

ÁLLATTENYÉSZTÉS és TAKARMÁNYOZÁS

2023. 72. 1

Alapítás éve: 1952

ÁLLATTENYÉSZTÉS – TARTÁS – TAKARMÁNYOZÁS



> Novel traits and breeding concerns in sheep, cattle and poultry

> Korszerű polimorfizmus vizsgálatok húshasznú galambokban

> Flow citometriás adatelemző szoftver alkalmazása

> Fermentált folyékony takarmányok szerepe a sertéshizlalásban

> Csökkentett nyersfehérjeszintű, probiotikummal kiegészített takarmányok etetése brojlercsirkével

TARTALOM - CONTENTS

<i>George Wanjala - Putri Kusuma Astuti - Zoltán Bagi - Péter Strausz - Szilvia Kusza: Livestock breeding for welfare, adaptation and sustainability: an overview of the novel traits and breeding concerns in sheep, dairy, beef and poultry (Állattenyésztés az állatjólét, az adaptáció és a fenntarthatóság érdekében: a juh-, a tejelő- és húsmarha, valamint a baromfi ágazat új jellemzőinek és tenyésztési vonatkozásainak áttekintése)</i>	<i>1</i>
<i>Kovács Barnabás Mihály - Nagy Szabolcs Tamás: Flow-CASA: motilitási paraméterek gyors, automatizált klaszteranalízise flow citometriás adatelemző szoftver alkalmazásával (Flow-CASA: fast, automated cluster analysis of motility parameters using a flow cytometric data analysis software).....</i>	<i>22</i>
<i>Strifler Patrik - Horváth Boglárka - Bencze-Nagy Jennifer - Such Nikoletta - Csitári Gábor - Dublicz Károly - Pál László: Csökkentett nyersfehérjesszintű, probiotikummal kiegészített takarmányok hatásai brojlercsirkék termelési eredményeire és bélegészségügyi jellemzőire (Effects of low protein diets and probiotic supplementation on the performance and gut health of broiler chickens)</i>	<i>29</i>
<i>Sipos Bórkka - Balog Katalin - Kusza Szilvia - Bagi Zoltán: Korszerű polimorfizmus vizsgálatok áttekintése a húshasznú galambok termelési mutatóinak vizsgálatára és értékelésére (Overview of modern polymorphism studies for the examination and evaluation of production indicators of squab pigeons)</i>	<i>48</i>
<i>Alpár Botond - Tóth Tamás - Varga László: Fermentált folyékony takarmányok előállítási technológiai és etetésük előnyei a sertéshizlalásban - Mini szemleciikk (Fermented liquid feeds: manufacturing technologies and benefits of use in pig fattening - Mini-review)</i>	<i>68</i>
2022-ben sikeresen megvédett MTA doktori értekezés összefoglalója - Summary of DSc dissertation in the year of 2022	86
2022-ben sikeresen megvédett PhD disszertációk összefoglalói - Summaries of PhD dissertations in the year of 2022	89

Címlap kép (Frontpage photograph)

Húsgalambok (Fotó: Dr. Bagi Zoltán)

Squab pigeons (Photo: Zoltán Bagi Dr.)

KORSZERŐ POLIMORFIZMUS VIZSGÁLATOK ÁTTEKINTÉSE A HÚSHASZNÚ GALAMBOK TERMELÉSI MUTATÓINAK VIZSGÁLATÁRA ÉS ÉRTÉKELÉSÉRE

SIPOS BÍBORKA – BALOG KATALIN – KUSZA SZILVIA - BAGI ZOLTÁN

ÖSSZEFOGLALÁS

A házigalamb egyik legfőbb hasznosítási iránya a hústermelés, amit a magas biológiai értékű húsa alapoz meg. A házigalamb ugyanakkor még mindig kevésbé vizsgált fajnak tekinthető, különösen a biotechnológiai kutatások körében, mely terület rohamosan fejlődik. Napjainkban a galambhús ismét népszerű és keresett exporttermék. A növekvő termelési és piaci verseny miatt pedig az ágazat sikere és jövője a genetikai és genomikai eszközökkel támogatott precíziós szelekciós programokon is múlik. A cikk a nemesítő munkában felhasználható azon génpolimorfizmus vizsgálatok legfontosabb elemeit foglalja össze, amelyek a galambhústermelési mutatókhoz köthetők. Az itt bemutatott polimorfizmusok felelősek a növekedési tulajdonságok, a zsírszövet és az izomszövet szabályozásáért. Minden áttekintett vizsgálatban figyelembe vették a hasított test értékét és a húsmínőséget, amelyeket az egyponyos nukleotid polimorfizmusokkal (SNP) összefüggésben értékelték. Az MC3R és MC4R gének polimorfizmusai korrelációt mutattak a haszongalambok növekedési hajlamával és súlygyarapodásával. Az eddig vizsgált gének többsége a zsírszövet szabályozásában vesz részt, mint például a FABP1 gén, mely az úgynevezett zsírsavkötő fehérjék működéséért felel. A KLF12 gén hiánya vagy alulműködése pedig fokozott elhízáshoz vezet. A DGAT géncsalád felelős a triacilglicerinnel szintéziséért, amely fontos szerepet játszik az intramuszkuláris zsírlerakódás szabályozásában. Az MSTN gén befolyásolja a miozintin működését, melynek hiánya vagy mutációja szokatlan túlzomltságot idéz elő. A miogenezist a miogén szabályozó faktorok (MRF) irányítják, amelyek felelősek a vázizomzat differenciálódásáért. Ritkán tanulmányozott, de fontos tényező a MYF5 gén, amely korrelál a hasított test izomzatával és növekedési jellemzőivel. Az adenil-szukcinát-liáz (ADSL) részt vesz az inozin-monofoszfát (IMP) szintézisében, és több tanulmány is kimutatta, hogy az IMP kulcsfontosságú tényező a hús ízének kialakulásában. A felsorolt génekben tehát potenciális markerjelöltek lehetnek a haszongalambok marker alapú szelekciójához. Jelen áttekintés segít képet alkotni a vizsgált génpolimorfizmusokról a hústermelés és a termékminőség összefüggésében. Ez lehetőséget ad a további kutatási irányok meghatározására és az különböző eredmények gyakorlati hasznosítására a szelekciós programokban.

SUMMARY

Sipos, B. – Balog, K. – Kusza, Sz. – Bagi, Z.: OVERVIEW OF MODERN POLYMORPHISM STUDIES FOR THE EXAMINATION AND EVALUATION OF PRODUCTION INDICATORS OF SQUAB PIGEONS

Pigeon is one of the oldest domesticated animal species used by mankind in many ways. One of the most important of these is its high biological value meat. Squab pigeon is still a rarely researched, especially among biotechnology research, which is evolving rapidly. Pigeon meat is once again becoming a popular and sought-after export product. Because of today's increasing production and market competition, the future of the industry depends on precision selection programs supported by genetic and genomic tools. In this review the most important elements of gene polymorphism studies are summarized that can be associated with pigeon meat production indices based on the literature. Polymorphisms presented here were responsible for the regulation of growth properties, fat tissue, and muscle tissue. In all reviewed studies, carcass value indicators and meat quality were taken into account, which were then associated with the results of the single-point nucleotide polymorphism (SNP) assay. Polymorphisms in the MC3R and MC4R genes were correlated with growth propensity and weight gain in squab pigeons. Most of the genes studied so far are involved in the regulation of fat tissue. FABP1 gene is responsible for the function of so-called fatty acid-binding proteins,

and the absence or underactivity of the KLF12 gene has resulted in increased obesity. The DGAT gene family is responsible for the synthesis of triacylglycerol, which plays an important role in the regulation of intramuscular fat deposition. MSTN gene affects the function of myostatin, the absence or mutation of which results in unusual and high levels of muscularity. Myogenesis are managed by myogenic regulatory factors (MRFs), which are responsible for skeletal muscle differentiation. A rarely studied but important factor is the MYF5 gene, which correlated with carcass muscularity and growth characteristics. Adenyl succinate lyase (ADSL) are implicated in the synthesis of inosine monophosphate (IMP). In recent decades, several studies have shown that IMP is a key factor in the taste of meat. These genes could be a potential candidate genetic marker for marker-assisted selection in squab pigeon. The review helps to form a picture of the gene polymorphisms studied in squab pigeons in the context of meat production and product quality. This provides an opportunity to identify the further research directions and to use the different results in practical selection programs.

BEVEZETÉS

A galambtenyésztés hosszú történelmi múltra tekint vissza, elég csak a hobbi célból tartott díszgalamb fajtákra, vagy a versenysportra nemesített postagalambokra gondolni. Az egyik legjelentősebb hasznosítási irány a hústermelésben való felhasználás, ami néhány évtizede még a magyar állattenyésztésnek is komoly exportvolumennel rendelkező ágazata volt. A galambhús-fogyasztás számos országban tradicionális értéknek tekinthető, népszerűségét pedig a galambhús könnyű előállíthatóságának és magas biológiai értékének köszönhetette. Magyarországon a társadalmi és kulturális átalakulások következtében ugyan háttérbe szorult a galambhús fogyasztása, de az utóbbi évek törekvéseinek köszönhetően a hazai gasztronómia újra felfedezte ezt az értékes alapanyagot, ami az ágazat újbóli fellendülését eredményezheti. Az európai országokat tekintve elsősorban Franciaországban, Nagy-Britanniában és Olaszországban mutatkozik újból nagyobb érdeklődés a galambhús termékekre. Legnagyobb mértékben azonban az USA-ban, a Közel-Keleten és Kínában bővül a piac, így az exportlehetőségek is perspektivikus jövőt vázolnak fel az ágazat számára.

Nem vitatott jelentősége ellenére a házigalamb (*Columba livia domestica*) mégis a kevésbé kutatott háziállatfajok körébe tartozik, ami különösen igaz a rohamosan fejlődő biotechnológiai és molekuláris genetikai, valamint genomikai területekre. Márpedig ezek rendkívül hasznos eszközöket biztosítanak az állattenyésztés korszerűsítéséhez és fejlesztéséhez. Napjainkban a termelési tulajdonságok kialakításában szerepet játszó gének és génváltozatok detektálása genetikai markerekkel azért fontos, mert ennek segítségével megvalósulhat a marker alapú szelekció (Marker Assisted Selection-MAS) (*Wakchaure és mtsai, 2015*), mely módszer potenciálisan növelheti a genetikai előrehaladás időegységre vonatkoztatott mértékét. A haszonállatok genetikai markerekre alapozott szelekciója egyre szélesebb körben terjed el, és bár baromfi fajok esetében már sikerrel alkalmazzák, de a házigalamb fajban mégis sok esetben hiányosan feltérképezett terület, és a gyakorlati alkalmazás bevezetéséhez még további alap kutatások szükségesek.

A hús minőségét egyszerre több tényező is befolyásolja, beleértve a zsírosodási hajlamot, az izomfejlődést, izomérzékenységet és a hús ízét. Ezeket számos élettani folyamat szabályozza egyszerre, ezért meghatározásuk nem könnyű feladat. A következőkben összefoglaljuk a házigalamb fajban eddig ismert, a hústermelés szempontjából jelentősebbnek tekinthető molekuláris genetikai ku-

tatásokat, ezen belül is a galambhús termelési mutatóival összefüggésbe hozható génpolimorfizmusokra vonatkozó eddigi eredményeket.

A GALAMBHÚS JELENTŐSÉGE ÉS FELHASZNÁLÁSA

Az emberi populáció növekedése következtében egyre nagyobb az igény az egyik legértékesebb élelmiszerforrásunk, az állati eredetű fehérjeforrások előállítására. Becslések szerint az egy főre eső húsfogyasztás a világon 2050-re a 2019-es érték 40 %-ával fog emelkedni (*de Souza-Vilela és mtsai*, 2019). Napjainkban a hús előállítását döntően néhány faj dominálja (pl.: házityúk, sertés, szavasmarha), ami ellátásbiztonsági és termék diverzifikáció szempontból sem ideális. Ezzel egyidőben számos új táplálkozási trend megjelenésének következtében az emberiség egyre nagyobb érdeklődést mutat a különleges minőségű, prémium hústermékekre, így ezek piacán jelentős bővülés várható (*Bagi és Kusza*, 2014). Egyre jelentősebb a speciális igényű és/vagy tudatos vásárlói réteg megjelenése is világszerte, akik például a klímaváltozás miatt a melegebb napokon is jólesően fogyasztják, könnyebben emészthető húsfajtákat szeretnének fogyasztani, vagy akik a húselőállítás ökológiai lábnyomát (például vízigény) vagy a termelés természetességét (GMO, hormonok, antibiotikumok mellőzése) veszik figyelembe. Ugyanígy, a társadalom egyre szélesebb rétegét érintik a különböző terápiás vagy diétás étrendek, de a megszokottól eltérő és/vagy magas minőséget kereső vásárlók tömege is folyamatosan nő (*Paládi-Kovács*, 1999; *Osman és mtsai*, 2014). Ezen igények kielégítésére a házigalamb hibridek is képesek lehetnek. A pecsenyegalamb ideális jelölt lehet továbbá a különleges minőségű termékek fejlesztésére is, mert húsanak magas a biológiai és élvezeti értéke.

A galambhús szerte a világban egyre népszerűbb a fogyasztók körében. Európában elsősorban Franciaországban (*Lengyel*, 2020), Nagy-Britanniában és Olaszországban, de már az USA-ban is vannak jó példák erre vonatkozóan (*Pomianowski és mtsai*, 2009). Dél-Kínában pedig házi galambokat nevelnek a szabadban, mely az ízletes és tápláló húsa miatt ritka ínycsengőnek számít. Ebben a régióban biztos kereslet van a jó minőségű galambhúsra, ezért az az élelmiszerpiacon is remekül megállja a helyét (*Dong és mtsai*, 2019). Említésre méltó még a Közel-Keleten hagyományokat őrző galambtenyésztés is (*Jilly*, 2015), de Bangladesben is például a viszonylag alacsony befektetések, kevesebb takarmány, illetve tartási költségek miatt, továbbá az egyszerű és gazdaságos tartási gyakorlatnak köszönhetően szintén rendkívül népszerű a galambtartás és galambhús fogyasztás (*Asaduzzaman és mtsai*, 2012).

Így tehát számos lehetőség nyílik napjainkban nem csak világviszonylatban, de Magyarországon is a pecsenyegalamb-ágazat differenciálására és új piacok meghódítására, még akkor is, ha Nyugat-Európában bizonyos szubkultúrákban erősödik a húsfogyasztás ellenes lobbis. Az Európán kívüli, fejlődő országok piacain tapasztalható a legnagyobb kereslet bővülés, így ezek az exportlehetőségek generálják a magyar húsgalamb ágazat dinamikus fejlődését napjainkban, melyre a kormányzati támogatási program is támogatást biztosít. A magyar ágazat korszerű genotípusú, modern tenyészállat szükségletét jelenleg kizárólag importból fedezik. Ez jelentős kitérítést és kiszolgáltatottságot jelent, amit, figyelembe véve a fejlesztési terveket, hosszú távon nem lehet fenntartani. Emiatt szükségszerű új, innovatív megközelítések és módszerek alkalmazása az ágazatban.

MOLEKULÁRIS GENETIKAI ESZKÖSZÖK ÉS MÓDSZEREK

A különböző gének polimorfizmusainak vizsgálata minden esetben a polimeráz láncreakció (Polymerase Chain Reaction - PCR) technológiáján alapszik, amely a molekuláris biológiai (genetikai) kutatások nélkülözhetetlen eszközévé vált. Segítségével lehetőségünk van a DNS szakaszok specifikus megsokszorosítására a további vizsgálatok érdekében. Napjainkban széleskörben alkalmazzák a biotechnológiai vizsgálatok területén, amelybe beletartoznak a korszerű állattenyésztési technológiák is. Általánosságban véve az összes PCR technika ugyanazon az elméleten alapul, melynek célja a mintából nyert DNS szál replikációja in vitro körülmények között. A polimerizációs folyamat speciális csövekben és adott hőmérsékleten megy végbe. A reakcióközegnek mindig tartalmaznia kell az általunk kinyert DNS mintát, valamint a mesterségesen szintetizált primereket, dezoxiribonukleozidokat (dATP, dGTP, dCTP, dTTP), a DNS polimeráz enzimet és az enzim optimális működését biztosító anyagokat ([http_1](http://1)). Különböző DNS markerek létrehozására többféle technika is alkalmazható, melynek egyike a polimeráz láncreakció -restrikciós fragmenthossz-polimorfizmus technika (PCR-RFLP), ahol általában DNS mintaként cDNS-t (komplementer DNS szál) vagy ritkábban genomi DNS-t használnak. A polimorfizmus alapja itt a DNS restrikciós endonukleázok segítségével történő emésztése, melynek eredményeként megfelelő hosszúságú DNS-fragmentumok keletkeznek. Az emésztést követően pedig, hogy ezek az objektumok láthatóvá váljanak, fluoreszcens jelöléssel ellátott oligonukleotid próbával hibridizáltatják őket (*Pedryc, 2008*). Egy másik lehetséges kombináció a PCR-egyszálú DNS konformáció polimorfizmus (PCR-SSCP), amely segítségével lehetséges még nem jellemzett pontmutációk jelenlétének a meghatározása. Ez a módszer a mutáció DNS régió belüli pontos helyének meghatározására nem alkalmas. Előnye azonban, hogy univerzális primerek segítségével hajtják végre a PCR, ami azt jelenti, hogy a primerek képesek más-más fajon belül ugyanahhoz a konzervatív szakaszhoz hibridizálni, a fajokat ezután pedig a DNS szakaszokon belüli szekvencia-eltérések alapján lehet majd azonosítani. A vizsgálatokban gyakran alkalmazott módszer még a kvantitatív real-time PCR (qPCR), ahol az mRNS-ről átíródott komplementer DNS-ről (cDNS) kapunk információt (*Csikós, 2015*). Ehhez RNS mintákra van szükség, melyeket mindig egy meghatározott szövetből izolálnak, ahol a keresendő gén expresszálódik. A hagyományos PCR technológiákon kívül itt lehetőség van a reakciófolyamat minden egyes ciklusa végén detektálni és mennyiségileg is meghatározni a keletkező PCR-termékeket (*Sambrook és Russel, 2001*). Egy másik hatékony módszer a KASP-PCR (Kompetitive Allele Specific PCR), amely egy homogén, fluoreszcencia alapú genotipizálási technológia, amely a kifejesztés után hamar globális szinten elterjedten alkalmazottá vált. Az említett technológia az allél-specifikus kiterjesztésen és a fluoreszcens rezonancia energiaátvitelen (FRET) alapul (*Kumpatla, 2012*). A multiplex módszerekkel szemben számos előnnyel rendelkezik, ugyanis kisebb átfutási idő, kisebb genotípus hiba arány, és nagyobb flexibilitás jellemzi (*He és mtsai, 2014*). Ezzel a technológiával nukleotid szinten megjelenő genetikai variációkat lehet azonosítani és mérni, azaz az SNP illetve InDel pozíciók is könnyedén kutathatók. Az így kapott eredmények új távlatokat nyitnak az SNP-markerekkel segített szelekciós technológia fejlesztéséhez bármilyen állatfajban (*Kusza és mtsai, 2018; Chang és mtsai, 2021; Lakhssassi és mtsai, 2021*).

A húsformákat, illetve az izomzat mennyiségét meghatározó kandidáns géneket és polimorfizmusokat jól lehet azonosítani ezen módszerek segítségével (Chang és mtsai, 2021). Az ilyen vizsgálatok elvégzésével javítható a vágási kihatatal, illetve az izomzat mennyiségét befolyásoló allélok azonosításával javulhat az előállított vágóállatok minősége is. A baromfiágazaton belül leginkább a házityúk számít alaposan kutatottnak, ugyanis ez a legátfogóbb genomikai eszköztárral rendelkező faj (Burt, 2005; Wright és mtsai, 2009; Sodhi és mtsai, 2013). A házityúk esetében elvégzett tanulmányokban például a növekedéssel és húsminőséggel kapcsolatos SNP-eket, illetve a génekre gyakorolt nemi hatások összefüggéseit is vizsgálták (Peng és mtsai, 2015), továbbá megállapították, hogy bizonyos SNP-nek a heterozigóta állapota nagyobb élősúlyt, hasított testtömeget, zsigerelt súlyt, illetve mellizom súlyt is eredményezhet (Wang és mtsai, 2014; Manjula és mtsai, 2018). A házigalambok esetében túlnyomó részben a versenyteljesítményekkel összefüggésbe hozható polimorfizmusokat vizsgálták korábban ilyen módszerekkel (Proskura és mtsai, 2014; Proskura és mtsai, 2015; Dybus és mtsai, 2018; Jędrzejczak-Silicka és mtsai, 2019; Chang és mtsai, 2021). Látható, hogy ugyan feltártak már több húsminőséggel összefüggésbe hozható SNP-t, a házigalamb fajban ezek alkalmazása még nem tudott jelentősebb mértékben elterjedni.

A HÚSMINŐSÉGET MEGHATÁROZÓ GÉNEK AZ EDDIGI VIZSGÁLATOK ALAPJÁN

A hús minősége az egyik legfontosabb befolyásoló tényezők egyike a fogyasztók vásárlási döntéseiben (Papanagiotou és mtsai, 2013). Az elmúlt évtizedekben a takarmányozás és tartástechnológia korszerűsítése/intenzitása az állattenyésztés gyors növekedéséhez vezetett, ami azonban a genetikai szelekció előtérbe kerülése ellenére sajnálatos módon sok esetben magával hozta a húsminőséggel kapcsolatos negatív tulajdonságokat (halvány (pale), puha (soft), vizenyős (exudatív) ún. PSE) (Berri és mtsai, 2001). Az ember életszínvonalának javulásával, a hús iránti igény ezért már nem csak a hús mennyiségi tulajdonságaira, hanem egyre inkább a hús minőségégi paramétereire koncentrált. A fenotípusos jellemzőket viszont minden esetben meghatározza az egyed genotípusos tulajdonsága, ezért lényeges ezeknek a feltárása és a különböző polimorfizmusok meghatározása (Shin és Chung, 2006). A hús minőségét és a hasított test tulajdonságait nagyon sok tényező befolyásolja egyszerre, beleértve ebbe a hús ízet, az izomérzékenységet, az intramuszkuláris zsír százalékot (IMF) és az izomfejlődést. Az utóbbi időben nagyobb figyelmet kapott tehát a hasított test összetételének vizsgálata és a hús minősége, ami különösen Kínában és sok dél-kelet ázsiai országban figyelhető meg (Chen és mtsai, 2008; Khan és mtsai, 2019).

A hús minőségégi paraméterei közé tartozik a hús színe, a pH-ja, a víztartóképesége, lédúsága, puhasága, ízminősége, állaga és zsireloszlása (Fletcher, 2002; Wang és mtsai, 2014). A hagyományos szelekciós módszerekkel azonban igen nehézkes javítani a húsminőségégi tulajdonságokon, mivel ennek vizsgálata és értékelése minden esetben az állatok levágását követeli, és jelentős költségekkel is jár (Davis és mtsai, 2008). Ezen kívül a húsminőségégi tulajdonságok figyelembevételével az apák kiválasztása utódvizsgálatokat is igényel, ami növeli a generációs intervallumot,

és csökkenti a genetikai előrehaladást, közben szintén költséges és időigényes feladat (Gill és mtsai, 2010; Magalhães és mtsai, 2019).

Figyelembe véve a húsminőségi tulajdonságok hagyományos módszerekkel történő szelekcióinak nehézségeit, a markerrel segített szelekció (Marker-Assisted Selection, MAS) alternatív megoldást nyújthat (Gao és mtsai, 2007; Otto és mtsai, 2007; Raza és mtsai, 2019). A MAS alapja az, hogy bizonyos molekuláris genetikai markereket, az úgynevezett SNP-eket (egyponos nukleotid polimorfizmusokat), használjuk fel egy vagy több fenotípusos tulajdonság azonosítására, amelyek az egész genomban megtalálhatóak, kiszűrhetők (Shin és Chung, 2006). A húsminőségi jellemzői gazdaságilag fontosak a hústípusú állatfajtáknál, és ezeket a jellemzőket gyakran komplexen, egyszerre több gén is befolyásolja (Gill és mtsai, 2010). A húsminőségi paraméterekkel történő összefüggésvizsgálatokkal pedig számos következtetést lehet levonni a haszongalambok csoportjában is, melyek meghatározására szükséges ismernünk a hasított test jellemzőit, illetve a vágás előtti élősúlyt (LW), a hasított testsúlyt (CW), a félig kiszigerelt súlyt (SEW), a kiszigerelt súlyt (EW), a mellizom súlyát (BMW) és a hasi zsírtömeget (AFW) (Yin és mtsai, 2016).

Növekedési és húsminőségi tulajdonságokat meghatározó gének

A melanokortin 3 receptor egy fehérjemolekula, melyet az MC3R gén kódol. Ezek a transzmembrán fehérjék úgynevezett G-protein-kapcsolt receptorok. Felületükhöz általában hormonok vagy neurotranszmitterek kötődnek stimuláló jelmolekulaként, melyek aktiválásával változás következik be a sejtben. Az MC3 receptorok G-proteinjeit az MSH (melanocita-stimuláló hormon) és az ACTH (adrenokortikotropin) hormonok stimulálják, amelyek az agyban expresszálódnak. Korábbi laboratóriumi kísérletek alapján azokban az egerekben, amelyekben ez a gén hiányzott, megnövekedett a zsírtömeg, csökkent a testtömeg, valamint csökkent a táplálékfelvétel is. Ebből pedig arra a következtetésre jutottak, hogy ennek a receptornak a működése nagy szerepet játszhat az energiaháztartás szabályozásában (http_2), hiánya pedig összefüggésbe hozható a fiatalkori növekedési ütem csökkenésével is (Lam és mtsai, 2021). A melanokortin receptorok közül az MC3 mellett, a melanokortin 4 receptor (MC4) is fontos szerepet tölt be a táplálkozási viselkedésben és az anyagcsere szabályozásában. Ezt a szintén G-protein receptort az MC4R gén kódolja, G-fehérjéihez pedig α -melanocita-stimuláló hormonok (α -MSH) kapcsolódnak (Magenis és mtsai, 1994).

A házizgalambok MC3R és MC4R génjeinek vizsgálata esetében is a baromfi fajokban végzett korábbi vizsgálatokból a legcélszerűbb kiindulni, hiszen az említett gének kódoló régiója 93%-os homológiát mutat a házi tyúk faj és a házi galamb faj között (Yan és mtsai, 2010). Korábbi vizsgálatokban az MC3R-A1424G polimorfizmus a vágás előtti súlyt, a vágási testtömeget és a láb izomtömegét befolyásolta a különböző házityúk hibridekben. Ezen kívül azonban a leginkább szignifikáns eredményt ($p < 0,05$) a mellkasi izomtömegekre gyakorolt hatása adta, G315T mutációja pedig összefüggést mutatott ($p < 0,05$) a 7 hetesen mért testtömeg és a hasított test tömege között, melyek szintén előnyös tulajdonságok bizonyulhatnak a húshibrid galambok esetében is (Su és mtsai, 2006). Az MC4R gén polimorfizmusai a házityúkon kívül a beagle kutyafajtában is hasonló eredmé-

nyeket mutattak, ahol azok szintén a testtömegnövekedéssel mutattak összefüggést (Zhang és mtsai, 2006).

Az MC3R és MC4R gének részleges kódoló szekvenciájában lévő SNP-k vizsgálatára egyszálú konformációs polimorfizmus módszert (PCR-SSCP) használtak (Li és mtsai, 2008). Az MC3R gén T91G SNP-jének BB genotípusú ($p < 0,05$), az MC4R gén A903G SNP-jében pedig az AA genotípusú ($p < 0,05$) egyedek voltak a legkedvezőbbek a testnövekedés és súlygyarapodás szempontjából. Az eredmények szerint viszont a két gén erős kölcsönhatásban is van egymással, ezért együttesen is befolyásolják a növekedési és a testösszetéti tulajdonságokat. Ennek mérése azonban nem csak az egyes gének hatásainak az összeadását jelenti, hanem az egyes genotípusok közötti összefüggéseket is figyelembe veszi, ezáltal pedig nem csak egyedileg vizsgálja a legkiválóbbnak tartott genotípusokat. A genotípusok kombinációja is szignifikánsnak ($p < 0,05$) mutatkozott a vizsgált haszongalambok testsúlyára nézve, mely esetben a BB/AA allélpárral rendelkező egyedek testtömeggyarapodása kedvezőbb volt, mint az AA/BB genotípusoké. Többszörös összehasonlítás eredményeként pedig ugyanez volt elmondható a hasított test tömegével kapcsolatban is, bár a testösszetétellel kapcsolatban nem találtak értékelhető összefüggést. A vizsgálat gyenge pontja, hogy csupán 50 egyedet vontak be. A kis elemszám miatt további vizsgálatok szükségesek az eredmények statisztikai alátámasztására, annak érdekében, hogy megalapozottabb képet kapjunk a testösszetéti indexek és a genotípusok kapcsolatáról. Mivel a vizsgálat nem tudott egyértelmű következtetéseket levonni ezen gének testtömegnövekedésre és testösszetételre gyakorolt hatásáról, ezért a továbbiakban a részletes és kiterjedt kutatások érdekében szükséges lehet nagyobb elemszámú, más testösszetétellel rendelkező és/vagy más fejlődési szakaszra is kiterjedő kísérleti csoportok összehasonlítása (Li és mtsai, 2008). Ez pedig lehetőséget nyújthat az egyértelmű genotípusok vagy genotípuskombinációk kiszűrésére, melyek a testtömeg és összetétel javítása érdekében alkalmazható genetikai markerként szolgálhatnának.

Az elmúlt évtizedekben számos tanulmány kimutatta, hogy az inozin-monofoszfát (IMP) a hús ízének egyik kulcsfontosságú összetevője (Kuchiba-Manabe és mtsai, 1991; Kawai és mtsai, 2002), az adenil-szukcinát-liáz (ADSL) pedig az a kulcsenzim, amely részt vesz az IMP szintézisében (Kmoch és mtsai, 2000). Az ADSL gén ennek értelmében tehát szintén egyike lehet azoknak a géneknek, amelyek azonosításával befolyásolhatjuk a hasított test tulajdonságait és a húsminőséget (Shu és mtsai, 2009; Ye és mtsai, 2010; Fang és mtsai, 2012). A házigalamb ADSL génjében lévő polimorfizmusokról, ennek hatásairól azonban szintén nem készült még kellő számú tanulmány a hús értékmérőire és minőségére vonatkozóan, ahogy ezt már a többi gén esetében is tapasztalhattuk (Mao és mtsai, 2018a). Mao és mtsai (2018a) összesen 200 galambból vettek mintát és vágtak le, majd ezt követően hét húsminőségi tulajdonságot és 11 hasított testi tulajdonságot mértek egyedenként. A DNS szekvenálását követően, az ADSL gén polimorfizmusai és a húsminőség, valamint a hasított test tulajdonságai közötti összefüggéseket elemezték. Az ADSL gén exonjaiban a szekvenálási eredmények alapján összesen 9 nukleotid mutációt találtak (C139T, C181T, T4926C, C5013T, T13010C, C13065G, C1420T, C6812T, G10696A, C139T, C181T). Az összes mutáció szinonim volt, kivéve a C13065G SNP-t, amely aminosav-változást okozott. Ezen túlmenően

az egy pontos nukleotid-polimorfizmusok (SNP) közül kettő mutatott szignifikáns összefüggést a hús minőségével és a hasított test tulajdonságaival. A 11. exonban található C13065G SNP esetében az AA és AB genotípusú galambok mellizmának IMP-tartalma magasabb volt, mint a BB genotípusban ($p < 0,01$). A 10. exonban található G10696A SNP összefüggésbe hozható a hasított test mutatóival, amelyben az AA és AB genotípusok nagyobb értékeket mutattak, mint a BB genotípus ($p < 0,01$). Az eredmények szerint tehát az ADSL gén szoros kapcsolatban áll a hús minőségével és a hasított test értékmutatóival a házigalambok esetében is. A G10696A és C13065G SNP-k pedig előnyös tulajdonságok genetikai markereként lehetnek alkalmazhatók a haszongalambok markerszelekciós tenyésztése esetén (Mao és mtsai, 2018a).

Zsírosodást befolyásoló gének

A zsírsavkötő fehérjék (FABP) a lipidkötő fehérjék tagjai, amelyek részt vesznek a metabolizmus és a lipidek intracelluláris transzportjában. A korábbi tanulmányok alapján a zsírsavkötő fehérjéket (FABP) szabályozó gének kulcsszerepet játszhatnak a hús minőségi jellemzőinek kialakulásában (Kozioł és mtsai, 2018). A FABP egy alacsony molekulatömegű fehérjecsalád, amely kölcsönhatásba lép zsírsavakkal (Ockner és mtsai, 1972), melyekhez hozzátartozik egy hidrofób ligandumkötő fehérje szupergén család is (Zimmerman és Veerkamp, 2002; Wang és mtsai, 2006a). A mai napig tizenkét típusú FABP fehérjét írtak le, amelyek közül tíz kizárólag emlős fajokban fordul elő (Liu és mtsai, 2008). Érdekes, hogy mindegyik FABP család fehérjéje nagy homológiát mutat, hasonló molekulaszervezettel és molekulatömeggel (Zimmerman és Veerkamp, 2002; Storch és Corsico, 2008). Legfőbb tulajdonságuk, hogy részt vesznek a vízben oldhatatlan zsírsavak és egyéb hidrofób ligandumok szállításában a mitokondriumon belül (Niewold és mtsai, 2004; Tyra és mtsai, 2011). Ezen kívül a FABP-k szabályozhatják az enzimek és a géntranszkripció aktivitását, és megvédhetik az enzimeket a detergenstől, például a szabad zsírsavak hatásától, amelyek jelátviteli funkcióval rendelkeznek (Zimmerman és Veerkamp, 2002; Wang és mtsai, 2006a).

A fehérjecsalád működésében részvevő gének közül a FABP1, más néven L-FABP, főleg a májban expresszálódik. Ezt a gént már több állatfajban is vizsgálták a hús minőségével összefüggésben, különösen a zsírosodási tulajdonságok meghatározásában betöltött lehetséges szerepe miatt (Wang, és mtsai, 2006a; Zhang és mtsai, 2013; Zhao és mtsai, 2013). Brojler csirkékben végzett vizsgálatokból megállapítható volt, hogy a FABP1 gén polimorfizmusai összefüggnek a hústípusú házi tyúk hasi súlyával és a hasi hányad zsírszázalékával, ami azt jelenti, hogy a FABP1 gén bizonyos lokusza befolyásolta a csirkék zsírosodási jellemzőit (Wang és mtsai, 2006b; Zhao és mtsai, 2013). Egy másik tanulmány pedig bizonyította, hogy a FABP1 gén T1740C polimorfizmusa jelentős hatással volt a márványozottságra és az intramuszkuláris zsirtartalomra a sertések esetében (Zhang, és mtsai, 2013). Sőt, a FABP1 is szerepet játszik a zsírsavak szintézisében és lebontásában és azok intracelluláris mozgásának elősegítésében (Newberry és mtsai, 2012), valamint a májsejtek szabad zsírsavak (free fatty acids, FFA) felvételében és lipidmetabolizmusában (Gao és mtsai, 2010).

A kínai taishen king galambokban végzett temporális-térbeli expressziós min-

tázatok azt mutatták, hogy a FABP1 tizenegy vizsgált szövetben széles körben expresszáldott, beleértve a szívet, májat, lépet, tüdőt, vesét, lábizomzatot, mellizmot, zúzát, gyomrot, vékonybelet és a bőr alatti zsírszövetet. Hetente 10 tojó galambot vizsgáltak kikeléstől 4 hetes korokig, azzal a céllal, hogy megállapítsák a FABP1 időbeli-térbeli expressziós profilját. Ezenkívül további 468 (hím:tojó=1:1) négy hetes galambot is vizsgálat alá vontak egy kereskedelmi galambfarmról. Nyilvánvalóan az összes szövet közül a májban voltak a legmagasabb expressziós szintek mérhetőek, hiszen ez a fehérjecsálád fő szintetizálási helye. Egy hetes kor után azonban ugyanezek a tendenciák voltak még megfigyelhetők a vékonybélben és a bőr alatti zsírszövetben is. A kifejeződés szintje a kikeléstől számítva folyamatosan csökkent a vesében, két-négy hetes kor között pedig már kifejezetten alacsony szintet mutatott. 0 és 4 hetes kor között a májban volt a legmagasabb expressziós szint, ezt követte a vékonybél és a bőr alatti zsírszövetek. A vizsgálatban öt új SNP-t találtak, amelyek kapcsolatban álltak egymással és Hardy-Weinberg egyensúlyban voltak. Három különböző genotípust (AA, AB és BB) mutattak ki négy SNP-ben (G161C, T1298C, C1376T és T1388C), az ötödik SNP-ben (C3389T) viszont csak két genotípust (AA és AB) írtak le. Az összes kimutatott mutáció szinonim volt, mivel nem okoztak aminosav változást. A T1298C és C3389T számú SNP-k esetében az AA genotípusnak volt a legnagyobb a gyakorisága, és az A allélja magas frekvenciát mutatott, míg a G161C, C1376T és T1388C számú SNP-k esetében, a BB genotípus volt a domináns, és B allélja mutatott nagyobb gyakoriságot. Az asszociációs elemzés kimutatta, hogy a G161C SNP esetében az AB és BB genotípusok mellizom szövetében magasabb ($p \leq 0,01$) volt az inozinsav-koncentráció, mint az AA genotípusban. A három genotípus közül, a legnagyobb intramuszkuláris zsírszázalékot a BB genotípus mutatta ($p < 0,01$), valamint a BB genotípus mellizomzatában szignifikánsan nagyobb FABP1 mRNS szintet figyeltek meg, mint az AA és AB genotípus esetében ($p < 0,01$). A SNP C1376T-t tekintve az AB és BB genotípusban volt a legmagasabb ($p < 0,01$) az intramuszkuláris zsír a mellizomban, ellentétben az AA genotípussal. Az mRNS expressziós szintjére ugyanez volt igaz. A korrelációs analízis egyértelműen arra utalt, hogy a FABP1 mRNS expressziós szintje szorosan összefügg az inozinsavval ($p < 0,05$) és az intramuszkuláris zsírtartalommal ($p < 0,01$). A szignifikánsan pozitív eredmények összefüggést mutattak tehát a FABP1 mRNS expressziós szintje és a házigalamb faj mellizomzatában található inozinsav mennyisége, valamint intramuszkuláris zsírtartalma között. Ez a pozitív összefüggés jól szemlélteti, hogy a FABP1 fontos szerepet játszik a galambok lipid anyagcseréjében és befolyásolja a haszongalambok húsmínőségét. Mivel a magasabb inozinsav és az intramuszkuláris zsírtartalom kiválasztása komoly gondot jelent a jó minőségű, húshasznosítású tenyészállatok szelekciós programjaiban, különösen a Kínában tenyésztett házigalamboknál. Ezek az eredmények viszont komoly hasznosítási potenciállal rendelkeznek (Mao és mtsai, 2018b; Dong és mtsai, 2019), mivel a FABP1 potenciális jelölt gén lehet a marker-asszisztált szelekcióban a húshasznú galambok tenyésztése esetében is, a jobb minőségű hústermékek előállítására érdekében (Mao és mtsai, 2020).

A diacilglicerinnel acil-transzferáz (DGAT) egy olyan enzim, amely katalizálja a trigliceridek bioszintézisét, ami elengedhetetlen a zsírszövet kialakulásához és a zsír lerakódásához szempontjából. Ezt az aciltranszferáz enzimét a DGAT1 és a DGAT2 gének kódolják (Cases és mtsai, 1998), mely utóbbi exonjaiban sikerült SNP-eket

azonosítani, majd elemezni DNS szekvenálási módszerekkel, ezt követően pedig az eredményeket összevetni a hasított test és a húsminőségi tulajdonságokkal. Összesen 5 nukleotid mutációt észleltek a gén 3., 4., 5. és 6. exonjában. Az elemzés három genotípust (AA, AB és BB) tárt fel a G18398T és G22484C SNP-k esetében, amelyekben egyaránt az AA genotípus (0,36 és 0,86) és az A allél (0,525 és 0,895) volt a legmagasabb gyakorisággal jelen. A gén 3. exonjában található G18398T SNP-ben a BB genotípusú egyedek szignifikánsan jobb húsminőséget és alacsonyabb hasi zsírtartalmat mutattak, mint az AA vagy AB genotípusok. A 6-os exonban található G22484C SNP AA genotípusához kapcsolódtak a magasabb súly és % értékek a hasított test jellemzése során, míg a BB genotípusú egyedeket a húsminőségre vonatkozó paraméterek tekintetében jellemezték sokkal jobb értékek az AA és AB genotípusokhoz képest. Ennek következtében levonható a következtetés, hogy a G18398T és G22484C SNP-k szintén felhasználhatók genetikai markerekként a genomszelekciós tenyésztések során (Mao és mtsai, 2018b).

A Krüppel-szerű transzkripció faktorok (KLF-ek) családján belül 17 különféle KLF-et azonosítottak (KLF1–KLF17) (Pearson és mtsai, 2008). Ezek a génexpressziót befolyásoló fehérjék részt vesznek a sejtfolymatok jelentős részében, mint például a glükoneogenezisben és a szív működésben (Shindo és mtsai, 2002; Fisch és mtsai, 2007). A KLF15 volt az, amelyről először megállapították, hogy részt vesz az adipogenezisben és a glükóz homeosztázisban (Uchida és mtsai, 2000; Gray és mtsai, 2007). A KLF15 expresszióját számos szövetben kimutatták beleértve a májat, a szívet, a vesét, a zsírt és a vázizmokat (Gray és mtsai, 2002). Kísérleti egerek esetében a KLF15 hiánya abnormalis lipid- és energiaáramláshoz vezetett az izomszövetekben. Érdekesség még, hogy a KLF15 szintje mind az emberekben, mind az egerekben két-háromszorosára is nőhet erőteljesebb testmozgás hatására, ezt követően pedig szabályozza az izomszövet zsírégető és erőtermelési képességét. A gén működésének hiánya továbbá megakadályozza a hatékony zsírégetést, és az aerob folyamatok fennmaradását, ez pedig a zsírszövet felhalmozódást és elhízást eredményez (Halder és mtsai, 2012). Házityúkokban végzett kutatások kimutatták, hogy ez a gén befolyásolhatja a tyúkok növekedési és hasított test tulajdonságait, bár ez esetben lényegesen kevesebb információ áll rendelkezésünkre (Lyu és mtsai, 2014), ugyanígy a házigalamboknál is, ahol a KLF15 gén működési funkciója még nem meghatározott teljesen (Yin és mtsai, 2016).

Izomfejlődést befolyásoló gének

Az izomrostok képződését az úgynevezett miogén szabályozó faktorok (MRF) befolyásolják. Ezek olyan fehérjék, amelyek kulcsszerepet játszanak az izomdifferenciálódás vagy miogenezis szabályozásában, különösen a vázizomzat fejlődésében (Sabourin és Rudnicki, 2000). Az MRF család tagjai 4 izomspecifikus, transzkripció faktorok kódolnak, amelyek a miogenin (MYOG) és még további három faktor (MYOD1, MYF5, MYF6) (Naidu és mtsai, 1995). Ezeket a géneket a miogenezisben betöltött jelentős szerepük miatt fontos markereknek tekintik a húsminőség megállapítása szempontjából (Robakowska-Hyżorek és mtsai, 2010).

A MYF5 az emlősök fejlődése során fejeződik ki a leginkább és nagyon fontos szerepet tölt be az izomcsoportok elkülönülése és kialakulásuk során (Ott és mtsai, 1991). A MYF5 kifejeződése továbbá elősegíti sejtszaporodást és növeli

mononukleáris mioblasztok számát (Verner és mtsai, 2007; Liu és mtsai, 2012; Biressi és mtsai, 2013). A MYF5 függetlenül képes elindítani a miogén programot, és így meghatározó génként működhet (Haldar és mtsai, 2008). A MYF5 genetikai változatai szorosan összefüggenek az izomképződéssel, a hústermelő haszonállatok esetében pedig a kapcsolódó tulajdonságokkal, végső soron pedig a növekedést befolyásolják döntően (Singh és Dilworth, 2013). Leggyakrabban a MYOD és MYOG génekre összpontosítottak az eddigi tanulmányokban, melynek oka, hogy az MYF5 gén igen széleskörű szabályozó funkcióval rendelkezik, ami megnehezíti tanulmányozását, ezért sokkal kevesebb figyelmet kapott eddig, különösen a galamboknál.

Yin és mtsai (2016) vizsgálatában a szekvenálási eredmények alapján összesen 11 nukleotidmutációt találtak. A MYF5 génben eddig 5 mutációt azonosítottak (T5067A, C5084T, C5101T, T5127A és C5154G), melyek mindegyike a 3. exonban volt megtalálható. A KLF15 génben a maradék hat mutáció mindegyike a 2. exonban volt megfigyelhető (C1398T, C1464T, G1542A, C1929T, G1965A és A2355G). A KLF15 fehérje mindegyik nukleotidmutációja szinonim volt. A MYF5 és KLF15 génekben három genotípust mutattak ki (AA, AB és BB). E három genotípus közül az AA genotípus volt a leggyakoribb, míg az AB és BB genotípus gyakorisága viszonylag alacsony volt. Az eredmények szerint az A allél volt ezek közül a dominánsabb. A MYF5 gén esetében a C5084T és a T5127A SNP genotípusai szignifikáns összefüggést mutattak a galambok hasított test tulajdonságaival (hasított testsúly, félig kizsigerelt súly, kizsigerelt súly, mellizom súlya, hasi zsír súlya, vágási kihozatal, félig kizsigerelt vágás aránya, kizsigerelt vágás aránya, mellizom aránya, hasi zsír aránya). A két lókuszon belül pedig a BB genotípus viszonylag magasabb asszociációs értékeket mutatott, mint az AA vagy AB genotípusúaké. A KLF15 SNP-jének genotípusai és a hasított test paraméterei között azonban nem figyeltek meg szignifikáns összefüggést. Látható tehát, hogy a MYF5 gén a jövőben is potenciálisan vizsgált gén lehet, amely befolyásolja a hasított test tulajdonságait a háziállatokban és bizonyítottan a haszongalambokban is. Utóbbiak esetében a C5084T és T5127A SNP-k BB genotípusa szelekciós genetikai marker lehet a húshasznú galambok tenyésztése során.

A miosztatint az izomnövekedés egyik legerősebb negatív szabályozójának tartják. A funkcionális miosztatin (MSTN) hiánya vagy mutációja szokatlan izomzatot, például „kettős izomzatot” eredményezhet, mint ahogy a belga kék szarvasmarhák esetében is. Az MSTN variabilitásáról szóló legújabb tanulmányok azt mutatják, hogy összefüggésbe hozható a kutyák és a versenylovak teljesítményével is (Mosher és mtsai, 2007; Giri és mtsai, 2022). Az MSTN gén néhány vizsgált polimorfizmusa, mint például annak 11 bp-os deléciója (nt821(del11)), vagy a mutáns izomhipertrofia allélja szarvasmarhában (Bellinge és mtsai, 2005), illetve az 1-es intronjában leírt B allélja a juhokban (Hickford és mtsai, 2010), pedig összefüggésbe hozható a növekedéssel, az izomtömeggel és a hasított test jellemzőivel (Dall'Olio és mtsai, 2010). A miosztatint hatásmechanizmusával kapcsolatos kutatások kimutatták, hogy a miosztatint kritikus mértékben befolyásolja az állóképességi tulajdonságok kialakulását, különösen annak inaktíválódása vagy csökkent expressziós szintje esetén. Figyelembe véve az MSTN magas szintű homológiáját a gerincesek között, okkal feltételezhető, hogy ugyanez a korreláció fordul elő verseny- és haszongalambokban egyaránt. Az MSTN gén polimorfizmusának vizsgálata, amely az állóké-

pességi tulajdonságok potenciális markerének tekinthető, meghatározó vizsgálati terület lehet a haszongalamb-tenyésztés szempontjából (*Dybus és mtsai*, 2013).

Dybus és mtsai (2013) összesen 376 házigalambot genotipizáltak PCR-RFLP módszerrel, ahol a genotípus-gyakoriság ($p < 0,01$) és az allélgyakoriság ($p < 0,01$) közötti különbségeket vizsgálták meg különböző csoportok között. A vizsgálatba vett csoportokat, 144 versenyalamb (Natural Antwerpen tenyésztőállomás-Belgium), 117 röp- és díszgalamb (helyi tenyésztőktől) és 115 húshasznú galamb alkotta. Az MSTN T allél gyakorisága valamennyi vizsgált egyedben igen alacsony volt (0,149), de fontos, hogy a haszongalambok csoportjában ez a ritka génváltozat jóval gyakoribb volt (0,291), amelyeket bőséges izomtömeg és magasabb testtömeg-izomtömeg arány jellemzett, mint a másik két fajtacsoport esetében ($p < 0,001$). Statisztikailag szignifikáns különbség a genotípus- és allélgyakoriságban volt megfigyelhető a csoportok között. Az MSTN/Btgl polimorfizmus alapján 3 genotípust figyeltek meg (TT, CC és CT). Az elemzett SNP molekuláris alapja egy C→T allélok közötti átmenet, mely az MSTN gén 3. exonjában található a 287. kodonban (ACC - ACT), ami a treonin nevű aminosavat kódolja. A legmagasabb allélfrekvenciát (T allél: 0,464) a strasser fajtában észlelték, ahol az egyedek több, mint 50%-a heterozigóta volt. Ez nem meglepő, hiszen ez esetben egy igen jellemző, nagytestű húshasznosításra is tartott fajtáról beszélünk. Természetesen hasonló tendencia volt megfigyelhető a legnépesebb házigalamb csoportnál, a haszongalamboknál is, ahol az egyedek 47,4%-a mutatott heterozigotizást (*Dybus és mtsai*, 2013).

Az MSTN génexpresszió szabályozásának és ezáltal a miosztatin hatásmechanizmusának megismerése új, és izgalmas utakat nyithat meg számunkra. A haszongalambtenyésztésben legfőképpen a nevelési, testtömeggyarapodási és húsminőségi tulajdonságokkal kapcsolatban lenne nagy jelentősége a marker alapú tenyésztésnek, ezen kívül pedig az új galambfajták kialakítása során vagy a meglévő fajták/hibridek feljavításához is nagyban hozzájárulna a különböző polimorfizmusok pontos ismerete és célzott szelekciója. Ez nem csupán a húshasznú galambok genetikai előrehaladását biztosítaná, de egy igen drága és világszinten is népszerű sport, a postagalambászat területén is kamatoztatható lenne a jobb versenyeredmények érdekében (*Jerolmack*, 2007). A galambtenyésztés növekvő pénzügyi értéke pedig már önmagában egy erős indok világszerte, hogy a kutatók nagyobb figyelmet fordítsanak erre a háziállat fajra is. Az MSTN gén polimorfizmusa pedig az egyik legígéretesebb marker, mind a haszongalambok, mind a postagalambok genomszelekciós tenyésztése területén (*Dybus és mtsai*, 2013).

Az 1. táblázatban röviden összegeztük a húsminőséggel összefüggő egypontos nukleotid polimorfizmusokat, illetve azok hatásait a házi galamb fajban.

1. táblázat

Húsminőséggel összefüggő SNP-k és hatásuk áttekintése házigalambban

Gének (1)	SNP-k (2)	Szignifikáns hatások (3)	Genotípusok (4)	Referencia (5)
FABP1	G161C, T1298C, C1376T, T1388C	Az AA, AB és BB genotípusok megfelelnek a GG, CT és CC genotípusoknak. A G161C SNP esetében az AB és BB genotípusú galambok mellizom-szövetében nagyobb volt az inozinsav-koncentráció, mint az AA genotípusban. A három genotípus közül, a legnagyobb intramuszkuláris zsírszázalékot a BB genotípus mutatta. A BB genotípus mellizomzatában szignifikánsan nagyobb FABP1 mRNS szintet figyeltek meg, mint az AA és AB genotípus esetében. Az SNP C1376T-t tekintve az AB és BB genotípusban volt a legnagyobb az intramuszkuláris zsír a mellizomban, ellentétben az AA genotípussal. (6)	AA, AB, BB	(Mao és mtsai, 2020)
	C3389T		AA, AB	
MC3R, MC4R	T91G	Az MC3R gén T91G SNP-jének BB genotípusú, az MC4R gén A903G SNP-jében pedig az AA genotípusú egyedek voltak a legkedvezőbbek a testnövekedés és súlygyarapodás szempontjából. A kombinált genotípus-elemzés alapján pedig BBAA allélpárral rendelkező egyedek testtömeggyarapodása kedvezőbb volt, mint az AABB genotípusoké. (7)	BB	(Li és mtsai, 2008)
	A903G		AA	
MSTN	MSTN/Btgl	A T allél gyakorisága valamennyi vizsgált galambban alacsony volt (0,149), de a haszongalambok csoportjában jóval gyakoribb volt (0,291), mint a másik két csoportban ($p < 0,01$). (8)	TT, CT, CC	(Dybus és mtsai, 2013)
MYF5	T5067A, C5084T, C5101T, T5127A, C5154G	A MYF5 gén esetében a C5084T és a T5127A SNP genotípusai szignifikáns összefüggést mutatnak a galambok hasított test tulajdonságaival. A két SNP-n belül pedig a BB genotípus viszonylag magasabb asszociációs értékeket mutatott, mint az AA vagy AB genotípusúaké. Az AA, AB és BB genotípusok a TT, AT és AA allélpárokat jelentik. (9)	AA, BB, AB	(Yin és mtsai, 2016)
KLF15	C1398T, C1464T, G1542A, C1929T, G1965A, A2355G	A KLF15 SNP-jének genotípusai és a hasított test paraméterei között nem figyeltek meg szignifikáns összefüggést. Az AA, AB és BB genotípusok a CC, CT és TT allélpárokat jelentik. (10)	AA, BB, AB	
ADSL	C139T, C181T, T4926C, C5013T, T13010C, C13065G, C6812T, G10696A	A 11. exonban található C13065G SNP esetében az AA és AB genotípusú galambok mellizom IMP-tartalma magasabb volt, mint a BB genotípusban ($p < 0,01$). A 10. exonban található G10696A SNP összefüggésbe hozható a hasított test mutatóival, amelyben az AA és AB genotípusok nagyobb értékeket mutattak, mint a BB genotípus ($p < 0,01$). (11)	AA, BB, AB	(Mao és mtsai, 2018a)
	C1420T		AA, BB	

Gének (1)	SNP-k (2)	Szignifikáns hatások (3)	Genotípusok (4)	Referencia (5)
DGAT2	G18398T, G22484C	A gén 3. exonban található G18398T SNP esetében a BB genotípusú egyedek szignifikánsan jobb húsminőséget (kedvezőbb értékű az inozinsav és az intramuszkuláris zsír koncentrációja a mellizomban) és alacsonyabb hasi zsírtartalmat mutattak, mint az AA vagy AB genotípusok. A 6-os exonban található G22484C SNP AA genotípusa mutatta a legjobb hasított testi tulajdonságokat, míg a BB genotípusú egyedeknek sokkal jobb értékei voltak a húsminőséget (nyíróerő és az intramuszkuláris zsír koncentrációja a mellizomban) tekintve az AA és AB genotípusokhoz képest. (12)	AA, AB, BB	(Mao és mtsai, 2018b)

Table 1. Review of meat quality-related SNPs and their effects in domestic pigeons

genes (1); SNPs (2); significant effects (3); genotypes (4); reference (5); AA, AB and BB genotypes correspond to GG, CT and CC genotypes. In the case of the G161C SNP, the inosinic acid concentration was higher in the breast muscle tissue of the AB and BB genotype pigeons than in the AA genotype. Among the three genotypes, the BB genotype showed the highest intramuscular fat percentage. A significantly higher FABP1 mRNA level was observed in the breast muscle of the BB genotype than in the AA and AB genotypes. Regarding the SNP C1376T, the AB and BB genotypes had the highest intramuscular fat in the breast muscle, in contrast to the AA genotype. (6); Individuals with the BB genotype of the T91G SNP of the MC3R gene and the AA genotype of the A903G SNP of the MC4R gene were the most favorable in terms of body growth and weight gain. Based on the combined genotype analysis, the body weight gain of individuals with the BBAA allele pair was more favorable than that of the AABB genotypes. (7); The frequency of the T allele was low in all tested pigeons (0.149), but it was much more frequent in the group of utility pigeons (0.291) than in the other two groups ($p < 0.01$) (8); In the case of the MYF5 gene, the C5084T and T5127A SNP genotypes showed a significant correlation with the carcass traits of the pigeons. Within the two SNPs, the BB genotype showed relatively higher association values than those of the AA or AB genotypes. The AA, AB and BB genotypes represent the TT, AT and AA allele pairs (9); No significant correlation was observed between genotypes of the KLF15 SNP and carcass traits. Genotypes AA, AB, and BB represent allelic pairs CC, CT, and TT. (10); In the case of the C13065G SNP located in exon 11, the IMP content of the breast muscle of pigeons with AA and AB genotypes was higher than that of BB genotypes ($p < 0.01$). The G10696A SNP in exon 10 was associated with carcass traits, in which genotypes AA and AB showed higher values than genotype BB ($p < 0.01$). (11); In the case of the G18398T SNP located in exon 3 of the gene, individuals with the BB genotype showed significantly better meat quality (more favorable concentration of inosinic acid and intramuscular fat in the breast muscle) and lower abdominal fat content than the AA or AB genotypes. The AA genotype of the G22484C SNP located in exon 6 showed the best carcass traits, while the BB genotype individuals had much better meat quality values (shear force and intramuscular fat concentration in the breast muscle) compared to the AA and AB genotypes. (12)

KÖVETKEZTETÉSEK

A házigalamb fajban az eddig vizsgált gének polimorfizmusai a legtöbb esetben a növekedési tulajdonságokért, a zsírszövet és az izomszövet szabályozásáért voltak felelősek. Ezekben a vizsgálatokban a hasított test értékmutatóit és a húsminőséget vették figyelembe, amiket aztán az SNP vizsgálat eredményeivel összefüggésben elemeztek. A növekedési hajlammal és testtömeg-gyarapodással az MC3R és MC4R gén polimorfizmusai mutattak korrelációt a húshasznú galambok esetében.

A zsírszövet szabályozásával kapcsolatban jóval több gént vizsgáltak. A FABP1 gén az úgynevezett zsírsavkötő fehérjék működéséért felel, a KLF12 gén hiánya vagy elégtelen működése fokozott elhízást eredményezett, a DGAT géncsalád pedig a triacilglicerín-szintéziséért felelős, mely fontos szerepet tölt be az intramuszkuláris zsírlerakódás szabályozásában. Az MSTN gén hiánya vagy mutációja szokatlan, fejlett izmoltságot eredményez. A miogenezis során a vázizmok differenciálódását miogén szabályozó faktorok (MRF) irányítják. Ezek közül ritkán vizsgált, de szintén jelentőséggel bíró faktor a MYF5 gén, mely korrelációban volt a hasított test izmoltságával és a növekedési tulajdonságokkal egyaránt. Az adenil-szukcinát-liáz (ADSL) fontos szerepet játszik az inozin-monofoszfát (IMP) szintézisében, az elmúlt évtizedekben pedig számos tanulmány kimutatta, hogy az IMP a hús ízének egyik kulcsfontosságú összetevője, ezért az ADSL gén polimorfizmusai is meghatározó markerként működhetnek a genomselektív nemesítések terén. Összességében látható, hogy a molekuláris genetikán alapuló vizsgálatok hatékony megoldásokat kínálhatnak az állattenyésztés ezen, éppen fellendülőben lévő szegmensében. A kutatások nagy része a legtöbb esetben kis elemszámú vizsgálatokkal történt, mely okot adhat a vizsgálatok szélesebb körű kiterjesztésére a pontos ismeretek elmélyítése érdekében. Ezen túl azonban más fajokhoz képest viszonylag kevés gén polimorfizmusa került a kutatások középpontjába a házigalambban, ezért érdemes lenne továbbiak bevonása, és a vizsgálatok ilyen irányú kiterjesztése is. Ehhez jó kiindulási pontot jelentenek a korábban már széleskörűen kutatott háziállatfajok hústermelést és húsminőséget befolyásoló polimorfizmusai is.

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

Az Innovációs és Technológiai Minisztérium ÚNKP-21-4 kódszámú Új Nemzeti Kiválóság Programjának a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Alapból finanszírozott szakmai támogatásával készült.

IRODALOMJEGYZÉK

- Asaduzzaman, M. – Mahiuddin, M. – Howlider, M. – Hossain, M. – Yeasmin, T.* (2012): Pigeon farming in Gouripur Upazilla of Mymensingh district. *Bangladesh Sci. J. Anim. Sci.*, 38. 142-150. DOI: <https://doi.org/10.3329/bjas.v38i1-2.9923>
- Bagi, Z. – Kusza, Sz.* (2014): Values of Hungarian pigeon breeding. *Acta Agraria Debreceniensis*, 57. 9-14.
- Bellinge, R. H. S. – Liberles, D. A. – Iaschi, S. P. A. – O'brien, P. A. – Tay, G. K.* (2005): Myostatin and its implications on animal breeding: a review. *Anim. Genet.*, 36. 1-6.
- Berri, C. – Wacrenier, N. – Millet, N. – Le Bihan-Duval, E.* (2001): Effect of selection for improved body composition on muscle and meat characteristics of broilers from experimental and commercial lines. *Poult. Sci.*, 80. 833-838.
- Biressi, S. – Bjornson, C. R. – Carlig, P. M. – Nishijo, K. – Keller, C. – Rando, T. A.* (2013): Myf5 expression during fetal myogenesis defines the developmental progenitors of adult satellite cells. *Dev. Biol.*, 379. 195-207.
- Burt, D. W.* (2005): Chicken genome: Current status and future opportunities. *Gen. Res.*, 15. 1692-1698.
- Cases, S. – Smith, S. J. – Zheng, Y. W. – Myers, H. M. – Lear, S. R. – Sande, E. – Farese, R. V.* (1998): Identification of a gene encoding an acyl CoA: diacylglycerol acyltransferase, a key enzyme in triacylglycerol synthesis. *PNAS*, 95. 13018-13023.

- Chang, C. C. – Silva, B. B. I. – Huang, H. Y. – Tsai, C. Y. – Flores, R. J. D. – Tayo, L. L. – Tyan, Y. C. – Tsai, M. A. – Catulin, G. E. M. – Chuang, K. P. (2021): Development and validation of KASP assays for the genotyping of racing performance-associated single nucleotide polymorphisms in pigeons. *Genes*, 12. 1383. DOI: <https://doi.org/10.3390/genes12091383>
- Chen, J. L. – Zhao, G. P. – Zheng, M. Q. – Wen, J. – Yang, N. (2008): Estimation of genetic parameters for contents of intramuscular fat and inosine-5'-monophosphate and carcass traits in Chinese Beijing-You chickens. *Poult. Sci.*, 87. 1098-1104.
- Csikós, Á. (2015): Fajazonosítás élelmiszerekből PCR-SSCP metodika fejlesztésével. PhD disszertáció, Debreceni Egyetem, Debrecen, 127.
- Dall'Olio, S. – Fontanesi, L. – Nanni Costa, L. – Tassinari, M. – Minieri, L. – Falaschini, A. (2010): Analysis of horse myostatin gene and identification of single nucleotide polymorphisms in breeds of different morphological types. *J. Biotechnol. Biomed.* DOI:10.1155/2010/542945
- Davis, G. P. – Moore, S. S. – Drinkwater, R. D. – Shorthose, W. R. – Loxton, I. D. – Barendse, W. – Hetzel, D. J. S. (2008): QTL for meat tenderness in the *M. longissimus lumborum* of cattle. *Anim. Genet.*, 39. 40-45.
- de Souza-Vilela, J. – Andrew, N. R. – Ruhnke, I. (2019): Insect protein in animal nutrition. *Anim. Prod. Sci.*, 59. 2029-2036.
- Dong, X. – Cao, H. – Mao, H. – Hong, Q. – Yin, Z. (2019): Association of MyoD1 gene polymorphisms with meat quality traits in domestic pigeons (*Columba livia*). *J. Poult. Sci.*, 56. 20-26.
- Dybus, A. – Proskura, W. S. – Pawlina, E. – Nowak, B. (2018): Associations between polymorphisms in the myostatin, α A-globin and lactate dehydrogenase B genes and racing performance in homing pigeons. *Vet. Med.*, 63. 390-394.
- Dybus, A. – Proskura, W. S. – Sadowski, S. – Pawlina, E. (2013): A single nucleotide polymorphism in exon 3 of the myostatin gene in different breeds of domestic pigeon (*Columba livia* var. *domestica*). *Vet. Med.*, 58. 32-38.
- Fang, X. – Zhang, J. – Xu, H. – Zhang, C. – Du, Y. – Shi, X. – Chen, H. (2012): Polymorphisms of diacylglycerol acyltransferase 2 gene and their relationship with growth traits in goats. *Mol. Biol. Rep.*, 39. 1801-1807.
- Fisch, S. – Gray, S. – Heymans, S. – Haldar, S. M. – Wang, B. – Pfister, O. – Jain, M. K. (2007): Krüppel-like factor 15 is a regulator of cardiomyocyte hypertrophy. *PNAS*, 104. 7074-7079.
- Fletcher, D. L. (2002): Poultry meat quality. *World's Poult. Sci. J.*, 58. 131-145.
- Gao, N. – Qu, X. – Yan, J. – Huang, Q. – Yuan, H. Y. – Ouyang, D. S. (2010): L-FABP T94A decreased fatty acid uptake and altered hepatic triglyceride and cholesterol accumulation in Chang liver cells stably transfected with L-FABP. *Mol. Cell. Biochem.*, 345. 207-214.
- Gao, Y. U. – Zhang, R. – Hu, X. – Li, N. (2007): Application of genomic technologies to the improvement of meat quality of farm animals. *Meat Sci.*, 77. 36-45.
- Gill, J. L. – Bishop, S. C. – McCorquodale, C. – Williams, J. L. – Wiener, P. (2010): Associations between single nucleotide polymorphisms in multiple candidate genes and carcass and meat quality traits in a commercial Angus-cross population. *Meat Sci.*, 86. 985-993.
- Giri, S. K. – Nayan, V. – Legha, R. A. – Pal, Y. – Bhardwaj, A. (2022): Characterization of Partial Sequence of Myostatin Gene Exon 2 along with SNP detection in Indian Horse Breeds (*Equus caballus*). *J. Equine Vet. Sci.*, 116. 104047.
- Gray, S. – Feinberg, M. W. – Hull, S. – Kuo, C. T. – Watanabe, M. – Banerjee, S. S. – Jain, M. K. (2002): The Krüppel-like factor KLF15 regulates the insulin-sensitive glucose transporter GLUT4. *J. Biol. Chem.*, 277. 34322-34328.
- Gray, S. – Wang, B. – Orihuela, Y. – Hong, E. G. – Fisch, S. – Haldar, S. – Cline, G. W. – Kim, J. K. – Peroni, O. D. – Kahn, B. B. – Jain, M. K. (2007): Regulation of gluconeogenesis by Krüppel-like factor 15. *Cell Metab.*, 5., 305-312.
- Haldar, M. – Karan, G. – Tvrdik, P. – Capecchi, M. R. (2008): Two cell lineages, myf5 and myf5-independent, participate in mouse skeletal myogenesis. *Dev. Cell*, 14., 437-445.

- Haldar, S. M. – Jeyaraj, D. – Anand, P. – Zhu, H. – Lu, Y. – Prosdocimo, D. A. – Jain, M. K. (2012): Krüppel-like factor 15 regulates skeletal muscle lipid flux and exercise adaptation. PNAS, 109. 6739-6744.
- He, C. – Holme, J. – Anthony, J. (2014): SNP Genotyping: The KASP Assay. In Crop breeding (pp. 75-86). Humana Press, New York, NY.
- Hickford, J. G. H. – Forrest, R. H. – Zhou, H. – Fang, Q. – Han, J. – Frampton, C. M. – Horrell, A. L. (2010): Polymorphisms in the ovine myostatin gene (MSTN) and their association with growth and carcass traits in New Zealand Romney sheep. Anim. Genet., 41. 64-72.
- Jędrzejczak-Silicka, M. – Dudaniec, K. – Dybus, A. (2019): Association of alpha-a globin gene polymorphism with its expression level in racing pigeons. Acta. Sci. Pol. Zootech., 18. 19-26.
- Jerolmack, C. (2007): Animal archeology: Domestic pigeons and the nature – culture dialectic. Qual. Sociol. Rev., 3. 74-95.
- Jilly, B. (2015): Háztáji és magángazdasági haszongalamb-tartás, fejlesztése, jövedelmezősége, foglalkoztatást elősegítő hatása. AWETH, 11. 96-103.
- Lakhssassi, K. – Iguacel, L. P. – Sarto, M. P. – Lahoz, B. – Folch, J. – Jiménez, M. A – Alabart, J. L. – Serrano, M. – Calvo J. H. (2021): Marker assisted selection in Rasa Aragonesa sheep breed by using a SNP panel for parentage assignment. Options Méditerranéennes, A, 125, 619-624.
- Kawai, M. – Okiyama, A. – Ueda, Y. (2002): Taste enhancements between various amino acids and IMP. Chem. Senses, 27. 739-745.
- Khan, R. – Raza, S. H. A. – Junjvlieke, Z. – Xiaoyu, W. – Garcia, M. – Elnour, I. E. – Linsen, Z. (2019): Function and transcriptional regulation of bovine TORC2 gene in adipocytes: roles of C/EBP γ , XBP1, INSM1 and ZNF263. Int. J. Mol. Sci., 20. 4338.
- Kmoch, S. – Hartmannová, H. – Stibůrková, B. – Krijt, J. – Zikánová, M. – Šebesta, I. (2000): Human adenylosuccinate lyase (ADSL), cloning and characterization of full-length cDNA and its isoform, gene structure and molecular basis for ADSL deficiency in six patients. Hum. Mol. Genet., 9. 1501-1513.
- Kozioł, K. – Pałka, S. – Migdał, W. – Otwinowska-Mindur, A. – Kmiecik, M. – Migdał, A. – Bieniek, J. (2018): Single nucleotide polymorphisms within rabbits (*Oryctolagus cuniculus*) fatty acids binding protein 4 (FABP4) are associated with meat quality traits. Livest. Sci., 210. 21-24.
- Kuchiba-Manabe, M. – Matoba, T. – Hasegawa, K. (1991): Sensory changes in umami taste of inosine 5'-monophosphate solution after heating. J. Food Sci., 56. 1429-1432.
- Kumpatla, S. P. (2012): Genomics-assisted plant breeding in the 21st century: technological advances and progress. Scienceweb academic papers collection.
- Kusza, S. – Csiszter, L. T. – Ilie, D. E. – Sauer, M. – Padeanu, I. – Gavojdian, D. (2018): Kompetitive Allele Specific PCR (KASP™) genotyping of 48 polymorphisms at different caprine loci in French Alpine and Saanen goat breeds and their association with milk composition. PeerJ, 6. e4416.
- Lam, B. Y. H. – Williamson, A. – Finer, S. – Day, F. R. – Tadross, J. A. – Gonçalves Soares, A. – O'Rahilly, S. (2021): MC3R links nutritional state to childhood growth and the timing of puberty. Nature, 599. 436-441.
- Lengyel, A. (2020): Húsgalambtenyésztés - A franciák így csinálják, Kistermelők Lapja, 10. 22-23.
- Li, S. P. – Ning, Z. H. D. – Sun, F. Y. – Bai, X. J. (2008): Correlation analysis between MC3R and MC4R gene polymorphism and growth traits in pigeon. Yi Chuan=Hered., 30. 1333-1340.
- Liu, Q. C. – Zha, X. H. – Faralli, H. – Yin, H. – Louis-Jeune, C. – Perdiguero, E. – Dilworth, F. J. (2012): Comparative expression profiling identifies differential roles for Myogenin and p38 α MAPK signaling in myogenesis. J. Mol. Cell Biol., 4. 386-397.
- Liu, R. Z. – Li, X. – Godbout, R. (2008): A novel fatty acid-binding protein (FABP) gene resulting from tandem gene duplication in mammals: transcription in rat retina and testis. Genom, 92. 436-445.
- Lyu, S. J. – Tian, Y. D. – Wang, S. H. – Han, R. L. – Mei, X. X. – Kang, X. T. (2014): A novel 2-bp indel within Krüppel-like factor 15 gene (KLF15) and its associations with chicken growth and carcass traits. Br. Poult. Sci., 55. 427-434.

- Magalhães, A. F. B. – Schenkel, F. S. – Garcia, D. A. – Gordo, D. G. M. – Tonussi, R. L. – Espigolan, R. – de Albuquerque, L. G. (2019): Genomic selection for meat quality traits in Nelore cattle. *Meat Sci.*, 148. 32-37.
- Magenis, R. E. – Smith, L. – Nadeau, J. H. – Johnson, K. R. – Mountjoy, K. G. – Cone, R. D. (1994): Mapping of the ACTH, MSH, and neural (MC3 and MC4) melanocortin receptors in the mouse and human. *Mam. Gen.*, 5. 503-508.
- Manjula, P. – Cho, S. – Suh, J. K. – Seo, D. – Lee, J. H. (2018): Single nucleotide polymorphism of TBC1D1 gene association with growth traits and serum clinical-chemical traits in chicken. *Korean J. Poult. Sci.*, 45. 291-298.
- Mao, H. – Xu, X. – Liu, H. – Cao, H. – Dong, X. – Xu, N. – Yin, Z. (2020): The temporal-spatial patterns, polymorphisms and association analysis with meat quality traits of FABP1 gene in domestic pigeons (*Columba livia*). *Br. Poult. Sci.*, 61. 232-241.
- Mao, H. G. – Cao, H. Y. – Liu, H. H. – Dong, X. Y. – Xu, N. Y. – Yin, Z. Z. (2018a): Association of ADSL gene polymorphisms with meat quality and carcass traits in domestic pigeons (*Columba livia*). *Br. Poult. Sci.*, 59. 604-607.
- Mao, H. G. – Dong, X. Y. – Cao, H. Y. – Xu, N. Y. – Yin, Z. Z. (2018b): Association of DGAT2 gene polymorphisms with carcass and meat quality traits in domestic pigeons (*Columba livia*). *Br. Poult. Sci.*, 59. 149-153.
- Mosher, D. S. – Quignon, P. – Bustamante, C. D. – Sutter, N. B. – Mellersh, C. S. – Parker, H. G. – Ostrander, E. A. (2007): A mutation in the myostatin gene increases muscle mass and enhances racing performance in heterozygote dogs. *PLoS Genet.*, 3. e79.
- Naidu, P. S. – Ludolph, D. C. – To, R. Q. – Hinterberger, T. J. – Konieczny, S. F. (1995): Myogenin and MEF2 function synergistically to activate the MRF4 promoter during myogenesis. *Mol. Cell Biol.*, 15. 2707-2718.
- Newberry, E. P. – Kennedy, S. M. – Xie, Y. – Luo, J. – Croke, R. M. – Graham, M. J. – Davidson, N. O. (2012): Decreased body weight and hepatic steatosis with altered fatty acid ethanolamide metabolism in aged L-Fabp^{-/-} mice. *J. Lipid Res.*, 53. 744-754.
- Niewold, T. A. – Meinen, M. – Van der Meulen, J. (2004): Plasma intestinal fatty acid binding protein (I-FABP) concentrations increase following intestinal ischemia in pigs. *Res. Vet. Sci.*, 77. 89-91.
- Ockner, R. K. – Manning, J. A. – Poppenhausen, R. B. – Ho, W. K. (1972): A binding protein for fatty acids in cytosol of intestinal mucosa, liver, myocardium, and other tissues. *Science*, 177. 56-58.
- Osman, K. M. – Marouf, S. H. – Mehana, O. A. – Al Atfeehy, N. (2014): *Salmonella enterica* serotypes isolated from squabs reveal multidrug resistance and a distinct pathogenicity gene repertoire. *Rev. Sci. Tech.*, 33. 997-1006.
- Ott, M. O. – Bober, E. – Lyons, G. – Arnold, H. – Buckingham, M. (1991): Early expression of the myogenic regulatory gene, myf-5, in precursor cells of skeletal muscle in the mouse embryo. *Development*, 111. 1097-1107.
- Otto, G. – Roehe, R. – Looft, H. – Thoelking, L. – Knap, P. W. – Rothschild, M. F. – Kalm, E. (2007): Associations of DNA markers with meat quality traits in pigs with emphasis on drip loss. *Meat Sci.*, 75. 185-195.
- Paládi-Kovács, A. (1999): Népi gazdálkodás a Bódva-völgyében. [In: Bodnár M. – Rémiás T. (szerk.) Tanulmányok a Bódva-völgye múltjából. Putnok. Gömöri Múzeum és Baráti Köre. 808 p.
- Papanagiotou, P. – Tzimitra-Kalogianni, I. – Melfou, K. (2013): Consumers' expected quality and intention to purchase high quality pork meat. *Meat Sci.*, 93. 449-454.
- Pearson, R. – Fleetwood, J. – Eaton, S. – Crossley, M. – Bao, S. (2008): Krüppel-like transcription factors: a functional family. *Int. J. Biochem. Cell Biol.*, 40. 1996-2001.
- Pedryc, A. (2008): Kajszfajták genetikai jellemzése mikroszatellit és S-lókuszt polimorfizmus alapján (Doktori disszertáció, BCE).
- Peng, Y. D. – Xu, H. Y. – Ye, F. – Lan, X. – Peng, X. – Rustempašić, A. – Yin, H. D. – Zhao, X. L. – Liu, Y. P. – Zhu, Q. – Wang, Y. (2015): Effects of sex and age on chicken TBC1D1 gene mRNA expression. *Gen. Mol. Res.*, 14. 7704-7714.

- Pomianowski, J. F. – Mikulski, D. – Pudyszak, K. – Cooper, R. G. – Angowski, M. – Jozwik, A. – Horbanczuk, J. O. (2009): Chemical composition, cholesterol content, and fatty acid profile of pigeon meat as influenced by meat-type breeds. *Poult. Sci.*, 88. 1306-1309.
- Proskura, W. S. – Cichoń, D. – Grzesiak, W. – Zaborski, D. – Sell-Kubiak, E. – Cheng, Y. H. – Dybus, A. (2014): Single nucleotide polymorphism in the LDHA gene as a potential marker for the racing performance of pigeons. *J. Poult. Sci.*, 0130237.
- Proskura, W. S. – Dybus, A. – Łukaszewicz, A. – Hardziejewicz, E. – Pawlina, E. (2015): The single nucleotide polymorphisms in lactate dehydrogenase-a (LDHA) and feather keratin (F-KER) genes and racing performance of domestic pigeon. *Zesz. Nauk. UP Wroc., Biol. Hod. Zwierz.*, LXXVI. 608. 37-42.
- Raza, S. H. A. – Khan, R. – Abdelnour, S. A. – Abd El-Hack, M. E. – Khafaga, A. F. – Taha, A. – Ohran, H. – Mei, C. – Schreurs, N. M. – Zan, L. S. (2019): Advances of molecular markers and their application for body aariables and carcass traits in Qinchuan cattle. *Genes*, 10. 717-740.
- Robakowska-Hyżorek, D. – Oprządek, J. – Żelazowska, B. – Olbromski, R. – Zwierzchowski, L. (2010): Effect of the g.-723G→ T Polymorphism in the bovine myogenic factor 5 (MYF5) gene promoter region on gene transcript level in the longissimus dorsi muscle and on meat traits of Polish Holstein-Friesian cattle. *Biochem. Genet.*, 48. 450-464.
- Sabourin, L. A. – Rudnicki, M. A. (2000): Developmental biology: Frontiers for clinical genetics. *Clin. Genet.*, 57. 16-25.
- Sambrook, J. – Russell, D. W. (2001): Molecular Cloning: Ch. 8. In Vitro amplification of DNA by the polymerase chain reaction (Vol. 2). Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Shin, S. C. – Chung, E. R. (2006): Association of SNP marker in the thyroglobulin gene with carcass and meat quality traits in Korean cattle. *Asian-Australas. J. Anim. Sci.*, 20. 172-177.
- Shindo, T. – Manabe, I. – Fukushima, Y. – Tobe, K. – Aizawa, K. – Miyamoto, S. – Nagai, R. (2002): Krüppel-like zinc-finger transcription factor KLF5/BTEB2 is a target for angiotensin II signaling and an essential regulator of cardiovascular remodeling. *Nat. Med.*, 8. 856-863.
- Shu, J. T. – Bao, W. B. – Zhang, X. Y. – Ji, C. J. – Han, W. – Chen, K. W. (2009): Combined effect of mutations in ADSL and GARS-AIRS-GART genes on IMP content in chickens. *Br. Poult. Sci.*, 50. 680-686.
- Singh, K. – Dilworth, F. J. (2013): Differential modulation of cell cycle progression distinguishes members of the myogenic regulatory factor family of transcription factors. *The FEBS Journal.*, 280. 3991-4003.
- Sodhi, S. S. – Jeong, D. K. – Sharma, N. – Lee, J. H. – Kim, J. H. – Kim, S. H. – Kim, S. W. – Jon, S. (2013): Marker assisted selection-applications and evaluation for commercial poultry breeding. *Korean J. Poult. Sci.*, 40. 223-234.
- Storch, J. – Corsico, B. (2008): The emerging functions and mechanisms of mammalian fatty acid-binding proteins. *Ann. Rev. Nutr.*, 28. 73-95.
- Su, Y. – Jiang, X. S. – Zhu, Q. (2006): Studies on the single nucleotide polymorphism (SNP) sites in melanocortin receptor -3, -4 genes and the relations between the SNPs and slaughter and meat quality traits in chickens [Dissertation]. Sichuan Agriculture University.
- Tyra, M. – Ropka-Molik, K. – Eckert, R. – Piórkowska, K. – Oczkiewicz, M. (2011): H-FABP and LEPR gene expression profile in skeletal muscles and liver during ontogenesis in various breeds of pigs. *Dom. Anim. Endocrinol.*, 40. 147-154.
- Uchida, S. – Tanaka, Y. – Ito, H. – Saitoh-Ohara, F. – Inazawa, J. – Yokoyama, K. K. – Marumo, F. (2000): Transcriptional regulation of the CLC-K1 promoter by myc-associated zinc finger protein and kidney-enriched Krüppel-like factor, a novel zinc finger repressor. *Mol. Cell Biol.*, 20. 7319-7331.
- Verner, J. – Humpolíček, P. – Knoll, A. (2007): Impact of MYOD family genes on pork traits in Large White and Landrace pigs. *J. Anim. Breed. Genet.*, 124. 81-85.
- Wakchaure, R. – Ganguly, S. – Praveen, P. K. – Kumar, A. – Sharma, S. – Mahajan, T. (2015): Marker assisted selection (MAS) in animal breeding: a review. *J. Drug Metab. Toxicol.*, 6. e127.

- Wang, B. – Min, Z. – Yuan, J. – Zhang, B. – Guo, Y. (2014): Effects of dietary tryptophan and stocking density on the performance, meat quality, and metabolic status of broilers. *J. Anim. Sci. Biotech.*, 5. 1-7.
- Wang, Q. – Li, H. – Li, N. – Leng, L. – Wang, Y. – Tang, Z. (2006a): Identification of single nucleotide polymorphism of adipocyte fatty acid-binding protein gene and its association with fatness traits in the chicken. *Poult. Sci.*, 85. 429-434.
- Wang, Q. – Li, H. – Li, N. – Leng, L. – Wang, Y. (2006b): Tissue expression and association with fatness traits of liver fatty acid-binding protein gene in chicken. *Poult. Sci.*, 85. 1890-1895.
- Wright, D. – Boije, H. – Meadows, J. R. S. – Bed'hom, B. – Gourichon, D. – Vieaud, A. – Boichard, M. T. – Rubin, C.J. – Imsland, F. – Hallböök, F. – Andersson, L. (2009): Copy number variation in intron 1 of SOX5 causes the pea-comb phenotype in chickens. *PLoS Gen.*, 5:e1000512.
- Yan, W. – Yi, S. – Yiping, L. – Xiao-Song, J. – Liang, L. – Huarui, D. – Qing, Z. (2010): Genetic diversity of MC3R gene and its association with slaughter traits and meat quality traits in chickens. *Acta Vet. Zootech. Sin.*, 38. 1027-1031.
- Ye, M. H. – Chen, J. L. – Zhao, G. P. – Zheng, M. Q. – Wen, J. (2010): Correlation between polymorphisms in ADSL and GARS-AIRS-GART genes with inosine 5'-monophosphate (IMP) contents in Beijing-you chickens. *Br. Poult. Sci.*, 51. 609-613.
- Yin, Z. Z. – Dong, X. Y. – Dong, D. J. – Ma, Y. Z. (2016): Association of MYF5 and KLF15 gene polymorphisms with carcass traits in domestic pigeons (*Columba livia*). *Br. Poult. Sci.*, 57. 612-618.
- Zhang, Y. B. – Ba, C. F. – Su, Y. H. – Zeng, R. X. (2006): Relationship between MC4R gene polymorphism and body weight trait in beagle dogs. *Yi Chuan= Hered.*, 28. 1224-1228.
- Zhang, Y. H. – Dai, L. S. – Ma, T. H. – Wang, S. Z. – Guo, J. – Li, F. J. – Zhang, J. B. (2013): Association of T1740C polymorphism of L-FABP with meat quality traits in Junmu No. 1 white swine. *Genet. Mol. Res.*, 12. 235-41.
- Zhao, Y. – Rong, E. – Wang, S. – Zhang, H. – Leng, L. – Wang, Y. – Li, H. (2013): Identification of SNPs of the L-BABP and L-FABP and their association with growth and body composition traits in chicken. *J. Poult. Sci.*, 50. 300-310.
- Zimmerman, A. W. – Veerkamp, J. H. (2002): New insights into the structure and function of fatty acid-binding proteins. *Cell. Mol. Life Sci.*, 59.1096-1116.
- http_1://docplayer.hu/15603073-Polimeraz-lancreakcio-a-gentechnologia-nelkulozhetetlen-eszkoze.html
http_2://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene?Db=gene&Cmd=ShowDetailView&TermToSearch=4159

Érkezett: 2022. május

Szerzők címe: Sipos B.

Debreceni Egyetem Mezőgazdaság-, Élelmiszertudományi és Környezetgazdálkodási Kar

Authors' address: Faculty of Agricultural and Food Sciences and Environmental Management, University of Debrecen
 H-4032 Debrecen, Egyetem tér 1.
 biborka0501@gmail.com

Balog K.

Debreceni Egyetem Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola
 Doctoral School of Animal Science, University of Debrecen
 H-4032 Debrecen, Egyetem tér 1.

Bagi Z. – Kusza Sz.

Debreceni Egyetem Agrár Genomikai és Biotechnológiai Központ
 Centre for Agricultural Genomics and Biotechnology, University of Debrecen
 H-4032 Debrecen, Böszörményi út 138.