11. táblázat**). Az eredmények alapján a növekedés szempontjából sárga magyar fajtánál az A allél tekinthető kívánatosnak, hiszen a homozigóta A és a heterozigóta egyedek teljesítménye is meghaladja a homozigóta C egyedekét.

A *Spot14a* genotípus tojástömegre gyakorolt hatásának elemzésekor szintén szignifikáns ($P < 0,05$) összefüggést állapítottunk meg: a homozigóta A egyedeknél figyelhető meg a legnagyobb tojástömeg.

11. táblázat. A *Spot14a* genotípus hatása a vizsgált tulajdonságokra (EMM \pm standard hiba).

Tulajdonságok	<i>Spot14a</i> genotípus (n)		
	AA (57)	AC (221)	CC (158)
Testtömeg a 8. héten (g)	588,1 \pm 7,9 ^a	555,1 \pm 3,3 ^b	552,0 \pm 4,2 ^b
Testtömeg a 10. héten (g)	825,2 \pm 9,3 ^a	799,2 \pm 5,4 ^b	788,2 \pm 6,5 ^b
Testtömeg a 12. héten (g)	972,1 \pm 11,8 ^a	912,3 \pm 7,2 ^b	879,7 \pm 6,9 ^c
Testtömeg a 14. héten (g)	1091,9 \pm 19,7 ^a	999,3 \pm 12,4 ^b	961,2 \pm 14,2 ^c
Testtömeg a 40. héten (g)	1899,1 \pm 23,8 ^A	1793,7 \pm 14,9 ^B	1712,9 \pm 18,4 ^C
Testtömeg a 45. héten (g)	2072,2 \pm 29,7 ^A	1949,8 \pm 15,9 ^B	1886,1 \pm 20,3 ^C
Tojástömeg (g)	56,98 \pm 0,97 ^a	52,68 \pm 0,35 ^b	53,59 \pm 0,36 ^b
Tojástermelési hatékonyság (db)	53,76 \pm 1,18	53,47 \pm 0,72	55,13 \pm 0,80

^{a, b, c} A különböző betűkkel ellátott értékek közötti különbség szignifikáns (P<0,05)

^{A, B, C} A különböző betűkkel ellátott értékek közötti különbség szignifikáns (P<0,01)

4.2.4 *IGF1*, *IGFBP2* és *SST* genotípus

Az A570C *IGF1*, a G645T *IGFBP2*, és az A370G *SST* polimorfizmusok esetében a genotipizálást 110 egyedben végeztük el, miután az *IGF1* lokuszon a C, az *IGFBP2* lokuszon a G, a *SST* lokuszon az A allél rögzültségét állapítottuk meg a sárga magyar állományban.

Az *IGF1* C allélt emésztés után egy 191 és egy 622 bp hosszúságú fragment alapján azonosítottuk. Szintén két fragment (117 és 198 bp) jelezte az *IGFBP2* G allélt, míg az *SST* A allélt a hasítatlan 330 bp-os fragment alapján állapítottuk meg.

4.2.5 A szekvenálás eredményei

A hat vizsgált gén PCR-termékeinek szekvenálásából származó adatokat BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) alkalmazás segítségével vetettük össze a rendelkezésre álló, más fajtákból származó szekvenciákkal. A vizsgált lokuszokon túlmenően a BLAST-keresés eredményeként számos további, más fajtában már leírt polimorfizmust azonosítottunk:

- négy SNP a *PRL* gén promoter régiójában, ezek közül három *T-C* tranzíció a 105. (a sárga magyar mintákban a *T* allél volt jelen), a 129. (*T* allél) és a 176. bp (*T* allél) pozíciónál, valamint egy *A-G* tranzíció a 151. bp-nál (*A* allél). A pozíciók helye a GenBank FJ434669 hozzáférési kóddal jelzett szekvenciában értendő
- egy szinonim (alanin/alanin) *T-C* tranzíció (*T* allél) a *DRD1* génben a 201. bp-nál (GenBank NM_001144848)
- egy szinonim (alanin/alanin) *G-A* tranzíció a 137. bp-nál (*G* allél) és egy 9 bp-os inzerció (255-263. bp között; deléció volt jelen a sárga magyar mintákban) a *Spot14a* génben (GenBank AY568628)
- egy nem-szinonim (arginin/lizin) *A-G* pontmutáció a *Spot14a* génben, a 166. bp-nál (GenBank AY568628)
- egy szinonim (prolin/prolin) *T-C* SNP a *SST* génben, az 1226. bp-nál (GenBank AY555066).

5 ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

1. Fajtatiszta szőke mangalica és keresztezett szőke mangalica×duroc (F_1) csoportokban meghatároztuk a G1426A melanokortin-4 receptor (*MC4R*) és T3469C leptin (*LEP*) genotípust. Mindkét polimorfizmus esetében két allélt különítettünk el. A fajtatiszta csoportban kettő, az F_1 csoportban három *MC4R* genotípus fordult elő. A *LEP* polimorfizmus esetében mindkét csoportban két genotípus (*TT*, *TC*) jelent meg, ami a *C* allél alacsony gyakoriságára utal.

2. Elemeztük a *MC4R* és *LEP* genotípus hatását a keresztezett állomány vágási és hízekonysági tulajdonságaira. Szignifikáns ($P < 0,05$) összefüggést figyeltünk meg a *MC4R* genotípus és a szalonnvastagság 1 és 2, valamint a hús színreflexiós indexe között. Az *A* allél szerepét a zsírosabb fenotípus és a világosabb (magasabb reflexiós indexű) hússzín kialakításában állapítottuk meg. A *LEP* polimorfizmus esetében a napi tömeggyarapodás és a genotípus között azonosítottunk szignifikáns ($P < 0,05$) kapcsolatot. A fajtatiszta és az F_1 csoport teljesítményének összevetésével a keresztezés előnyeit igazoltuk.

3. Az őshonos sárga magyar tyúk mosonmagyaróvári nukleusz állományában rögzített formában figyeltük meg az *IGF1 C*, az *IGFBP2 G*, és a *SST A* allélját. A *PRL*, *DRD1*, és *Spot14a* gének esetében három-három genotípus fordult elő. A tényleges és elvárt genotípus-gyakoriságok összevetése során nem találtunk szignifikáns ($P > 0,05$) eltérést a Hardy–Weinberg egyensúlytól, a populáció mindhárom polimorfizmust tekintve egyensúlyban van.

4. A *PRL* genotípus és a tojástermelési hatékonyság között szignifikáns ($P < 0,05$) összefüggést állapítottunk meg. A fajtában az *I* allél hatása kedvező a tulajdonság szempontjából.

5. A *DRDI* genotípus szignifikáns ($P < 0,05$) mértékben befolyásolta a tojástermelési hatékonyságot és a testtömeget 45 hetes korban. A tojástermelés és a testtömeg tekintetében is az *A* allél pozitív hatását figyeltük meg a populációban.

6. A *Spot14a* genotípus szignifikáns ($P < 0,05$) módon befolyásolta a tojástömeget és testtömeget a 8. héttől a 14. hétig. Idősebb korban (40 és 45 hetes) erősen szignifikáns ($P < 0,01$) különbség alakult ki a genotípusok között. A tojástömeg és a testtömeg alakulására egyaránt az *A* allél volt kedvező hatással.

7. A PCR-termékek szekvenciáinak más fajták adatbázisával való összevetése során két új polimorfizmust azonosítottunk a *Spot14a*, illetve az *SST* génben.

5 Tudományos közlemények, előadások jegyzéke

5.1 Lektorált folyóiratban, magyar nyelven megjelent tudományos közlemények

1. TEMPFLI K. – SIMON Zs. – SIMON Z. – BALI PAPP Á. (2013): A melanokortin-4 receptor és a leptin polimorfizmusának vizsgálata mangalica×duroc és mangalica sertésekben. Magyar Állatorvosok Lapja, 135(6). 339–344. (IF: 0,146*)
2. TEMPFLI K. – TÓTH P. – SIMON Z. – SZÜCS E. – BALI PAPP Á. (2012): A sertéshús telítetlen zsírsavtartalmának növelése és hatásai a zsírsanyagcsere genetikai szabályozására. Magyar Állatorvosok Lapja, 134(3). 150–156. (IF: 0,146)
3. TEMPFLI K. – GAJDÓCSI E. – BALI PAPP Á. (2010): A gének szerepe a sertéshús minőségének alakításában. Magyar Állatorvosok Lapja, 132(5). 259–264. (IF: 0,3)

5.2 Lektorált folyóiratban, idegen nyelven megjelent / lektorálás alatt álló tudományos közlemények

1. TEMPFLI, K. – KONRÁD, SZ. – KOVÁCSNÉ GAÁL, K. – PONGRÁCZ, L. – BALI PAPP, Á.: Prolactin, dopamine receptor D1 and Spot14a polymorphisms affect production traits of Hungarian Yellow hens. Livestock Science, lektorálás alatt
2. TEMPFLI, K. – FARKAS, G. – SIMON, Zs. – BALI PAPP, Á. (2011): Effects of prolactin receptor genotype on the litter size of Mangalica. Acta Veterinaria Hungarica, 59(2). 269–277. (IF: 0,673)

5.3 Tudományos konferencián tartott előadás magyar nyelven

1. TEMPFLI K. – KONRÁD SZ. – KOVÁCSNÉ GAÁL K. – BALI PAPP Á. (2012): Prolaktin polimorfizmus hatása a tojástermelési tulajdonságokra sárga magyar tyúkoknál. XXXIV Óvári Tudományos Nap, Mosonmagyaróvár, október 5. (előadás)

5.4 Tudományos konferencián tartott előadások idegen nyelven

1. TEMPFLI, K. – KONRÁD, SZ. – KOVÁCSNÉ GAÁL, K. – BALI PAPP, Á. (2012): PRLR and PRL polymorphism studies in Mangalica pig and Hungarian Yellow chicken. The Impact of Urbanization, Industrial, Agricultural and Forest Technologies on the Natural Environment – International Scientific Conference on Sustainable Development & Ecological Footprint, Sopron, március 27. p.1-6. (előadás)
2. TEMPFLI, K. – BALI PAPP, Á. (2011): Evaluation of the effects of prolactin receptor genotype on the litter size of Mangalica. Fatty Pig – Science and Utilization International Conference, Herceghalom, november 18. p.25. (előadás)

5.5 Tudományos konferenciák kiadványaiban megjelent összefoglalók

1. TEMPFLI, K. – BALI PAPP, Á. (2011): Polymorphism of prolactin receptor gene and effect on the litter size of native Hungarian pig breed. Plant & Animal Genome Conference XIX, San Diego, USA, január 14-19. p.237. (poszter)
2. TEMPFLI, K. – SIMON ZS. – BALI PAPP, Á. (2010): A prolaktin receptor gén alléljainak hatása a mangalica alomméretére. XXXIII Óvári Tudományos Nap, Mosonmagyaróvár, október 7. (poszter)
3. GAJDÓCSI, E. – PATAKI, R. – VARGA, E. – KISS, R. – TEMPFLI, K. – BALI PAPP, Á. (2008): The effect of the gene of prolactin receptor on Mangalica pigs' litter size. XXXII Óvári Tudományos Nap, Mosonmagyaróvár, október 9. (poszter)
4. GAJDÓCSI E. – PATAKI R. – TEMPFLI, K. – BALI PAPP, Á. (2008): A prolaktin receptor gén hatása a mangalicák alomméretére. I Gödöllői Állattenyésztési Tudományos Napok. Gödöllő, április 11-12. (poszter)

5.6 A disszertáció témakörén kívül, lektorált folyóiratban, magyar nyelven megjelent közlemények

1. SZABÓ F. – TEMPFLI K. – MÁRTON I. – MÁRTON J. – SZÜCS M. – KELLER K. (2013): A húsmarhatartás környezetének és genetikai alapjainak bio-ökonómiai értékelése. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 62(4). 398–410.
2. VARGA E. – EGRSZEGI I. – RÁTKY J. – KISS R. – TEMPFLI K. – BALI PAPP Á. (2009): A zona pellucidában vitrifikáció után bekövetkezett változások összehasonlítása *in vivo* és *in vitro* érlelt csupasz és kumulusz sejtés sertés petesejtéknél. *Acta Agronomica Óváriensis*, 51. 39–50.
3. VARGA E. – EGRSZEGI I. – RÁTKY J. – TEMPFLI K. – PATAKI R. – BALI PAPP Á. (2009): Mangalica petesejtek és embriók krioprezervációja. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 58. 159–172.
4. PATAKI R. – GAJDÓCSI E. – KISS R. – TEMPFLI K. – VARGA E. – KONRÁD SZ. – BALI PAPP Á. (2009): A prolaktin receptor gén alomszámra gyakorolt hatásának vizsgálata mangalica sertésekben. *Acta Agronomica Óváriensis*, 51. 73–82.
5. GAJDÓCSI E. – PATAKI R. – TEMPFLI K. – BALI PAPP Á. (2008): A prolaktin receptor gén hatása a mangalicák alomméretére. *Animal Welfare, Ethology and Housing Systems*, 4(2). 424–429.