

JIHOČESKÁ UNIVERZITA V ČESKÝCH BUDĚJOVICÍCH
ZEMĚDĚLSKÁ FAKULTA

BAKALÁŘSKÁ PRÁCE

Kandidátní geny masné užitkovosti skotu

Vedoucí práce: Ing. *et* Ing. Božena Hosnedlová, Ph.D.

Autorka práce: Alice Bláhová

České Budějovice 2013

JIHOČESKÁ UNIVERZITA V ČESKÝCH BUDĚJOVICÍCH
Fakulta zemědělská
Akademický rok: 2010/2011

ZADÁNÍ BAKALÁŘSKÉ PRÁCE
(PROJEKTU, UMĚLECKÉHO DÍLA, UMĚLECKÉHO VÝKONU)

Jméno a příjmení: **Alice BLÁHOVÁ**
Osobní číslo: **Z09374**
Studijní program: **B4131 Zemědělství**
Studijní obor: **Zemědělské biotechnologie**
Název tématu: **Kandidátní geny masné užitkovosti skotu**
Zadávací katedra: **Katedra genetiky, šlechtění a výživy**

Z á s a d y p r o v y p r a c o v á n í :

Cílem bakalářské práce je zpracovat literární přehled zabývající se charakteristikou nejvýznamnějších kandidátních genů pro masnou užitkovost. Bakalářská práce bude zpracována ve formě rešerše a bude zahrnovat informace ze současných publikací tuzemských i zahraničních autorů. Středem zájmu budou geny asociované s kvalitou hovězího masa.

Rozsah grafických prací: dle úvahy
Rozsah pracovní zprávy: cca 30 stran
Forma zpracování bakalářské práce: tištěná/elektronická

Seznam odborné literatury:

Di Stasio L., Brugiapaglia A., Destefanis G., Albera A., and Sartore S., 2003. GH1 as candidate gene for variability of meat production traits in Piemontese cattle (Short Communication). Anim. Breed. Genet., 120: 358 - 361.

Di Stasio L., Destefanis G., Brugiapaglia A., Albera A., and Rolando A., 2005. Polymorphism of the GHR gene in cattle and relationships with meat production and quality (Short Communication). International Society for Animal Genetics, Animal Genetics, 36: 138 - 140.


Flisikowski K., Oprzadek J., Dymnicki E., Zwierzchowski L., 2003: New polymorphism in the bovine STAT5A gene and its association with meat production traits in beef cattle. Animal Science Papers and Reports, vol. 21, no. 3, 147- 157.

Wiener P., and Gutiérrez-Gil B., 2009. Assessment of selection mapping near the myostatin gene (GDF-8) in cattle. International Foundation for Animal Genetics, Animal Genetics, 40: 598 - 608.


Williams J. L., Dunner S. , Valentini A., Mazza R., Amarger V., Checa M.L, Crisa A., Razzaq, N., Delourme, D., Grandjean F., Marchitelli C., García D., Pérez Gomez R., Negrini R., Ajmone Marsan P., and Levéziel H., 2009. Discovery, characterization and validation of single nucleotide polymorphisms within 206 bovine genes that may be considered as candidate genes for beef production and quality. Animal Genetics, 40: 486 - 491.

Vedoucí bakalářské práce: Ing. et Ing. Božena Hosnedlová, Ph.D.
Katedra genetiky, šlechtění a výživy

Datum zadání bakalářské práce: 24. února 2011
Termín odevzdání bakalářské práce: 15. dubna 2012


prof. Ing. Miloslav Šoch, CSc.
děkan

JIHOČESKÁ UNIVERZITA
V ČESKÝCH BUDĚJOVICÍCH
ZEMĚDĚLSKÁ FAKULTA
studijní oddělení
Studená 13
370 05 České Budějovice


prof. Ing. Jindřich Čítek, CSc.
vedoucí katedry

V Českých Budějovicích dne 24. února 2011

Poděkování

Na tomto místě bych ráda poděkovala Ing. et Ing. Boženě Hosnedlové, Ph.D. za cenné připomínky a odborné rady a trpělivost, kterými přispěla k vypracování této bakalářské práce. Dále bych chtěla poděkovat své rodině a svému příteli za trpělivost, podporu a povzbuzování po dobu mého studia.

Prohlášení

Prohlašuji, že jsem bakalářskou práci na téma kandidátní geny masné užitkovosti skotu vypracovala samostatně pod vedením Ing. *et* Ing. Boženy Hosnedlové, Ph.D s použitím odborné literatury a parametrů uvedených na seznamu, který tvoří přílohu této práce. Dále prohlašuji, že tato bakalářská práce nebyla využita k získání jiného nebo stejného titulu.

Prohlašuji, že v souladu s § 47b zákona č. 111/1998 Sb. v platném znění. Souhlasím se zveřejněním své bakalářské práce, a to v nezkrácené podobě elektronickou cestou ve veřejně přístupné části databáze STAG provozované Jihočeskou univerzitou v Českých Budějovicích na jejích internetových stránkách.

.....
V Českých Budějovicích 12. dubna 2013

ANOTACE

Předmětem bakalářské práce bylo zpracovat přehled nejvýznamnějších kandidátních genů pro masnou užitkovost.

Studovány byly tyto geny: *GH*, *GHR*, *MSTN*, *MyoD* rodina, leptin, *IGF*, *TG5*, *SCD*, *DGAT* a *STAT5A*. Růstový hormon se zapojuje do fyziologických procesů růstu a metabolismu. Receptor pro růstový hormon byl navržen jako kandidátní gen pro znaky související s produkcí masa u skotu. Myostain je významným markerem. Ovlivňuje množství svaloviny, snižuje podíl mramorování a zvyšuje křehkost masa. *MyoD* rodina jsou proteiny který hrají roli v regulaci svalové diferenciaci. *MyoD* rodina zahrnuje tyto geny: *MYF3*, *MYF4*, *MYF5* a *MYF6*. Leptin je v asociaci s ukládáním tuku, příjmem potravy a energetickou bilancí. *IGF* je kandidátní gen pro masnou užitkovost a plodnost. Gen *TG5* je prekurzor thyroidních hormonů, které hrají důležitou roli při vzniku a diferenciaci buněk. Produktem genu stearyl-CoA denaturáza je enzym odpovědný za přeměnu nasycených mastných kyselin v jednoduché nenasyčené masné kyseliny. Gen *DGAT1* je kandidátní gen pro mramorování masa a pro množství tuku v mléce. Gen *STAT5A* představuje skupinu transkripčních faktorů a je velmi důležitým intracelulárním mediátorem prolaktinu.

Klíčová slova: kandidátní gen; produkce masa; svalovina; mramorování; růst

ANNOTATION

The objective of this study was to compile a summary of the most important candidate genes for meat production.

The studied genes were: *GH*, *GHR*, *MSTN*, *MyoD* family, leptin, *IGF*, *TG5*, *SCD*, *DGAT* and *STAT5A*. Growth hormone (*GH*) is involved in physiological processes of growth and metabolism. Growth hormone receptor (*GHR*) has been proposed as a candidate gene for meat production in cattle. Myostatin is a significant marker. It affects the amount of muscle, reduces marbling and elevate meat tenderness. MyoD family are proteins that play a role in regulating muscle differentiation. *MyoD family* include the genes: *MYF3*, *MYF4*, *MYF5* and *MYF6*. Leptin is in association with the storage of fat, food intake and energy balance. The thyroglobulin gene (*TG5*) is the precursor for thyroid hormones. These hormones have important role in formation and differentiation of cells. Product of the *SCD* genes is stearyl-CoA denaturase. This enzyme is responsible for conversion of saturated fatty acids into monoinsaturated fatty acids. *DGAT1* genes is a candidate gene for marbling of meat and fat in milk. *STAT5A* gene is a group of transcription factors and is very important intracellular mediator of prolactin.

Key words: candidate gene; meat production; muscle; marbling; growth

Obsah

1. ÚVOD.....	8
2. CÍL PRÁCE.....	9
3. METODY DETEKCE.....	11
3.1 PCR (Polymerázová řetězová reakce)	11
3.2 RFLP (Polymorfismus délky restričních fragmentů)	12
3.3 SSCP (Konformační polymorfismus jednořetězců)	13
4. METODY ŠLECHTĚNÍ.....	14
4.1 Křížení	14
4.2 Selektce pomocí genetických markerů (MAS).....	14
5. VYBRANÉ KANDIDÁTNÍ GENY	15
5.1 Gen růstového hormonu (GH, growth hormone).....	15
5.1.1. Fyziologické funkce.....	15
5.1.2 Struktura genu.....	15
5.1.3 Asociace s užitkovými vlastnostmi.....	16
5.2 Gen pro receptor růstového hormonu (GHR).....	17
5.2.1 Fyziologické funkce.....	17
5.2.2 Struktura genu.....	17
5.2.3. Asociace s užitkovými vlastnostmi.....	18
5.3 Myostatin (MSTN, GDF – 8)	20
5.3.1 Fyziologické funkce.....	20
5.3.2. Struktura genu	21
5.3.3 Asociace s užitkovými vlastnostmi.....	22
5.4 MyoD rodina.....	23
5.4.1 Fyziologické funkce.....	23
MYF 3 (myogenic factor 3).....	23
MYF4 (myogenic factor 4).....	23
MYF5 (myogenic factor 5).....	23
MYF6 (herkulin, myogenic regulatory factor 4).....	24
5.4.2 Struktura genu.....	24
5.4.3. Asociace s užitkovými vlastnostmi.....	25
5.5 Leptin (Gen obezity)	27

5.5.1 Fyziologické funkce.....	27
5.5.2 Struktura genu.....	27
5.5.3 Asociace s užitkovými vlastnostmi.....	28
5.6 Gen pro inzulinu podobný růstový faktor (IGF).....	29
5.6.1. Fyziologické funkce.....	29
5.6.2 Struktura genu.....	29
5.6.3 Asociace s užitkovými vlastnostmi.....	30
5.7 Thyreoglobulin (TG5)	32
5.7.1 Fyziologické funkce.....	32
5.7.2 Struktura genu.....	32
5.7.3. Asociace s užitkovými vlastnostmi.....	32
5.8 Gen pro stearoyl CoA denaturáza (SCD).....	33
5.8.1 Fyziologické funkce.....	33
5.8.2 Struktura genu.....	33
5.8.3 Asociace s užitkovými vlastnostmi.....	33
5.9. Gen pro diacylglycerol O-acyltransferázu (DGAT).....	34
5.9.1 Fyziologické funkce.....	34
5.9.2 Struktura genu.....	34
5.9.2 Asociace s užitkovými vlastnostmi.....	35
5.10 Gen signálního snímače aktivátoru transkripce (STAT5A).....	36
5.10.1 Fyziologické funkce.....	36
5.10.2 Struktura genu.....	36
5.10.3 Asociace s užitkovými vlastnostmi.....	36
6. POUŽITÁ LITERATURA.....	37
7. SEZNAM POUŽITÝCH ZKRATEK	47
8. SEZNAM OBRÁZKŮ.....	48
9. SEZNAM TABULEK.....	49

1. ÚVOD

V současnosti hovězí maso zaujíma ve výživě lidí významnou pozici. Produkce a potřeba hovězího masa dosáhla v roce 1990 přibližně 30 kg na průměrného obyvatele za rok. Proto je cílem nabídnout spotřebitelům maso s vhodnými vlastnostmi. Důležitým krokem je studium kandidátních genů. Popsané geny pak lze využít pro selekci zvířat. Předkládaná bakalářská práce je zaměřena na studium již známých kandidátních genů,

2. CÍL PRÁCE

Cílem této bakalářské práce bylo zpracovat literární přehled zabývající se charakteristikou nejvýznamnějších kandidátních genů pro masnou užitkovost

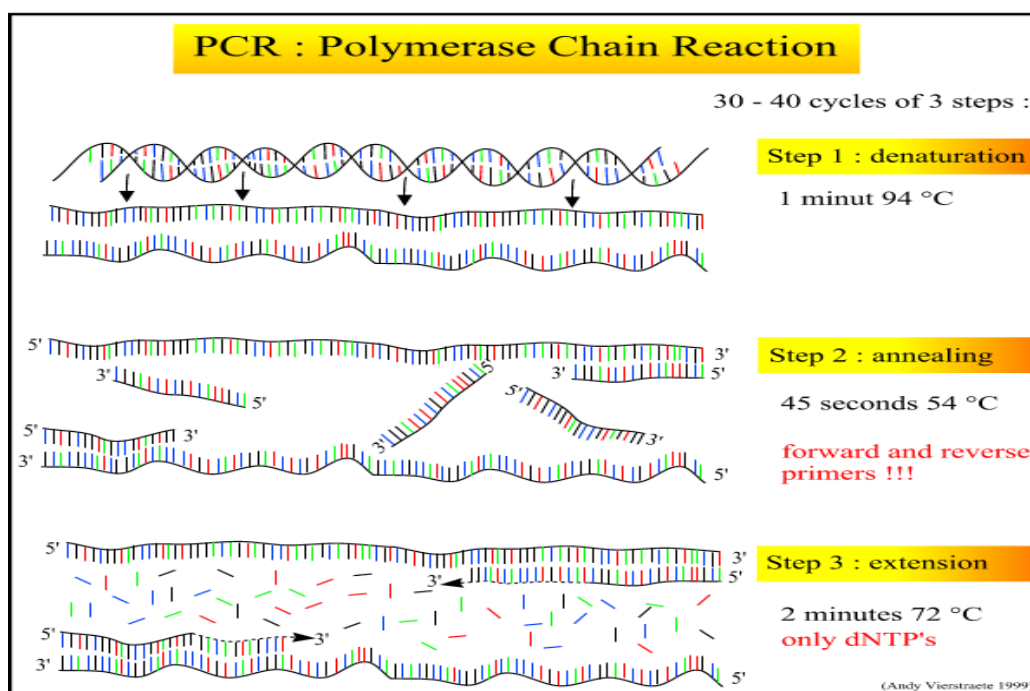
3. METODY DETEKCE

V současné době je většina metod detekce polymorfismu založena na polymerázové řetězové reakci nebo její modifikaci. Z velkého počtu metod používaných pro výzkum polymorfismu byly vybrány tři nejpoužívanější metody.

3.1 PCR (Polymerázová řetězová reakce)

Polymerázová řetězová reakce je považována za základní genetickou metodu. Metoda PCR byla vyvinuta v Cetus Corporation Emeryville v Kalifornii a objevil ji v roce 1983 americký biochemik Kary Banks Mullisem. O 10 let později byl tento objev oceněn Nobelovou cenou. Tato technika umožňuje namnožit v krátkém čase vybraný úsek DNA, např. určitý exon analyzovaného genu. Za několik hodin je tato metoda schopna vyprodukovat miliardy kopií DNA (Saiky *et al.*, 1988).

Základním principem je opakovaně řízená denaturace dvouřetězcové DNA a následná denaturace řetězců, které jsou v denaturační směsi v nadbytku. PCR má tři základní kroky: denuraci, navázání primerů (primery jsou uměle nasyntetizované oligonukleotidy o velikosti 20–25 nukleotidů, které jsou komplementární k sekvencím na obou vláknech dubletu DNA) a elongaci (obr. 1). K denuraci dochází vlivem vysoké teploty, ve druhém kroku jsou při teplotě 45–65°C navázány primery. Ve třetím kroku je na řetězec napojena DNA polymeráza (enzym izolovaný z bakterie *Thermophilus aquaticus*) (Mullis, 1987). Vlákno přirůstá ve směru od 5' konce ke 3' konci. Výsledek replikace se pak stává matricí pro následující cyklus, žádaný úsek DNA přibývá exponenciální rychlostí. Počet cyklů se většinou pohybuje kolem 30–40 a počet konečných kopií fragmentů je pak 2^{n+1} kde n je počet cyklů.



Obr. 1 Schéma PCR

zdroj: <http://www.users.ugent.be/avierstr/principlec/pcr.html>

3.2 RFLP (Polymorfismus délky restrikčních fragmentů)

Metoda RFLP (Restriction fragment length polymorphism) patří mezi nejstarší DNA markery. Metoda využívá restrikční endonukleázu, její podstata je enzymatické štěpení molekul DNA ve specifickém štěpném místě. Pokud je v rozpoznávacím místě restrikční endonukleázy polymorfismus, vznikají různě dlouhé fragmenty DNA. Příčinou vzniku fragmentu je genová mutace v původním restrikčním místě. Takto vznikají nebo zanikají nová restrikční místa (Backman, 1992). DNA fragmenty vedou k různě dlouhým fragmentům, které se poté dělí gelovou elektroforézou (Zijlstra *et al.*, 1990). Nevýhodou je, že se při analýze celkové chromozomální DNA vytváří velké množství restriktů s podobnou pohyblivostí, čímž vznikne spektrum pruhů, které se velmi těžce rozpoznávají. Velikost fragmentů se pohybuje v rozmezí od 50–1000 bp.

3.3 SSCP (Konformační polymorfismus jednořetězců)

SSCP (Single strand conformation polymorphism) je metoda přímé diagnostiky DNA. Tato metoda je založena na jednovláknovém konformačním polymorfismu, který využívá jednovláknové fragmenty DNA. SSCP má tři základní kroky: rozštěpení DNA na krátké dvouřetězové fragmenty, denaturaci DNA sekvencí formamidem (vznik jednořetězců) a posledním krokem je ochlazení, čímž každý DNA řetězec vytvoří charakteristickou sekundární strukturu, která ovlivňuje rychlost separace. Úseky DNA se před elektroforézou zdenaturují a nanosou se na neutrální gel. Polymorfní úseky DNA vytvářejí rozdílné struktury, které se pohybují v gelu rozdílnou rychlostí (Orita *et al.*, 1989). Obvykle se používá pro analýzu sekvenčních rozdílů mezi různými alelami stejného genu nebo pro analýzu neznámých mutací. Vhodné jsou fragmenty o délce 150–400 bp (Suzuki *et al.*, 1990).

4. METODY ŠLECHTĚNÍ

Cílem šlechtění je změna genetického složení populace. Zaměření a účinnost šlechtění bylo během půlstoletí ovlivněno rozšířením biotechnických metod. Šlechtění hospodářských zvířat je dlouhotrvající proces. Na začátku se šlechtitelé orientovali pouze podle fenotypu. Cílem každého šlechtitele je získat zvířata s užitkovostí vyšší, než byla u jejich rodičů, a vyšší plemennou hodnotu.

4.1 Křížení

Křížení je záměrná činnost člověka, vzájemné oplozování jedinců s různými genotypy, za účelem získání hybridního zvířete s požadovanými vlastnostmi (Řehout *et al.*, 2000).

4.2 Selektce pomocí genetických markerů (MAS)

Pro zlepšení odhadu genetického potenciálu mohou sloužit genetické markery. Genetický marker je polymorfni znak vykazující mendelistickou dědičnost. Markery se dělí na I. a II. typ. Genetický marker je známá sekvence DNA, kterou lze jednoduše identifikovat. Metoda MAS slouží k přesné detekci specifických DNA variant, které jsou asociovány se zjevným rozdílem v konkrétním znaku mezi jedinci (Van Eenennaam, 2005). Tato metoda se využívá hlavně u znaků, které jsou viditelné až po porážce zvířete, např. mramorování masa. Markery jsou spojeny s geny, které způsobují genetickou proměnlivost. Využití markerů přispívá ke zvýšení efektivnosti šlechtění (Jakubec *et al.*, 2003). MAS vyžaduje znalosti o alelách genů, které jsou s nimi ve vazbě. Při MAS sledujeme pouze konkrétní oblast zájmu. Přínos je spatřován především ve zvýšení efektu selekce oproti běžným selekčním programům (Eggen, 2012). Předností je možnost provádět selekci uvnitř rodin, snižování inbreedingu a zkrácení generačního intervalu. Základním postupem je detekce markeru, stanovení vazbové mapy (uvádějí pořadí a vzdálenost genů), určení podílu proměnlivosti vysvětlené markerem, a identifikace jedinců a využití ve šlechtění.

5. VYBRANÉ KANDIDÁTNÍ GENY

5.1 Gen růstového hormonu (*GH*, growth hormone)

5.1.1. Fyziologické funkce

Růstový hormon (GH) je protein s nízkou molekulovou hmotností, skládající se ze 191 aminokyselin (Etherton, 1998). Zapojuje se do fyziologických procesů, růstu a metabolismu. S ohledem na široký účinek byl navrhnout jako kandidátní gen pro vlastnosti související s kvalitou a produkcí masa. Gen *GH* kóduje růstový hormon, který působí společně s *GHR* (receptor růstového hormonu) na fetální a neonatální vývoj myoblastů a osteoblastů (Jammes and Djiane, 1996). Se specifickým receptorem na povrchu buňky hraje hlavní roli v postnatálním růstu (Wallis and Davies, 1976). Bovinní *GH* gen zasahuje do proteosyntézy strukturálních bílkovin (zrychluje průnik aminokyselin do buněk a urychluje tak jejich začlenění do bílkovinných molekul) a zvyšuje hmotu kosterních svalů (Ledvina, 1993). Na tkáňové úrovni jsou biologické funkce růstového hormonu zprostředkovány receptorem růstového hormonu. U skotu je růstový hormon syntetizován jako prekurzor o 190 aminokyselinách. V játrech se růstový hormon přeměňuje na somatomediny, které zajišťují účinek na úrovni buňky (Sova *et al.*, 1990). Hlavní účinek genu v játrech je stimulace produkce IGF1 (inzulínu podobný růstový faktor 1).

5.1.2 Struktura genu

Gen růstového hormonu byl u skotu zmapován na 19. chromozómu (Yerle *et al.*, 1993). Pomocí molekulárně genetických metod bylo identifikováno v tomto genu několik polymorfismů. Gen obsahuje 5 exonů a 4 introny. Celková transkripční délka činí 1,7 kb. U genu *GH* bylo pozorováno několik mutací. Na exonu 5 byla zjištěna nukleotidová substituce *CTG/GTC* na 127. kodónu a byly zde identifikovány alely *A* a *B* (Chikuni *et al.*, 1994). Zhang *et al.* (1993) detekoval mutaci nacházející se na intronu 3 a identifikoval dvě alely *C* a *D*. U polymorfismu na exonu 5 byla popsána asociace se znaky masné produkce (Pilla *et al.*, 1994).

5.1.3 Asociace s užitkovými vlastnostmi

Na základě fyziologických funkcí je gen považován za kandidátní gen, ale výsledky experimentů, které sledují souvislost mezi genotypy a užitkovostí nejsou jednoznačné. Podle Di Stasia *et al.* (2003) souvisí intron 3 s některými kvalitativními znaky masa. PCR-RFLP analýza odhalila dvě alely GHI^C a GHI^D s frekvencemi 0,842 a 0,158. Větší efekt byl pozorován u CL cooking losses (ztráta při vaření) při vaření po 11. dnu s převahou alely GHI^C nad GHI^D . Výrazný vliv věku na denní přírůstek byl zjištěn pouze první den. Žádný kvalitativní parametr masné produkce nebyl ovlivněn pohlavím.

Di Stasio *et al.* (2002) zjistil frekvenci alel GH^A 0,72 a GH^B 0,28. Alela GH^C nebyla nalezena. Převaha alely A byla zjištěna i u jiných plemen např. u hereford a s frekvencí 0,78, u plemene angus s frekvencí 0,80 a u plemene holštýn byla zaznamenána hodnota 0,91 (Chikuni *et al.*, 1991).

Při genotypizaci lokusu GH byla u různých plemen skotu detekována převaha alely L. U plemen česká červinka a český strakatý skot však byla zjištěna převaha alely V (Neubauerová).

Pokud jde o vztahy s vybranými produkčními znaky, odhady substitučního efektu alely GHI^C nad GHI^D a účinky dominance, byly ve všech případech zanedbatelný (Tab. 1) a statisticky nevýznamné.

Tab. 1. Odhady genové substituce (α) a vliv dominance (d) na *in vivo* znaky

Znak	α	P	d	P
Parametry růst				
Hmotnost 5 kg	1,04	0,71	-0,205	0,96
Hmotnost 7 kg	- 0,169	0,96	-1,778	0,7
Hmotnost 11 kg	0,333	0,94	-0,352	0,95
Denní přírůstek	-0,001	0,97	-0,004	0,8
Výška kohoutku	0,112	0,76	0,358	0,47
Délka trupu	-0,103	0,88	-0,53	0,54
Obvod hrudníku	1,021	0,14	0,362	0,7
Šířka kohoutku	-0,059	0,53	0,077	0,53
Šířka beder	-0,024	0,76	0,044	0,68
Tloušťka beder	0,037	0,64	0,078	0,47
Profil stehna	-0,025	0,81	0,143	0,31

Zdroj: Di Stasio *et al.* (2003)

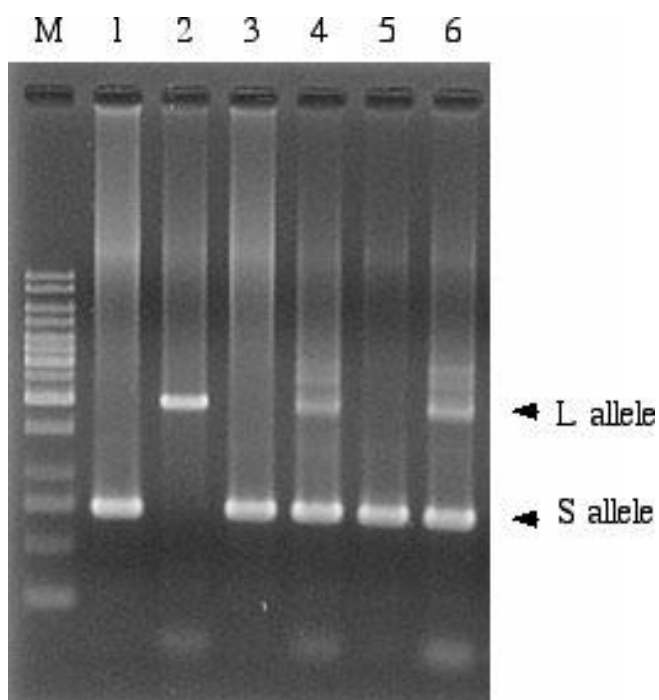
5.2 Gen pro receptor růstového hormonu (*GHR*)

5.2.1 Fyziologické funkce

Receptor růstového hormonu je protein o 620 aminokyselinách a je členem rodiny cytokinin-hematopoetinových receptorů (Moody *et al.*, 1995). Vzhledem ke klíčové úloze růstového hormonu při iniciaci a udržení laktace i v regulaci růstu byl *GHR* navržen jako významný kandidátní gen pro růstové vlastnosti skotu a pro znaky související s produkcí masa a mléka u skotu (Kobayashi *et al.*, 1999). Růstový hormon uplatňuje svůj vliv na růst a metabolismus prostřednictvím interakce se specifickým receptorem na povrchu cílových buněk. Změny ve funkčních oblastech *GHR* mohou ovlivnit vazbovou kapacitu a signální dráhu, tedy vyvolat změnu činnosti aktivity růstového hormonu v cílových tkáních (Hradecká *et al.*, 2006). U člověka existuje široká škála mutací receptoru růstového hormonu, které jsou považovány za příčinu Laronova syndromu a idiopatického malého vzrůstu (Rosenbloom 1998). Podobně u kuřat byly pozorovány mutace zodpovědné za trpasličí fenotyp.

5.2.2 Struktura genu

Gen *GHR* je u skotu lokalizován na 20. chromozomu mezi TGLA126 a GMBT41 (Moody *et al.*, 1995). Polymorfismus *GHR* je společně s nedaleko umístěným genem pro receptor prolaktinu (*PRLR*) jedním z kandidátů pro vysvětlení tohoto efektu. (Viitala *et al.*, 2006). Gen kódující bovinní *GHR* se skládá z 9 exonů v translatované oblasti a z dlouhé 5'- nekódující oblasti, která zahrnuje 9 netranslatovaných exonů IA-II (Jiang and Lucy, 2001). Substituce fenylyalaninu na tyroxin v transmembránové doméně je ve zřetelné asociaci s produkcí a složením mléka u skotu (Bloott *et al.*, 2003). Genotyp *AA* byl charakterizován přítomností tří fragmentů o velikosti 317, 83 a 55 bp, zatímco genotyp *BB* čtyřmi fragmenty 196, 121, 83 a 55 bp. Heterozygotní jedinci byli charakterizováni přítomností pěti fragmentů, což odpovídá kombinaci obou homozygotních vzorů. Na obr. 2 lze vidět PCR fragmenty u japonského skotu.



Obr. 2 PCR fragmenty u genu *GHR* u japonského skotu
 1, 3 a 5: genotyp *SS*, 2: genotyp *LL*, 4 a 6: genotyp *LS*, M: marker molekulové hmotnosti
 Zdroj: Ohkubo *et al.* (2006)

5.2.3. Asociace s užitkovými vlastnostmi

Ge *et al.* (1999) detekoval pomocí RFLP tranzici A/G v promotorové oblasti a popsal vztah mezi koncentrací IGF1 v krevní plazmě a růstovými vlastnostmi u plemene angus. T/A substituce v exonu 8 podmiňuje substituci aminokyselin v transmembránové oblasti receptoru. Receptor růstového hormonu významně ovlivňuje obsah tuku a bílkovin. Tento fakt potvrzuje ve své studii Vitala *et al.* (2006) u plemene ayshire. Polymorfismus v exonu číslo 10 je spojen s kvalitou masa (Di Stasio *et al.*, 2005). Vztah polymorfismu na pozici 257 se 14 ukazateli masné užitkovosti analyzovali Di Stasio *et al.* (2005) a zjistili vyšší hodnoty ztráty okapem masa u jedinců nesoucí alelu A společně se signifikantním efektem dominance. Navíc, u plemene angus a u dalších plemen je délka TG mikrosatelitů v oblasti P1 promotoru spojena s růstem (Hale *et al.*, 2000). Di Stasio *et al.* (2005) sledoval frekvenci alel u masných plemen skotu. U plemene piemontes uvádí u býků zařazených do testů vákrmnosti frekvenci genotypu AA 0,24, GG 0,39 a GA 0,50. U jatečných býků je frekvence genotypu AA 0,24, GG 0,39 a GA 0,37. Tab. 2 ukazuje průměrné denní přírůstky. Nebyly nalezeny žádné statisticky významné rozdíly (Hradecká *et al.*, 2006). Také výsledky získané u plemene piemontes neprokázaly žádný významný vztah mezi 257 SNP a produkčními znaky. Podobné výsledky

byly získány i u plemene angus, kde se nepodařilo nalézt významný efekt na růst. Proto se *GHR* nejeví jako užitečný marker pro vlastnosti růstu (Di Stasio *et al.*, 2005). *GHR* je důležitým genem zodpovědným za růst jatečně upraveného těla u hospodářských zvířat.

Tab. 2 Průměrný denní přírůstek u českého strakatého skotu podle genotypu genu *GHR*

přírůstek	n	prům.	min.	max.	s.
Přírůstky v test	74	1466,50	1273,00	1803,00	118,73
Genotyp AA	42	1466,05	1273,00	1763,00	118,35
Genotyp AG	18	1469,43	1275,00	1803,00	123,29
Genotyp GG	4	1450,75	1372,00	1517,00	58,88
Alela A	112	1466,89	1273,00	1803,00	119,61
Alela G	36	1465,28	1275,00	1803,00	112,49
Přírůstky od narození	74	1298,39	1077,00	1592,00	97,75
Genotyp AA	42	1301,03	1077,00	1592,00	105,45
Genotyp AG	18	1294,05	1110,00	1493,00	89,13
Genotyp GG	4	1303,50	1258,00	1358,00	42,60
Alela A	112	1299,00	1077,00	1613,00	101,66
Alela G	36	1296,50	1275,00	1493,00	81,22

n: počet jedinců, prům.: průměr, min: minimum, max.: maximum, s.: směrodatná odchylka

Zdroj: Hradecká *et al.* (2006)

5.3 Myostatin (*MSTN*, *GDF – 8*)

5.3.1 Fyziologické funkce

Myostatin (growth differentiation factor 8) je členem transformujícího růstového faktoru a je významným genetickým markerem, který přímo ovlivňuje množství svaloviny, redukuje podíl intramuskulárního tuku, snižuje podíl mramorování, zvyšuje křehkost masa, zvyšuje porodní hmotnost zvířete a procento těžkých porodů a je nezbytný pro správnou regulaci kosterního svalstva (Karim *et al.*, 2000). Účinky tohoto genu byly poprvé popsány u myši, kde byla ztráta myostatinu spojena s nárůstem počtu svalových vláken (hyperplazie) a zvýšením velikosti vláken (hypertrofie) (McPherron *et al.*, 1997). Je zajímavé, že mutace vede u myši k narušení struktury proteinů a následné ztrátě biologické aktivity, což má za následek zvýšení hmotnosti kosterních svalů až o 200 %. Myostatin se vyskytuje v kosterním svalstvu jak v prenatalní, tak v postnatalní fázi (McPherron *et al.*, 1997). Bylo zjištěno, že exprese myostatinu probíhá i v postnatalní tukové tkáni skotu a myši a v mléčné žláze prasat (Grobet *et al.*, 1998), myostatin byl nalezen i v krevní plazmě, je tedy velmi pravděpodobné, že receptory pro myostatin jsou lokalizovány v různých tkáních (Gonzalez-Cadavied *et al.*, 1998). Myostatin působí negativně na redukci růstu kosterních svalů (blokuje myogenin) a inhibuje diferenciaci myoblastů a šíření myogenních buněk, zamezuje tvorbě svalových myofibril u embrya (Langley *et al.*, 2003). Mutace narušují funkci proteinu a mají za následek vznik nadbytečných svalových vláken. Jde o jev nazvaný svalová hyperplazie (McPherron *et al.*, 1997). Dvojitě osvalení („double-muscle“) je běžné u plemene belgické modré (obr. 3), piemontese a charolais a je charakterizováno zvětšením svalové hmoty až o 20 %, které je zvýšeno počtem svalových vláken. Tento jev je doprovázen snížením vnitrosvalového tuku, pojivové tkáně a zmenšením některých vnitřních orgánů (McPherron and Lee, 1998). Dvojitě osvalení je u masných plemen podmíněno mutacemi v genu. Celkem bylo identifikováno 9 mutací u různých plemen skotu (Grobet *et al.*, 1997). Pět mutací se nachází v kódující sekvenci, jejich následkem je narušena funkce proteinu, což vede ke svalové hyperplazii (Grobet *et al.*, 1998). Další čtyři mutace inaktivují protein a způsobují svalovou hypertrofii.



Obr. 3. Příklad nefunkčního genu pro myostatin u plemene belgické modré
zdroj: <http://www.osel.cz/popisek.php?popisek=5562&img=1180424365.jpg>

5.3.2. *Struktura genu*

Gen myostatinu se vyskytuje u skotu na 2. chromozómu a je považován za negativní regulátor svalového růstu. Gen se skládá ze dvou intronů a tří exonů. Velikost prvního exonu je 506 bp. Myostatin kóduje růstový faktor pro vývoj svalů. Gen byl identifikován jako lokus základního znaku. Ve studii byla identifikována mutace genu zodpovědného za fenotyp dvojitého osvalení. Počet mutací naznačuje, že myostatin je u skotu vysoce variabilní. Bylo detekováno 11 párů bází v kódující sekvenci pro C-koncovou doménu proteinu, které způsobují svalovou hypertrofii (Grobet *et al.*, 1997).

U plemene gasconne a piemontese byla nalezena mutace způsobující záměnu guaninu (G) za adenin (A) na pozici 938 bp exonu 3, což má za následek substituci aminokyselin cytosinu za tyrosin. Substitute vede ke změně konformace a stability výsledného proteinu. Jde o jednonukleotidovou mutaci (SNP, single nukleotide polymorphism) (Grobet *et al.*, 1998). Je zajímavé, že každé masné plemeno má svou charakteristickou mutaci myostatinu, která způsobuje dvojitě osvalení. Tyto mutace byly nalezeny u plemen charolais, limousine, piemontese aj. U plemene gasconne je snahou šlechtitelů potlačit výskyt dvojitého osvalení z důvodu zaměření plemene. Při dvojitě osvalení dochází ke značným komplikacím během porodu.

U plemene belgické modré se mutace nachází na třetím exonu na pozici 11 bp. Tato delece má za následek posunutí sekvence a je předčasně zařazen stop kodon, protein je tak zkrácen (Grobet *et al.*, 1998).

Zatímco u plemene piemontese jde o bodovou mutaci na třetím exonu, u plemene charolais je mutace na 2. exonu (substituce nukleotidů T za C)

Karim *et al.* (2000) a Smith *et al.* (2000) popsali u dalších plemen skotu nové mutace. Avšak tyto mutace mají méně významný vliv na vývoj svalů.

5.3.3 Asociace s užitkovými vlastnostmi

Weiner *et al.* (2002) zjistil, že mutace myostatinu výrazně ovlivňují kosterní znaky. U plemene piemontese a jeho kříženců ovlivňuje přírůsteky a stupeň osvalení. Alela *MH* je spojena se zvýšeným výskytem komplikací při porodu a se zvýšením porodní hmotnosti o 2,4 kg. Tato alela měla také významný vliv na hmotnost jatečně upraveného těla (JUT), zvýšení produkce svalů a snížení obsahu tuku v mase a dále zvýšení hmotnosti těla při porážce o 14,1 kg. Alela měla také vliv na klasifikaci SEUROP (třídění jatečně upravených těl podle zmasilosti, zejména hlavních částí S - nejvyšší, P - špatná) (Wiener *et al.*, 2009). Alela *MH* snížila obsah nasycených tuků ve svalu.

Myostatin působí jako negativní regulátor růstu kosterního svalstva a udržuje kosterní svalstvo ve vhodném poměru (McPherron, 1997). Kříženci piemontese s neaktivní alelou mají vyšší porodní hmotnost.

Studie u prasat ukazuje, že jedinci s genotypem *AB* mají vyšší denní přírůstek než jedinci s genotypem *AA* (Juany *et al.*, 2001).

Jedinci, u kterých se projevuje dvojitě osvalení, jsou homozygotní, nesou ve své genetické výbavě dvě zmutované alely myostatinu.

5.4 *MyoD* rodina

5.4.1 Fyziologické funkce

MyoD je protein, který hraje roli v regulaci svalové diferenciace. Genová rodina reguluje embryonální formování myofybril. Tyto geny kódují základní helix-loop-helix protein a jsou obsaženy pouze v kosterní svalovině (Olson, 1990). Rodina *MyoD* zahrnuje čtyři geny: *MYF3*, *MYF4*, *MYF5* a *MYF6* (Gadzová *et al.*, 2006). Tyto geny kódují transkripční faktory a hrají klíčovou roli v růstu a vývoji kosterního svalstva, jsou považovány za kandidátní geny pro vlastnosti masa u skotu. Postnatální exprese genů *MyoD* rodiny byla nalezena pouze v satelitních buňkách. U potkanů bylo zjištěno, že se gen *MYF3* vyskytuje především v bílých vláknech („fázická vlákna“) a *MYF4* především v červených vláknech („tonická vlákna“) (Hughes *et al.*, 1993). Konečná diferenciace svalových buněk je závislá na funkci myogenních regulačních faktorů (Ciesak *et al.*, 2002; Braun *et al.*, 1988).

MYF 3 (myogenic factor 3)

Myogenní faktor 3 je produktem genu *MyoD*. Z *MyoD* rodiny byl identifikován jako první (Weintraub *et al.*, 1991). Gen *MYF3* indukuje diferenciaci fibroplastů na myoblasty (Hasty *et al.*, 1993).

MYF4 (myogenic factor 4)

MYF4 fúzuje myoblasty do vícejaderných myofibril (Hasty *et al.*, 1993). Předpokládá se, že by mohl mít vztah k proměnlivosti počtu tvořených svalových vláken, což vede ke změně množství svalů a tudíž i hmotnosti libového masa (Soumillion *et al.*, 1997). *MYF4* je považován za kandidátní gen pro produkci masa a rozvoj svalových vláken u skotu.

MYF5 (myogenic factor 5)

MYF5 hraje důležitou roli v růstu a vývoji savců. Gen *MYF5* se aktivuje u časného embrya a přímo se účastní počátečního vývoje svalové buňky a hraje významnou roli v regulaci kosterního svalstva (Rudnický *et al.*, 1993). Experimenty u myši prokázaly, že gen *MYF5* má vliv na vývoj svalů (Braun *et al.*, 1990). Jedinci s alelou *MYF5* mají více svalových vláken, rostou rychleji a jsou více osvalené. Proto byl gen *MYF5* vybrán jako genetický marker pro zlepšení vlastností masa.

MYF6 (*herkulin, myogenic regulatory factor 4*)

Gen *MYF6* se účastní procesu myogeneze, udržuje svalová vlákna v diferencovaném stavu a podílí se na regeneraci svalů. Jeho úloha spočívá v udržení diferencovaného stavu myofibril (Vykoukalová *et al.*, 2005).

5.4.2 Struktura genu

MYF3 byl lokalizován na 15. chromozómu. Tento gen se skládá ze tří exonů o délce 629 bp, 75 bp a 250 bp (Chang *et al.*, 1995) Obr. 4 ukazuje amplifikovanou část produktu PCR o velikosti 166 bp.



Obr. 4 PCR produkt genu *MYF3* (exon 1)

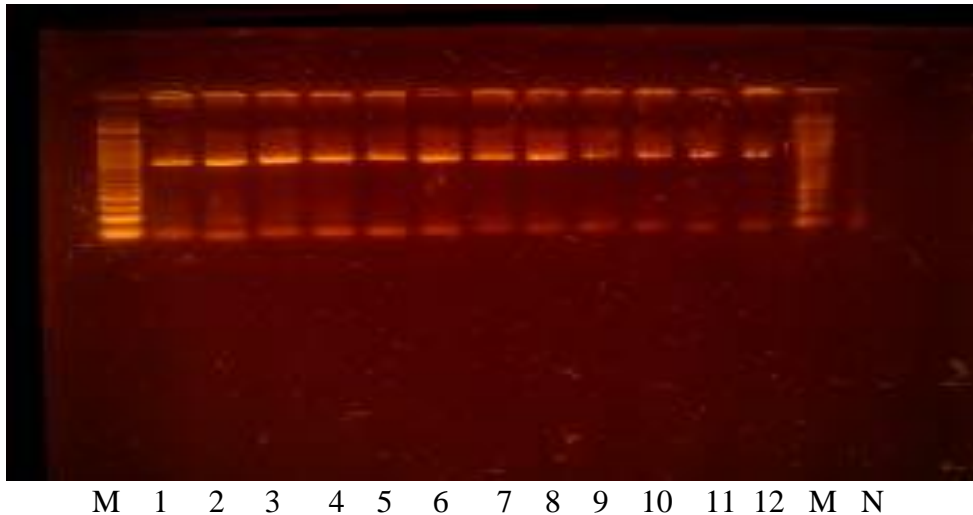
M: marker, 1–5: PCR produkt *MYF3* genu

zdroj: Ujan *et al.* (2011)

MYF4 byl lokalizován na 16. chromozómu. Jakákoliv odchylka v expresi tohoto genu nebo změna struktury způsobená mutací může mít vliv na proces diferenciaci a na kvalitu masa (Buckingham *et al.*, 1992). *MYF4* byl předmětem několika dřívějších studií u prasat. Soumillion *et al.*, (1997) zaznamenal u prasat řadu mutací v *MYF* lokusu.

MYF5 byl lokalizován na 5. chromozómu, přesněji v oblasti 5q2.5 (Soumillion *et al.*, 1997).

Obr. 5 ukazuje optimalizaci reakční směsi PCR pro gen *MYF5*.



Obr. 5 Optimalizace reakční směsi PCR pro gen *MYF5*

M: marker 50–1000 bp, 1–12: vzorky z inseminačních dávek - 445 bp, N - kontrola bez DNA

Zdroj: Kišacová *et al.* (2005)

5.4.3. Asociace s užitkovými vlastnostmi

MYF3, *MYF5* a *MYF6* mají pod kontrolou celý svalový rozvoj. U čínských plemen skotu nanyang a jiaxin nebyly pozorovány mezi genotypy *AA* a *BB* žádné statisticky významné rozdíly. Nicméně u plemene qinchuan s genotypem *BB* byla u zvířat pozorována nižší výška v kohoutku a nižší výška v kříži v porovnání s genotypem *AB* (Zhang *et al.*, 2007). Podle Kuryho *et al.* (2002) vykazují zvířata s genotypem *BB* vyšší procento svaloviny v JUT. Jedinci s genotypem *AA* mají vyšší hmotnost masa v kýtě. Verner *et al.* (2007) prokázal, že jedinci s genotypem *BB* mají vyšší obsah intramuskulárního tuku. Tab. 3 ukazuje, že byl pozorován významný vliv na hmotnost ve 12 měsících. Jedinci s genotypem *BB* nebo *AB* měli vyšší hmotnost ve 12 měsících než jedinci s genotypem *AA*. U ostatních znaků nebyla nalezena mezi genotypy žádná asociace mezi. Kratochvílová *et al.* (2009) zjistila u prasat, že jedinci *AA* pro gen *MYF6* měli vyšší procento svaloviny v JUT a nižší podíl tuku v hlavních masitých částech v porovnání se zbývajícími dvěma genotypy.

Tab. 3 Asociace mezi genotypy genu *MYF5* a parametry růstu

Genotyp	AA	AB	BB
Porodní hmotnost	22,26±1,87	22,74±1,46	22,76±1,29
Hmotnost ve 3 měsících	68,89± 6,02	70,38±5,33	74,24±4,76
Hmotnost v 6 měsících	120,60±10,21	125,21±8,95	129,17±8,83
Hmotnost ve 12 měsících	186,37±13,38	198,14±12,73	200,86±14,21
Průměrný denní přírůstek	0,51±0,08	0,54±0,03	0,55±0,06

Zdroj: Chung and Kim (2005)

5.5 Leptin (Gen obezity)

5.5.1 Fyziologické funkce

Gen pro leptin je primárně exprimován v bílé tukové tkáni. Leptin je kulovitý protein s terciární strukturou podobnou hematopoetickému cytokinu, vylučovaný buňkami tukové tkáně, reguluje příjem krmiva, energetickou bilanci, růst, plodnost a imunitní funkce, a podílí se na zlepšení křehkosti masa a regulaci tělesné hmotnosti (Glaum *et al.*, 1996). Křehkost masa se zlepšuje nepřímo přes obsah tuku v mase. Jeho absence vede k morbidní obezitě. Cirkuluje v krevním séru ve volné a vázané formě. Volná forma je biologicky aktivní forma. Druhá forma je vázaná na proteinový nosič. Leptin je uvolněn do krve a transportován do mozku. Hraje roli v syntéze glykogenu a glukózy a je zvláště aktivní v mozku. Tato oblast mozku se podílí na regulaci příjmu potravy. Leptin stimuluje reprodukční systém u obou pohlaví prostřednictvím zvýšeného uvolňování hypofýzy (Barash, 1996).

5.5.2 Struktura genu

Molekula leptinu je tvořena 167 aminokyselinami (Glaum *et al.*, 1996). Má strukturu čtyřšroubovice o 5–6 otáčkách (Zhang *et al.*, 1997). U skotu je leptin lokalizován na chromozómu číslo 4. Leptin je umístěn na BTAUq32 (Pfister-Genskow *et al.*, 1996), skládá se ze tří exonů a dvou intronů. Pouze dva exony jsou přeneseny do proteinu. Kódovací oblast leptinu je obsažena v exonu 2 a 3, které jsou od sebe vzdáleny intronem dlouhým přibližně 2 kb. (Zadworny and Kuhnelin, 1990).

5.5.3 Asociace s užitkovými vlastnostmi

Polymorfismus leptinu je v asociaci s ukládáním tuku, s příjmem potravy a s energetickou bilancí (Fitzsimmons *et al.*, 1998). Analýza polymorfismu u prasat prokázala, že úsek o velikosti 3649 bp v tomto genu zřejmě souvisí s výškou hřbetního sádla (Jiang and John, 1999). Bylo vynaloženo velké úsilí za účelem porozumět roli leptinu v regulaci příjmu krmiva a v reprodukci u přežvýkavců (Chilliard *et al.*, 2001). V jedné studii v číně přišli na to, že alela *B* by mohla být spojena s rychlejším tempem růstu a s tělesnou hmotností. Krávy s genotypem *BB* vykazovaly rychlejší růst (Yang *et al.*, 2007). Výsledky naznačují, že alela *T* je spojena s vysokým podílem tuku a průměrnou kvalitou hřbetního sádla (Schenkell *et al.*, 2006). Nkruhman *et al.*, prokázali že zvířata nesoucí alelu *T* produkují méně libové maso v porovnáním s jedinci s alelou *C*, ale neliší se ve stupni mramorování masa. Buchanan *et al.*, objevili významný vliv alely *T* na vyšší obsah tuku a průměrnou hodnotu ze třech měření výšky hřbetního sádla podél 12. žebra ale nezaznamenali významný vliv na mramorování.

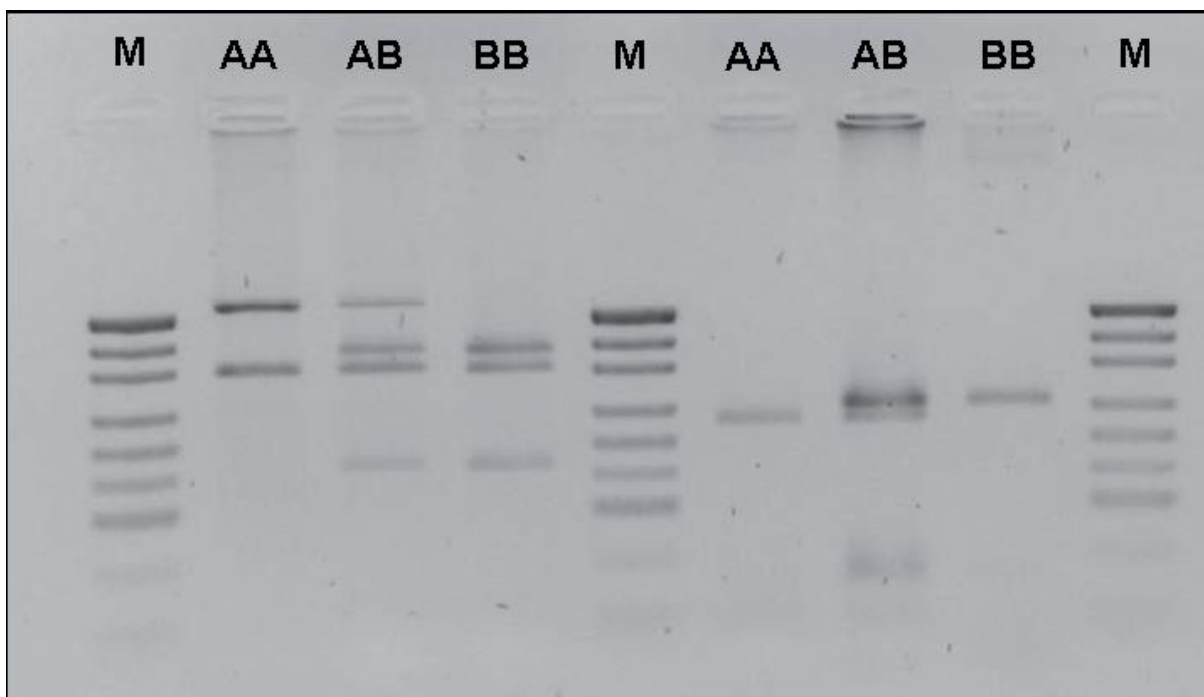
5.6 Gen pro inzulínu podobný růstový faktor (IGF)

5.6.1. Fyziologické funkce

Inzulínu podobný růstový faktor je bazický polypeptid o 70 aminokyselinách. Jeho receptor se nachází na buněčné membráně a podobá se inzulínovému receptoru. Snížená koncentrace IGF vede ke zmnožení IGF receptorů. Nejdůležitějším místem pro syntézu IGF jsou játra, ale je obsažen i v jiných orgánech. Inzulínu podobný růstový faktor je považován za kandidátní gen pro masnou užitkovost a plodnost. Je jedním z nejdůležitějších růstových faktorů ovlivňujících růst kostry a hlavním prostředníkem růstového hormonu. Tento protein hraje důležitou fyziologickou roli v růstu a vývoji před narozením, jak lokálně v některých orgánech, tak globálně prostřednictvím cirkulujícího *IGF*, je důležitým faktorem v řadě metabolických pochodů a má některé vlastnosti podobné inzulínu (Werner *et al.*, 1994, Ge *et al.* 2001). Studie naznačují, že podporuje růst a buněčné dělení v mnoha tkáních. Výsledky ukazují na možnost asociace s obsahem libového masa a s konverzí krmiva.

5.6.2 Struktura genu

IGF byl identifikován ve studii a nachází se v nekódující oblasti intronu (Moody *et al.*, 1996). U skotu byl gen *IGF* mapován na chromozómu číslo 5. U *IGF* byly pozorovány dvě alelické varianty (*A* a *B*). Genotyp *AA* je charakterizován přítomností dvou restričních fragmentů 226 bp a 23 bp, kdežto genotyp *BB* přítomností jednoho fragmentu o délce 249 bp, heterozygotní jedinci *AB* mají tři fragmenty 249, 226 a 23 bp (obr. 6).



Obr. 6 PCR fragmenty u genu *IGF1*

M: marker molekulové hmotnosti,

zdroj: Szewczuk *et al.* (2011)

5.6.3 Asociace s užitkovými vlastnostmi

Hayden *et al.* (1993) a Stisk *et al.* (1998) naznačují, že vztah mezi růstem a koncentrací IGF může ovlivnit příjem krmiva v rané fázi růstu. Telata s genotypem *AB* získala o 12,31 kg více než telata s genotypem *BB*. Efekt pohlaví nebyl u žádného znaku statisticky významný. Ge *et al.* (2001) uvádějí že frekvence alely *A* a *B* u plemene angus byla 0,64 a 0,36. Výsledky v dosavadních studiích neprokázaly žádnou asociaci mezi tímto polymorfismem a růstem jatečně upraveného těla.

Tab 4 ukazuje, že krávy s genotypem *AB* měly vyšší hmotnost ve 3. měsíci než krávy s genotypem *BB*. Telata s genotypem *AB* měla o 12,31 kg více než telata s genotypem *BB*. Významný vliv na porodní hmotnost, hmotnost v 6 a ve 12 měsících a v denním přírůstku však zjištěn nebyl (Chung *et al.*, 2005).

Tab. č. 4 Asociace mezi genotypy genu *IGF* a parametry růstu

Genotyp	AA	AB	BB
Porodní hmotnost	23,46±1,41	22,85±1,38	22,38±1,50
Hmotnost ve 3 měs.	70,72±6,71	75,05±5,06	62,74±4,46
Hmotnost v 6 měs.	124,56±11,31	128,72±7,01	123,62±7,53
Hmotnost ve 12 měs.	186,52±18,09	191,33±11,02	189,62±12,65
Denní přírůstek	0,51±0,07	0,52±0,06	0,52±0,06

Zdroj: Chung and Kim (2005)

5.7 Thyreoglobulin (TG5)

5.7.1 Fyziologické funkce

Thyreoglobulin je považován za kandidátní gen pro obsah intramuskulárního tuku. Produkt tohoto genu je prekurzorem pro thyroïdní hormony štítné žlázy, triiodothyroninu a tetraiodothyroninu, které se podílejí na vzniku a diferenciaci tukových buněk (Barendse *et al.*, 1997) Hladina triiodothyroninu a tyroxinu ovlivňuje intenzitu metabolismu a je asociována s ukládáním intramuskulárního tuku a vývojem tukových buněk (Mars *et al.*, 2001). Thyroglobulin je bílkovinový dimer o velikosti 660 kDA produkovaný výhradně ve štítné žláze a je nutný k syntéze hormonů štítné žlázy tyroxinu.

5.7.2 Struktura genu

Thyreoglobulin je lokalizován na 14. chromozómu a obsahuje 37 exonů. Velikost genu je 550 bp (Barendse, 1990).

5.7.3. Asociace s užitkovými vlastnostmi

Homozygotní jedinci pro mutovanou alelu dosahovali vyššího marbling skóre a měli vyšší obsah intramuskulárního tuku. Alela bez mutace má pozitivní asociaci k ploše nejdelšího zádového svalu *m. longissimus dorsi*. Byla nalezena T/C substituce na pozici 537 bp v DNA sekvenci. Barendse *et al.* (2004) potvrdil asociaci alely *T* s vyšším marbling skóre.

5.8 Gen pro stearoyl CoA denaturáza (*SCD*)

5.8.1 Fyziologické funkce

SCD je genetický marker pro nutriční hodnotu masa. Produktem genu stearoyl-CoA denaturázy je enzym odpovědný za přeměnu nasycených mastných kyselin v jednoduché nenasycené kyseliny v savčích adipocytech. Jde hlavně o kyselinu stearovou a kyselinu palmitovou (Keating *et al.*, 2006). Gen *SCD* je významně asociován s kyselinou olejovou a nenasycenými mastnými kyselinami a je důležitým faktorem pro chuť a kvalitu hovězího masa (Shin *et al.*, 2006).

5.8.2 Struktura genu

Gen *SCD* byl lokalizován na chromozómu číslo 26. Délka tohoto genu je 5331 bp. Skládá se ze 6 exonů a 5 intronů (Taniguchi *et al.*, 2004). V genu *SCD* bylo objeveno 9 různých mutací, u jedné z nich byl zjištěn vliv na procentický obsah jednotlivých mastných kyselin.

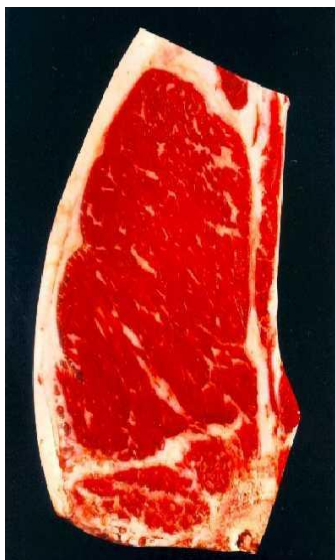
5.8.3 Asociace s užitkovými vlastnostmi

Taniguchi *et al.* (2004) sledoval vztah mezi *SCD* genotypem a složením mastných kyselin a bodem tání tuku po porážce u japonského černého skotu. Odhalil aminokyselinovou substituci valinu na alanin. Z výsledků je patrné, že alaninová varianta snižuje bod tání intramuskulárního tuku. Na pozici 878 bp v DNA sekvenci byla zjištěna pozitivní asociace mezi alaninovou variantou *SCD* genu a obsahem nenasycených mastných kyselin. Kyselina muristová a kyseliny stearové vykazovali jedinci s genotypem *GG*. Vztah mezi *SCD* a *JUT* a výškou hřbetního sádla zjištěn nebyl, avšak byla pozorována nízká souvislost s intramuskulárním mramorováním masa. Genotyp *GA* vykazoval významnou asociaci s mramorováním v porovnání s jinými genotypy. U heterozygotních jedinců byl zjištěn nejvyšší stupeň mramorování.

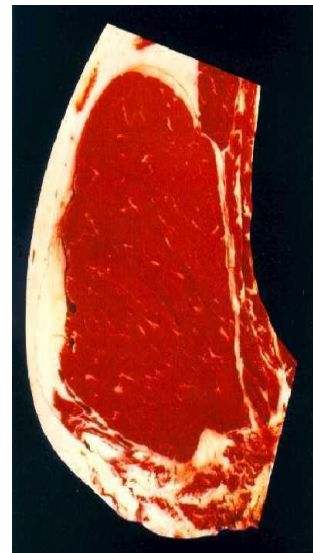
5.9. Gen pro diacylglycerol O-acyltransferázu (DGAT)

5.9.1 Fyziologické funkce

Gen *DGAT1* je kandidátní gen pro mramorování masa (obr. 7 a obr. 8) a pro množství tuku v mléce. Gen *DGAT1* kóduje enzym diacylglycerol O-acyltransferázu. Produktem genu *DGAT1* je mikrozomální enzym, který se velkou měrou podílí na metabolismu triacylglyceridů. Hraje důležitou roli v metabolismu buněčného diacylglycerolu, v procesech ukládání lipoproteinů a tvorby tukové tkáně. Diacylglycerol O-acyltransferase má účinek především na sval *m. semitendinosus* a zvyšuje obsah intramuskulárního tuku. Jeho produkty se přímo podílejí na syntéze triglyceridů. Gen *DGAT1* má vztah k tučnosti mléka. Myši s nefunkčním genem nejsou schopny produkovat mléko a mají sníženou schopnost vytvářet svalový tuk (Smith *et al.*, 2000).



Obr. 7 Střední mramorování



Obr. 8 Jemné mramorování

Zdroj: <http://www.osel.cz/index.php?clanek=193>

5.9.2 Struktura genu

Gen *DGAT1* se nachází na 14. chromozomu a byl identifikován jako kandidátní gen pro obsah tuku. Gen obsahuje 17 exonů a celková délka je 8,6 kb (Grisart *et al.*, 2006).

5.9.2 Asociace s užitkovými vlastnostmi

V několika studiích byla pozitivní asociace mezi genotypem genu *DGATI* a obsahem intramuskulárního tuku, všechny tyto studie byly prováděny u holštýnského plemene. Thaller *et al.* (2002) zveřejnil signifikantní asociaci alely *Q* s obsahem intramuskulárního tuku u plemene holštýn a charolais. Polymorfismus K232A je spojován se změnami v syntéze tuků (Winter *et al.*, 2002). Lisinová varianta genu výrazně zvyšuje obsah intramuskulárního tuku. Tento rozdíl byl zjištěn pouze mezi homozygoty.

5.10 Gen signálního snímače aktivátoru transkripce (*STAT5A*)

5.10.1 Fyziologické funkce

STAT5A (signal transducers and activators transcription) představuje skupinu transkripčních faktorů a je velmi důležitým intracelulárním mediátorem prolaktinu a v reakci na prolaktin může aktivovat transkripci genů pro mléčné proteiny (Wakao *et al.*, 1994). Na cílových genech je známý jako hlavní mediátor růstového hormonu a prolaktinu o cílových genů (Argetsinger and Carter-Su, 1996). Jeho produktem je enzym, který je zodpovědný za přeměnu nasycených mastných kyselin v jednoduché nenasyčené mastné kyseliny. *STAT5A* byl poprvé identifikován v mléčné žláze a zpočátku byl znám jako faktor mléčné žlázy.

5.10.2 Struktura genu

STAT5A existuje v izoformách A a B, která se liší v karboxylovém konci molekuly proteinu a jsou kódovány geny *STAT5A* a *STAT5B*. Oba geny se nachází blízko sebe a byly mapovány na chromozomu 19q17 (Goldammer *et al.*, 1997). *STAT5A* se skládá z 19 exonů kódujících 794 aminokyselinových řetězců. U *STAT5A* bylo nalezeno několik mutací.

5.10.3 Asociace s užitkovými vlastnostmi

Ve věku 9 a 15 měsíců byla zjištěna o 27,5-33kg vyšší hmotnost u býků s genotypem *CC* s porovnáním s heterozygoty *CT*. Genotyp *CC* je spojován s výrazně rychlejším růstem. Studie ukázala, že býci s genotypem *CC* konzumují méně krmiva, sušiny a bílkovin a zároveň vykazují lepší konverzi krmiva než *CT* býci. Genotyp *CT* v exonu 7 významně ovlivňuje 5 ze 17 znaků jatečně upraveného těla. Nejvýznamnější je hmotnost JUT za studena, která byla o 20 kg vyšší u býků s genotypem *CC* než u býků s genotypem *iCT*. . (Flisikowski *et al.*, 2003)

6. POUŽITÁ LITERATURA

Argetsinger, L., S., Cartey-SU C., 1996: *Growth hormone signalling mechanisms: involvement of the tyroxine dinase JAK2*. Hormone Research, 45, 22-24.

Bachman, K. 1992 *Nuclear DNA markers in angiosperm taxonomy*, Acta Botanica Neerlandica, 83, 944-953.

Barash, I., A., Chung, C., C., Weigle, D., S., Ren, H., Kabigting, E., B., Kujper, L., J., 1996: *Leptin is a metabolit signal to the reproductive system*. Endocrinology, 137, 3144-7.

Barendse W. 1997: *Assessing Lipid Metabolism*, Patent Publication, 9.

Barendse, W., J., Bunch, R., Thomas, M., Armitage, S., Baund, S., Donaldson, N., 2005 *The TG5 thyroglobulin gene test for a marbling quantitative trait loci evaluated in feedlot cattle*, Australian Journal of Experimental Agriculture, 44, 669-674.

Beauchamp, J., R., Heslop, I., Yu, W., Tajbahash, R., 2000: *Expresion of CD34 and MyF5 defines the majority of quiescent adult skeletal muscle satellite cells*, J. Cell. Biol., 11, 1221-1234.

Braun, T., Buschhausen-Denker, G., Tannich, E., Arnold, H., H., 1988a: *Cellular and Molecular Biology of Muscle Development*, Symposia on Molecular and Cellular Biology. vol.38, 299-389.

Braun, T., Bober, E., Winter, B., Rosenthal, N., Abold, H., H., 1990: *Myf6 a new member of the human gene family of myogenic determination factor: evidence for a gene cluster on chromoseme*, EMBO J, 9, 821-831.

Blott, S., Kim, J., J., Moisiso, S., Schmidt-Kuntzel, A., Cornet, A., Berzi, P., Cambisano, N., Ford, C., Grisart, B., Johnson, D., Karim, L., Simon, P., Snell, R., Spelman, R., Wong, J., Vilkki J., Georges, M., Farnir, F., Coppieters, W., 2003: *Molecular dissection of a quantitative trait locus: a phenylalanine-to-tyrosine substitution in the transmembrane domain of the bovine growth hormone receptor is associated with a major effect on milk yield and composition*, Genetics, 163, 253-266.

Ciesak, D., Kuryl, J., Kapelanski, W., Pierzchala, M., 2002: *A relationship between genotypes at MYOG, MYF3 and MYF5 loci and carcass meat and fat deposition traits in pigs*, J. Anim. Breed. Genet., 20, 77-92.

Di Stasio, L., Sartore, S., Albera, A., 2002: *Lack of association of GHI and POU1F1 gene variants with meat production traits in Piemontese cattle*, Anim. Genet., 33, 61-64.

Di Stasio, L., Brugiapaglia, A., Destefanis, G., Albera, A., Sartore, S., 2003: *GHI as candidate gene for variability of meat production traits in Piemontese cattle*, J. Anim. Breed. Genet., 120, 358-361.

Di Stasio, L., Destefanis, G., Brugiapaglia, A., Albera, A., Rolando, A., 2005: *Polymorphism of the GHR gene in cattle and relationships with meat production and quality*, Animal Genetics, 36, 138-140.

Eggen, A., 2012: *The development and application of genomic selection as a new breeding paradigm*, Animal Front., vol. 2, 10-15.

Etherton, T., D., Bauman, D., E., 1998: *Biology of somatotropin in growth and lactation of domestic animals*. Physiological Reviews, 78, 745-761.

Fitzimmons, C., J., Schmutz, S., M., Bergen, R., D., Mckinnon, J., J., 1998: *A potential association between the BM 1500 microsatellite and fat deposition in beef cattle*, Mammalian Genome, 9, 432-4.

Flisikowski, K., Oprzadek, J., Dymnicki, E., Zwierzchowski, L., 2003: *New polymorphism in the bovine STAT5A gene and its association with meat production traits in beef cattle*. *Animal Science Papers and Reports*, vol. 21, no. 3, 147-157.

Goldammer, T., Meyer, L., Seifert, H., M., Brunner, R., M., Schwerin, M., 1997: *STAT5A encoding gene maps to chromosome 19 in cattle and goat and chromosome 11 in sheep*. *Mammal Genome*, 8, 705-706.

Gazdová, V., Verner, J., Humpolíček, P., 2006 *Geny MYOD rodiny v masné užitkovosti prasat plemene české bílé ušlechtilé*, *Acta fylotechnica et zootechnica*, mimořádné číslo, 9-10.

Ge, W., Davis, M., E., Hines, H., C., Irvin, K. M., Simmen, R., C., M., 2001: *Association of genetic marker with blood serum insulin-like growth factor I concentration and growth traits in Angus cattle*, *Journal of Animal Science*, 81, 641-648.

Ge, W., Davis, M., E., Hines, H., C., Irvin, K., M., 1999: *Two-allelic DGGE polymorphism detected in a promoter region of bovine GHR gene*, *Animal Genetics*, 30, 71.

Glaum, S., R., Hara, M., Bindokas, V., P., Lee, C., C., Podonsky, K., S., Bell, G., I., Miller, R., J., 1996: *Leptin, the obese gene product, rapidly modulates synaptic transmission in the hypothalamus*. *Molecular Pharmacology*, 50, 230-5.

Grobet, L., Martin, L., J., R., Pronclet, D., Pirottin, D., Brouwers, B., Riquet, J., Schoeberlin, A., 1997: *A deletion in the bovine myostatin gene cause the double-muscléd phenotype in cattle*, *Nature Genetics*, 17, 71-74.

Grobet, L., Ponclet, D., Royo, L., J., Brouwers, B., Pirottin, D., Michaux, C., Menissier, F., Zanotti, M., Dunner, S., Georges, M., 1998: *Molecular definition of an allelic series of mutations disrupting the myostatin function and causing double-muscling in cattle*, *Mammalian Genome*, 9, 210-213.

Grisart, B., Coppietersm W., Farnir, F., Karim, L., Ford, Ch., Berzi, P., 2001: *Positional candidate cloning of a QTL in dairy cattle: Identification of a missence mutation in the bovine DGATI gene with major effect on milk yield and composition*, Cold Spring Harb, 12, 222-231.

Gonzalez-Cadavid, N., F., Taylor, W., E., Yarasheski, K., Sinha-Hikim, I., Ma, K., Ezzat, S., Shen, R., Lalani, R., Asa, S., Mamita, M., Nair, G., Arves, S., Bhasin, S., 1998: *Organization of the human myostatin gene and expression in healthy men and HIV-infected men with muscle wasting*, Proc. Natl. Acad. Sci. 95, 14938-14943

Hasty, P., Bradley, A., Morris, J., H., Edmonson, D., G., Venuti, J., M., Oslon, E., N., Klein, W., H., 1993: *Muscle deficiency and neonatal death in mice with a target mutation in the myogenin gene*, Nature, 365, 501-6.

Hale, C., S., Herirng, W., O., Shibuya, H., Lucy, M., C., Lubahn, D., B., Keisler, D., H., Johnson, G., S., 2000: *Decreased growth in Angus steers with short TG-microsatellite allele in the P1 promoter of the growth hormone receptor gene*, J. Anim. Sci., 78, 2099-2104.

Hradecká, E., Řehout, V., Čítek, J., 2006: *Polymorfismus genu pro receptor růstového hormonu u býků holštýnského a českého strakatého skotu*, Acta fytotechnica et zootechnica, mimořádné číslo, 224-227.

Hughes, S., M., Taylor, J., M., Tapsco, S., J., Gurley, C., M., Carter, W., J., Peterson, C., A., 1993: *Selective accumulation of MyoD and myogenin mRNAs in fast and slow adult skeletal muscle is controlled by innervation and hormones*, J. Anim. Sci., 118, 1137-47.

Chang, K., Ch., Fernandes, K., Chantler, P., D., 1995: *Cloning and in vivo expression of the pig MyoD gene*, J. Muscle Res. Cell Motill, 122, 2074-2080.

Chikuni, K., Nagatsuma, T., Tabata, T., Minma, M., Saito, M., Ozawa, S., Ozutsumi, K., 1994: *Genetic variants of the growth hormone gene in Japanese cattle*, Animal Science and Technology, 65, 340-346.

Chikuni, K., Terada, F., Kageyama, S., Koishikawa, T., Kato, S., Ozutsumi, K., 1991: *Identification of DNA sequence variants for amino acid residues 127 of bovine growth hormone using the polymerase chain reaction method*, Anim. Sci. Technol., 62, 660-666.

Chikuni K., Fukumoto Y., Tanabe R., Murosu S., (1997): A simple method for genotyping the bovine growth hormone gene. Animal Genetics, 28, 230-232.

Chung, E., R., Kim, W., T., 2005: *Association of SNP Marker in IGF-I and MYF Candidate Genes with growth Traits in Korean Cattle*, J. Anim. Sci., 18, 1061-1065.

Jakubec, V., Říha, J., Majzlík, I., Bjelka, M., 2003: *Teorie a praxe selekce hospodářských zvířat*.

Jammes, H., & Djiane, J., 1996: *Le récepteur de la GH peut-il constituer un marqueur de la variabilité des capacités de croissance entre types génétiques? Etude chez le bœuf, le ovine et le lapin*. INRA Productions Animales, 9, 228-231.

Jiang, H., Lucy, M., C., 2001b: *Involvement of hepatocyte nuclear factor-4 in the expression of the growth hormone receptor 1A messenger ribonucleic acid in bovine liver*, Mol. Endocrinol., 15, 1023-1034.

Jiang, Z., H., John, P., G., 1999: *Genetic polymorphism in the leptin gene and their association with fitness in four pig breeds*, Mammalian Genetics, 10, 191-195.

Juany, H., A., Lucy, M., C., 2001: *Variants of the 5'-untranslated region of the bovine growth hormone receptor mRNA: isolation, expression and effects on translational efficiency*. General, Animal Genetics, vol. 265, 85-98.

Karim, L., Coppetiers, W., Grobet, L., Valentini, A., Georgers, M., 2000: *Convenient genotyping of six myostatin mutations causing doublemuscling in cattle usány a multiplex oligonucleotide ligation assay*. *Animal Genetics*. 31, 396-399.

Kišacová, J., Kúbek A., Trakovická, A., 2006: *Genetický polymorfizmus génu MYF-5 u hovadzieho dobytká*, *Acta fyotechnica et zootechnica*, mimořádné číslo, 204-207.

Keating, A., F., Kennelly, J., J., Zhao, F., Q., 2006: *Characterization and regulation of the bovine stearoyl-CoA denaturase gene promoter*, *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 334, 233-240.

Kobayashi, Y., Boyd, C., K., Bracken, C., J., Lamberson, W., R., Keisler, D., H., Lucy, M., C., 1999: *Reduced growth hormone receptor (GHR) messenger ribonucleic acid in liver of periparturient cattle is cause by a specific down-regulation of GHR 1A that is associated with decreased insulin-like growth factor I*, *Endocrinology*, 140, 3947-3954.

Kratochvílová, H., Stupka, R., Čítek J., Šprysl M., Okrouhlá, M., Dvořáková, V. (2009b): *The influence of the genes MYOG and MYF6 on selected indicators of the fattening capacity and the carcass values of pig*, *RESEARCH IN PIG BREEDING*, 19-21.

Kury, J., Kapelanski, W., Cieslak, D., Pierzchala, M., Grajewska, S., Bocian, M., 2002: *Are polymorphism in non-coding regions of porcine MyoD genes suitable for Predicting meat and fat deposition in the carcass?* *Animal Science Papers and Reports*, 20, 245-254.

Langley, B., Thomas, M., Bishop, A., Sharma, M., Gilmour, S., Kambadur, R., 2003: *Myostatin inhibits myoblast differentiation by downregulating Myod expression*. *Journal of Biological Chemistry*, 277, 49831-49840.

Ledvina, M., 1993: *Biochemie UK*, 390.

Mears, GF., J., Mir. P., S., Bailey, D., R., C., Jones, S., D., M., 2001: *Effect of Wagyu genetics on marbling backfat and circulating hormones in cattle*, *Can. J. Anim. Sci.*, 81, 65-73.

McPherron, A., C., Lee, S., J., 1998: *Double muscling in cattle due to mutations in the myostatin gene*, Proceedings of the National Academy of Sciences in the United States of America, 94, 12457-12461.

McPherron, A., C., Lawler, A., M., Lee, S., J., 1997: *Regulation of skeletal muscle mass in mice by a new TGF- β superfamily member*, Nature, 387, 83-90.

Moody, M., D., E., Pomp, D., Barendse, W., Womack, J., E., 1995: *Assignment of the growth hormone receptor gene to bovine chromosome 20 using linkage analysis and somatic cell mapping*, Animal Genetics 26, 341-343.

Moddy, D., E., Pomp, D., Barendse, W., 1996: *Linkage mapping of the bovine insulin-like growth factor 1 receptor gene*, Mammalian Genome, 7, 230-235.

Mullis, K., B., Fallona, F., A., 1987: *Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase-catalysed chain reaction*, Method in Enzymatology, 335-350.

Neubauerová, V., *Detekce polymorfismu genetických markerů u skotu*, [HTTP://WWW.Xarquon.jcu.cz/zf/veda_a_vyzkum/svoc_a.../Neubauerová.rtf](http://WWW.Xarquon.jcu.cz/zf/veda_a_vyzkum/svoc_a.../Neubauerová.rtf)

Olson, E., 1990: *MyoD family: a paradigm for development?*, Genes Development, 4, 1454-1461.

Orita, M., Iwahana, H., Kanazawa, H., Hayashi, K., Sekiya, T., 1989: *Detection of polymorphism of human DNA by gel electrophoresis as single strand conformation polymorphism*, Proc. Natl. Acad. Sci., 86, 2766 – 2770.

Pfister-Genskow, M., Hayes, H., Eggen A., Bishop, M.D., 1996: *Chromosomal localization of the bovine obesity gene*, Mamm. Genome, 7, 398-399.

Pilla, A., M., Napolitano, F., Moiollo, B., M., Puppo, S., Pilla, F., Carretta, A., 1994: *Association between restriction fragment length polymorphism and quantitative traits in*

Piemontese x Chianina crossbred, Proceedings Of the 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 21, 2854-287.

Rosenbloom, A., L., Guevara-Aguirre, J., 1998: *Lessons from the Genetics of Laron Syndrome*, Trends in Endocrinology & Metabolism, 9, 276-283.

Rudnicki, M., A., Schnegelsberg, P., N., Stead, R., H., Braun, T., Arnold, H., H., Jaenisch, R., 1993: *MyoD or Myf-5 is required for the formation of skeletal muscle*, BioEssays, 75, 1351-1359.

Řehout, V., Čítek, J., Sáková, L., 2000: *Mendelistická genetika*, Genetika I ZF JU.

Saiki, R., K., Geffand, D., H., Stoffel, S., Scharf, S., J., Higuchi, R., Horn, G., T., Mullis, K., B., Erlich, H., A., 1988 *Primer-directed enzymatic amplification of DNA with thermostable DNA-polymerase*, Science, 239, 487 – 491.

Shin, C., S., 2006: *The Development of DNA markers related to carcass and meat quality*. Meat sci., 74, 17-33.

Smith, J., Lewis, A., Wiener, P., Williams, J., 2000: *Genetic variation in the bovine myostatin gene in UK beef cattle: allele frequencies and haplotype analysis in the South Devon*, Animal Genetics, 31, 306-309.

Smith, S., B., Clare A., G., David, K., L., Matthew A., B., 2009: *Regulation fat and fatty acid composition in beef cattle*, J. Anim. Sci., 22, 1225-1233.

Sova, Z., Bukvaj, J., Koudela, K., Kroupová, V., Pješćak, M., Podaný, J., 1990: *Fyziologie hospodářských zvířat*.

Soumillion, A., Erkens, J., H., F., Lenstra, J., A., Rettenberger, G., Te Pas M., F., W., 1997: *Genetic variation in the porcine myogenin gene locus*, Mamm. Genome., 8, 37-38.

Suzuki, Y., Orita, M., Shirasahi, M., Hayashi, K., Sekiya, T., 1990: *Detection of ras gene mutations in human lung cancers by single-strand conformation polymorphism analysis of polymerase chain reaction product*, *Oncogene*, 52, 11-17.

Szewczuk, M., Zych, S., Czerniawska, E., 2012: *Association between IGF1 / i16/TagI and IGF1 / SnaBI polymorphism and milk production traits in Polish Loston-Friesian cows*, *Animal science Papers and Reports*, 30, 13-24.

Taniguchi, M., Utsugi, T., Oyama, K., Mannen, H., Kobayashi, M., Tanabe, Y., Ogino, A., Tsuji, S., 2004: *Genotype of stearyl-CoA denaturase is associated with fatty acid composition in Japanese Black cattle*, *Mammalian genome* 15, 116-118.

Thaller, G., Kramer, W., Winter, A., Kaupe, B., Erhardt, G., Fries, R., 2003a: *Effects of DGATI variants on milk production traits in German cattle breeds*, *J Anim Sci.*, 81, 1911-1918.

Ujan, J., A., Zan, L., S., Wang, H., B., Ujan, S., A., Adoligbe, H., Wang, C., Biao, S., F., 2011: *Lack of an association between a single nucleotide polymorphism in the bovine myogenic determination 1 (MyoD1) gene and meat quality traits in indigenous Chinese cattle breeds*, *Genetics and Molecular Research*, 10, 2213-222.

Van Eenennaan, A., L., 2005: *Genetic engineering and animal agriculture*. *Genetic Engineering Fact Sheet*, 7, 1-4.

Verner, J., Humpolíček, P., Knoll, A., 2007: *Impact of MYOD family genes on pork traits in Large White and Landrace pigs*. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 124, 81-85.

Vitala, S., Styda, J., Blity, S., Schulman, N., Lidauer, M., Maki-Tanila, Georges, M., Vilkou, J., (2006) *The Role of the Bovine Growth Hormone Receptor and Prolactin Receptor Genes in Milk, Fat and Protein Production in Finnish Ayrshire Dairy Cattle*. *Genetics*, 173, 2151-2164.

Vykoukalová, Z., 2005: Variabilita genů MYF6, IGF2 a ACSL4 u prasat, *Disertační práce*

Wallis, M., Davies, R., D., 1976: *Studies on the chemistry of bovine and rat growth hormones*. In Pecile, A., Muller, E., E., *Growth Hormone and Related Peptides*, Excerpta Medica, 1-13.

Werner, H., M., Adamo, C., Roberts T., LeRoith D., 1994: *Molecular and cellular aspect of insulin-like growth factor action*. *Vitam.Horm*, 124, 81-85.

Weintraub, H., Davis, R., Tapscott, S., Thayer, R., Krause, M., Benezera, R., Blackwell, T., K., Turner, D., Rupp, R., Hollenberg, S., Zhuang, Y., Lassar, A., 1991: *The MyoD gene family: nodal point dutiny specification of the muscle cell lineage*, 251, 221-231.

Weiner, P., Smith, J., A., Lewis, A., M., Woolliams, J., A., Williams, J., L., 2002: *Musile-related traits in cattle: the role of the myostatin gene in the South Devon breed*. *Genetics Selection Evolution*, 34, 221-231.

Weiner, P., Burton D., Williams, J., L., 2004: *Bred relationships and definition in British cattle: a genetics analysis*, *Heredity* 83, 127-134.

Winter, A., Kramer, W., Werner, F., A., O., Kollers, S., Kata, S., Durrstewity G., Buitkamp, J., 2002: *Association of a lysine-232/ alanine polymorphism in a bovine gene encoding acyl-Coa: diacylglycerol acyltransferase (DGAT1) with variation at a quatitatiove trait locus for milk fat content*, *PNAS*, 99, 9300-9304.

Yang, D., Chen, H., Wang, X., Tian, Z., Tang, L., Zhang, Z., Lei, C., Zhang, L., Wang, Y., 2007: *Association of polymorphism of leptin gene with body weight and body size indexes in Chinese indigenous cattle*. *Journal of Genetics and Genomics*, 34, 400-5.

Yerle, M., Lahbib-Mansais, Y., Thomsen, P., D., Gellin, J., 1993: *Localization of the porcine growth hormone gene to chromosome 12p1.2-p1.5*, *Animal Genetics*, 24, 129-131

Zadworny, D. Kuhnelein, V., 1990: *The identification of the Kappa Kasein genotype in Holstein dairy cattle using Polymerase Chain Reaction*, Theoretical and Applied Genetics, 80, 631-634.

Zhang, R., F., Chen, H., Lei, C., Z., Zhang, C., L., Lan, X., Y., Zhang, Y., D., Zhang, H., J., Bao, B., Niu, H., Wang, X., Z., 2007: *Association between Polymorphism of MSTN and MYF5 Genes and Growth Traits in Three Chinese Cattle Breeds*, Asian-Australasian journal of animal sciences, vol.20, No.12, 1798-1804.

Zhang, H., M., Brown, D., R., DeNise, S., K., Ax, R., L., 1993: *Rapid communication: polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism analysis of the bovine somatotropin gene*, Journal of Animal Science 71, 2276.

Zhang, F., Basinski, M., B., Brala, M., J., Briggs, S., L., Churgay, L., M., Clawson, D., K., DiMarchi, R., D., Furman, T., C., Hale, J., E., Hsiung, H., M., Schner, B., E., Smith, D., P., Zhang, X., Y., Wery, P., J., Schevitz, R., W., 1997 *Crystal structure of the obese protein leptin-E100*. Nature, 39, 62-70.

Zijlstra, J., Felley-Bosco, E., Amstad, P., Cerruty, P., 1990 *A mammalian mutation system avoiding phenotypic selection: the RFLP/PCR approach*, Prog Clin Biol Res, 347, 187-200.

7. SEZNAM POUŽITÝCH ZKRATEK

A	adenin
bp	<i>base pair</i> ; pár bází
C	cytosin
DGAT	<i>dyacylglycerol O-acyltransferase</i>
DNA	<i>deoxiribonucleic acid</i> ; deoxyribonukleová kyselina
G	guanin
GDF8	<i>growth differentiation factor 8</i> ; myostatin
GH	<i>growth hormone</i> ; růstový hormon
GHR	<i>growth hormone receptor</i> ; receptor růstového hormonu
IGF	<i>insulin-like growth factor</i> ; inzulínu podobný růstový faktor
JUT	jatečně upravené tělo
MAS	<i>marker assisted selection</i> ; markery asistovaná selekce
MYF3	<i>myogenic factor 3</i>
MYF4	<i>myogenic factor 4</i>
MYF5	<i>myogenic factor 5</i>
PCR	<i>polymerase chain reaction</i> ; polymerázová řetězová reakce
RFLP	<i>restriction fragment length polymorphism</i> ; polymorfismus délky restričních fragmentů
SSCP	<i>single-strand conformation polymorphism</i> ; konformační polymorfismus jednořetězové DNA
T	tymin
T3	<i>triiodothyronin</i>
T4	<i>thyroxin</i>
TG5	<i>thyreoglobulin</i>

8. SEZNAM OBRÁZKŮ

Obr. 1 Schéma PCR

Obr. 2 PCR fragmenty u genu *GHR* u japonského skotu

Obr. 3 Příklad nefunkčního genu pro myostatin u plemene belgické modré

Obr. 4 PCR produkt genu *MYF3*

Obr. 5 Optimalizační reakční směs pro gen *MYF5*

Obr. 6 PCR fragmenty u genu *IGF*

Obr. 7 Střední mramorování u hovězího masa

Obr. 8 Jemné mramorování u hovězího masa

9. SEZNAM TABULEK

Tab. 1 Odhady genové substituce a vliv dominance na vybrané produkční znaky

Tab. 2 Průměrný denní přírůstek u českého strakatého skotu podle genotypu *GHR*

Tab. 3 Asociace mezi genotypy genu *MYF5* a vlastnosmi růstu

Tab. 4 Asociace mezi genotypy genu *IGF* a vlastnosmi růstu