

Česká zemědělská univerzita v Praze

Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů

Katedra chovu hospodářských zvířat



**Česká zemědělská
univerzita v Praze**

**Asociační analýza SNP u vybraných kandidátních genů ve
vztahu k ukazatelům kvality vepřového masa**

Diplomová práce

Jan Calta

Biotechnologie a šlechtění zvířat

Ing. Kateřina Zadinová, Ph.D.

© 2020 ČZU v Praze

Čestné prohlášení

Prohlašuji, že svou diplomovou práci "Asociační analýza SNP u vybraných kandidátních genů ve vztahu k ukazatelům kvality vepřového masa" jsem vypracoval samostatně pod vedením vedoucí diplomové práce a s použitím odborné literatury a dalších informačních zdrojů, které jsou citovány v práci a uvedeny v seznamu literatury na konci práce. Jako autor uvedené diplomové práce dále prohlašuji, že jsem v souvislosti s jejím vytvořením neporušil autorská práva třetích osob.

V Praze dne 24. 7. 2020

Poděkování

Rád bych touto cestou poděkoval Ing. Kateřině Zadinové, Ph.D. za důsledné, a hlavně trpělivé vedení celé práce od praktické přípravy až po zpracování výsledků.

Asociační analýza SNP u vybraných kandidátních genů ve vztahu k ukazatelům kvality vepřového masa

Souhrn

Tato práce si kladla za cíl ověřit vliv vybraných SNP na užitkové vlastnosti prasat, ukazatele jatečné hodnoty a kvality vepřového masa.

První část práce je věnována přehledu literatury, který shrnuje poznatky o produkčních ukazatelích v chovu prasat a zejména o kvalitativní stránce jatečné hodnoty. Následně je zmíněna úloha genetických markerů ve šlechtění prasat, a hlavně rešerše přibližuje kandidátní geny *RYRI*, *MC4R*, *CAST*, *FTO* a *IGF2* a z nich vybrané SNP. Každý gen je charakterizován z hlediska biologie a z hlediska dosavadních poznatků z podobných studií.

Druhá část práce obsahuje vlastní výzkum, jenž byl proveden na 71 hybridních jedincích [(Bu × L) × (Bo × Pn)]. Ze získaných vzorků byly zjištěny genotypy pro sedm SNP a následně provedena asociační analýza se zmíněnými ukazateli. Pro srovnání alelových a genotypových frekvencí byly do práce zahrnuty také tři čistokrevné populace (Bu, L, Pn) a divoká prasata.

Analýza odhalila některé statisticky významné rozdíly ($\alpha = 0,05$) mezi genotypy v různých ukazatelích, spousta výsledků však do kontextu dosavadních studií nezapadala. To byl zejména případ SNP c.746G>A v *MC4R*. Studovaný SNP v genu *CAST*, který se objevil pouze ve dvou genotypech, nepřinesl žádné signifikantní rozdíly. Rovněž u SNP v *IGF2* byly detekovány pouze dva genotypy, ovšem v tomto případě byla zjištěna asociace s podílem IMF v kotletě a v pleci (*GA* > *AA*). Analýzy SNP g.400C>G a g.276T>G v genu *FTO* vykázaly velmi podobné výsledky. U zbylých SNP, tedy c.1843C>T v *RYRI* c.707G>A v *MC4R*, asociační analýza nemohla být provedena.

Stanovené hypotézy celkově spíše podpořeny nebyly. K lepším výsledkům by možná vedla větší populace s alespoň částečně řízenou tvorbou požadovaných genotypů.

Klíčová slova: prase, užitkové vlastnosti, kvalita masa, kandidátní gen, SNP

Association analysis of SNPs in selected candidate genes with meat quality traits in pigs

Summary

The goal of this thesis was to verify the influence of selected SNPs on pig production traits and pork quality.

The first part of the thesis covers research, which summarizes the knowledge about production traits in pig farming and especially about the qualitative aspect of carcass value. Subsequently, the role of genetic markers in pig breeding is mentioned, and mainly the research describes candidate genes *RYRI*, *MC4R*, *CAST*, *FTO* and *IGF2* and SNPs chosen for this thesis. Each gene is characterized in terms of biology and in terms of knowledge from similar studies.

The second part of the thesis contains statistical analysis that was performed on 71 crossbred pigs [(LW_D × L) × (LW_S × Pn)]. Genotypes for seven SNPs were determined from the obtained samples and association analysis with the mentioned traits was performed. To compare allele and genotype frequencies, three purebred populations (LW, L, Pn) and wild boar were also included in this thesis.

The analysis revealed some statistically significant differences ($\alpha = 0.05$) between genotypes and various traits, but many of the results were inconsistent with previous studies. This was especially the case for SNP c.746G> A in *MC4R*. The studied SNP in the *CAST* gene, which appeared only in two genotypes, did not show any significant differences. Two genotypes were detected also in SNP in the *IGF2* gene, however in this case an association with IMF in loin and shoulder (GA > AA) was found. Analysis of SNPs g.400C> G and g.276T> G in the *FTO* gene showed very similar results. For the remaining SNPs, i.e. c.1843C> T in *RYRI* c.707G> A in *MC4R*, the association analysis could not be performed.

Overall, the established hypotheses were rather not supported. Larger population with at least partially controlled formation of the desired genotypes may lead to better results.

Keywords: pig, production traits, meat quality, candidate gene, SNP

Obsah

1 Úvod	8
2 Vědecká hypotéza a cíle práce	9
3 Literární rešerše.....	10
3.1 Vepřové maso a jeho kvalita.....	10
3.1.1 Rigor mortis a křehkost	11
3.1.2 Barva.....	11
3.1.3 Vaznost	11
3.1.4 pH	12
3.1.5 Tuky.....	12
3.2 SNP jako genetický marker.....	14
3.3 Vybrané kandidátní geny	16
3.3.1 RYR1	16
3.3.2 MC4R	18
3.3.3 CAST	20
3.3.4 FTO.....	22
3.3.5 IGF2.....	24
4 Metodika	26
4.1 Zvířata	26
4.2 Užitkové vlastnosti a kvalita masa.....	26
4.3 Laboratorní rozbor DNA.....	27
4.3.1 Izolace DNA	27
4.3.2 PCR-RFLP.....	27
4.3.3 Elektroforéza.....	27
4.4 Asociační analýza	27
5 Výsledky.....	29
5.1.1 Porovnání alelových a genotypových frekvencí.....	29
5.1.2 RYR1, c.1843C>T	29
5.1.3 MC4R, c.746G>A.....	29
5.1.4 MC4R, c.707G>A.....	30
5.1.5 CAST, p.Ser638Arg.....	30
5.1.6 FTO, g.400C>G	30
5.1.7 FTO, g.276T>G	30
5.1.8 IGF2, g.3072G>A.....	30
5.1.9 Mastné kyseliny	31

6	Diskuze	32
6.1	RYR1.....	32
6.2	MC4R.....	32
6.3	CAST.....	33
6.4	FTO	33
6.5	IGF2	33
6.6	Mastné kyseliny	34
7	Závěr.....	35
8	Literatura.....	36
9	Seznam použitých zkratk a symbolů	46
10	Samostatné přílohy	I
10.1	Alelové a genotypové frekvence	I
10.2	Výsledky asociační analýzy	V

1 Úvod

Chov prasat poskytuje člověku nenahraditelné množství masa, tedy vysoce hodnotných bílkovin. Vzhledem k nárokům trhu se chovatelé a výrobci musejí snažit produkovat maso levně, ovšem při zachování nebo dokonce zlepšování jeho kvality. Na počátku řetězce stojí zootechnická opatření, která mohou fungovat pouze při dostatečném důrazu na genetiku zvířat. Ve šlechtění nebo v tvorbě rodičovských populací se už řadu let uplatňují poznatky z molekulární genetiky, a proto se tato práce soustředí na problematiku tzv. kandidátních genů, jejichž biologická funkce se může jevit jako důležitá z pohledu užitkových vlastností prasat.

2 Vědecká hypotéza a cíle práce

Cílem práce je ověřit vliv vybraných SNP na užitkové vlastnosti prasat a ukazatele jatečné hodnoty a kvality vepřového masa.

Hypotéza A: Sledované SNP u vybraných kandidátních genů mají vliv na ukazatele kvality vepřového masa.

Hypotéza B: Sledované SNP u vybraných kandidátních genů ovlivňují růstovou schopnost a jatečnou hodnotu.

3 Literární rešerše

3.1 Vepřové maso a jeho kvalita

Vepřové maso má v lidské výživě klíčovou úlohu, a proto tvoří asi 37 % masné výroby. V letech 2016 až 2018 se ho celosvětově produkovalo průměrně přes 119 milionů tun ročně. V tomto ohledu jej předčí pouze maso drůbeží (121 milionů tun). Očekává se, že v následujících osmi letech bude výroba vepřového masa nadále růst meziročně zhruba o 1 milion tun, avšak spotřeba na hlavu má mírně klesat. Zejména v Evropě panuje trend upřednostňování drůbežního právě na úkor vepřového (OECD/FAO 2019).

Zabezpečení takového množství masa by nebylo možné bez dosažení odpovídající užitkovosti, kterou chovy sledují z pohledu reprodukčních a produkčních ukazatelů.

Reprodukční užitkovost se vyjadřuje jako průměrný počet selat, která se ročně narodí jedné prasnici. Počítá se tedy jako součin počtu selat ve vrhu a počtu vrhů ročně (Ashworth 2006). Za uplynulý rok v ČR se průměrně narodilo 32,4 selete na prasnici (ČSÚ 2020).

Produkční užitkovost v sobě zahrnuje výkrmnost a jatečnou hodnotu. Výkrmnost je schopností zvířete vytvářet z přijatých živin jatečné produkty a jejími dílčími ukazateli jsou průměrný denní přírůstek a spotřeba krmiva na 1 kg přírůstku (tzv. konverze). Jatečnou hodnotu pak lze definovat jako kvantitativní a kvalitativní hodnotu jatečného zvířete. Mezi kvantitativní ukazatele patří jatečná výtěžnost; podíl libového masa, jenž se zjišťuje v souladu se systémem SEUROP; a výška hřbetního tuku spolu s poměrem masitých, tučných a méněcenných částí. Kvalitativní ukazatele hodnotí barvu, šťavnatost, křehkost, mramorování, vaznost, chuť a vůni masa a tloušťku svalových vláken (Pulkrábek et al. 2005; Stupka et al. 2009).

Vepřové maso se získává z jatečně upraveného těla (JUT), které tvoří dvě k sobě náležející půlky s hlavou a kůží, bez štětin, bez výkrojů očních a ušních, bez mozku, míchy, jazyka, bránice, bráničního pilíře, ledvin, plsti, pohlavních orgánů, špárků, orgánů dutiny hrudní, břišní a pánevní vyňatých s přirostlým tukem (Pulkrábek et al. 2005).

Z látkového složení v JUT prasete převládají tuk (47,0 %) a voda (41,1 %), dále bílkoviny (11,2 %) a popeloviny (0,6 %). V libovém mase se oproti tomu nachází mnohem větší podíl vody (75,1 %) a bílkovin (22,8 %) na úkor tuku (1,2 %) (Heinz & Hautzinger 2007).

Kvalitu masa Stupka et al. (2013) definují jako souhrn nutričních, senzoryckých, technologických a hygienicko-toxikologických vlastností. Rosenvold & Andersen (2003) uvádějí, že pro kvalitu vepřového masa je klíčovým hlediskem také udržitelnost pro navazující zpracování a skladování, a to včetně vystavování v obchodech. Z tohoto pohledu jsou v popředí zájmu vaznost, barva, obsah a složení tuku, oxidativní stabilita a uniformita.

Technologická kvalita je komplexní znak masa, jenž ovlivňuje mnoho vzájemně provázaných faktorů. Ty lze dělit na vnitřní a vnější. Mezi vnitřní spadají genotyp, plemeno, pohlaví, stáří a jatečná hmotnost. Vnější faktory pak zahrnují výživu, teplotu, světlo, ustájení, pohyb, techniku a technologii porážky, chlazení či skladovací podmínky (Hovorka 1983; Rosenvold & Andersen 2003).

3.1.1 Rigor mortis a křehkost

Rigor mortis, neboli posmrtná ztuhlost, označuje změny, které ve svalu nastávají během několika hodin v důsledku ukončení dodávky kyslíku. Vyčerpání zásob adenosintrifosfátu (ATP) a uvolnění Ca^{2+} ze sarkoplazmatického retikula dávají vzniknout aktinomyozinovému komplexu. Ten je *in vivo* součástí svalového stahu, avšak *post mortem*, tedy v anaerobních podmínkách, se uvolní až díky zrání masa (Černý 2000; Steinhauserová & Steinhauser 2000).

Proces zrání je úzce spojen s vývojem řady kvalitativních vlastností masa, z nichž možná nejkompexnější je křehkost. Křehkost vyjadřuje míru odolnosti vůči skusu a záleží zejména na kontraktálním stavu sarkomer, degradaci myofibrilárních bílkovin a přítomnosti vazivové tkáně. Stav sarkomer podmiňují fyzikální vlivy (anatomie svalů) či biochemické pozadí (ATP, Ca^{2+}) a platí, že čím je sarkomera kratší, tím vyšší je síla potřebná ke stříhu. Degradaci myofibrilárních bílkovin obstarávají přirozeně se vyskytující enzymy, které oslabují jinak poměrně silné struktury svaloviny (cathepsiny, calpains, calpastatin...). U vazivové tkáně pak spotřebitelé pocítí zejména množství a typ kolagenu a elastinu (Kerth 2013).

3.1.2 Barva

Rozhodnutí o koupi masa závisí na barvě více než na kterémkoliv jiném faktoru, neboť pro zákazníky je zbarvení indikátorem čerstvosti a zdravotní nezávadnosti. Vzhledem k ekonomické důležitosti této vlastnosti by výrobci měli rozumět pre- a postmortální chemii barviva myoglobinu, ovšem projevuje se také role dalších látek jako hemoglobinu či cytochromu C a souvisejících faktorů jako pH či hydratačního stavu masa. Současné metody a přístroje pro kvantifikaci barvy masa často pracují s barevným prostorem CIE $L^*a^*b^*$ (Mancini & Hunt 2005).

3.1.3 Vaznost

Vaznost značí schopnost masa zadržet vlastní nebo přidanou vodu, a to i přes působení různých sil jako tlak, zahřátí nebo mletí (Hamm 1961). Vaznost se přitom u masa a masných výrobků může dramaticky lišit. Například v USA bylo odhadnuto, že až polovina vepřového vykazuje příliš velké ztráty odkapem, což výrobcům v konečném důsledku způsobuje ztráty finanční. Nepříjemná ztráta vody znamená snížení hmotnosti JUT a výrobků během jejich zpracování, vyblednutí barvy masa nebo v baleních může způsobit nadměrné nahromadění šňávy (Apple & Yancey, 2013).

Jak už bylo zmíněno výše, libové maso je zhruba ze $\frac{3}{4}$ voda. Nejmenší část tvoří tzv. voda vázaná (4–5 %), kterou pevně zadržují myofibrilární bílkoviny, takže odolá zamražení a uvolnit ji dokáže pouze zvláštní vysoušecí proces. Druhou a majoritní kategorií je voda imobilizovaná, jež se nachází ve strukturách myofibril, avšak už postrádá vazbu na myofibrilární bílkoviny. Proto se tato voda během mražení mění na led a vypařuje se při konvenčním zahřátí. Třetí kategorii představuje voda volná, kterou ve svalu drží pouze slabé kapilární síly. Tato forma opouští maso relativně snadno, proto se vyplácí využít prostředků, které část vody volné dokážou přeměnit na imobilizovanou: sůl, fosfáty či kyseliny (Apple & Yancey, 2013).

3.1.4 pH

Záporný dekadický logaritmus aktivity vodíkových kationtů, jak zní jedna z definic pH (Covington et al. 1985), indikuje kyselost/zásaditost látek. Škála nabývá hodnot od 0 (nejvíce kyselé) do 14 (nejvíce zásadité), kdy 7 je označována jako neutrální pH. Většina masných výrobků dosáhne finálního pH v rozmezí 5,1–6,1 (Davis 2013).

Hodnotám pH je v masném průmyslu rovněž věnována zvláštní pozornost, neboť mají vztah k barvě, vaznosti či údržnosti výrobků. Klíčový je průběh postmortálních změn, kdy probíhá anaerobní glykogenolýza za vzniku kyseliny mléčné. Nejnižší hodnota dosažená během zrání masa nese označení ultimátní pH (pHu). Čím níže se pHu dostane, tím více dochází k denaturaci bílkovin a ztrátě vody odkapem. Nejnižší vaznost má maso v izoelektrickém bodě (5,0–5,1). Jak se pH masa od této hodnoty vzdaluje, vaznost se zvyšuje a barva se kvůli vyšší absorpenci světla jeví tmavší (Bidner et al. 2004; Steinahuserová 2000).

Při abnormálním vývoji pH po porážce je maso náchylné ke vzniku vad, přičemž u vepřového se nejčastěji setkáme s tzv. PSE (zkratka angl. pale, soft exudative = bledé, měkké, vodnaté). K této vadě vede příliš rychlý pokles pH (pod 5,8 v čase 45 min *post mortem*), a tedy přílišná denaturace bílkovin. Výsledkem je produkt, jenž je pro spotřebitele neatraktivní vizuálně, a navíc u něj při vaření dochází ke ztrátě šťavnatosti. Příčiny vady spočívají ve špatném zacházení se zvířaty, krmení či ve vrozené náchylnosti ke stresu (Lee & Choi 1999; Wood & Whittemore 2006). Indikátorem PSE je kromě pH také zvýšená elektrická vodivost masa (EV; nad 7 mS v čase 50 min *post mortem*), která je zapříčiněna větším narušením buněčných stěn (Stupka et al. 2009).

Protipól k PSE představuje DFD maso (zkratka angl. dark, firm, dry = tmavé, tuhé, suché), které vzniká, když mají zvířata před porážkou příliš nízkou hladinu glykogenu ve svalech, čili po porážce nedochází k dostatečnému okyselení (Lee & Choi 1999; Wood & Whittemore 2006).

3.1.5 Tuky

Tuky, estery mastných kyselin a glycerolu, představují 99 % lipidů masa. Mají zásadní význam pro jeho aroma a chuť a mohou pozitivně ovlivnit strukturu (křehkost). U masa se setkáváme s tukem zásobním, což je samostatná (lehce oddělitelná) tkáň, a tukem vnitrosvalovým (intramuskulárním; IMF). IMF se nachází mezi svalovými vlákny, takže vytváří žilkování až mramorování masa a z kulinářského hlediska je jeho obsah velmi důležitým faktorem kvality (Steinhauserová & Steinahuser 2000).

Do analýzy tuku masa běžně spadají informace o celkovém obsahu, profilu mastných kyselin, průběhu degradace (oxidace) lipidů, cholesterolu, lipofilních vitamínech, případně barviv (např. karotenoidů). Oxidace hraje roli zejména v senzorickém hodnocení, zbylé zmiňované ohledy v čele se skladbou mastných kyselin (FA) zkoumá dietetika (Willian 2013).

FA zaujímají ve výživě člověka zvláštní pozici, neboť jejich příjem se výrazně podepisuje na jeho zdraví. FA se dělí na nasycené (SFA), mononenasycené (MUFA) a polynenasycené (PUFA). Maso obecně je bohaté na SFA a chudé na PUFA, a pokud se tato nerovnováha promítá do celého jídelníčku jedince, stává se predispozicí pro celou řadu onemocnění včetně kardiovaskulárních. Ovšem ukazuje se, že na složení FA v mase má významný vliv výživa, stáří, váha, pohlaví a také genetika (plemeno) zvířat. Výrobci masa tedy disponují dostupnými

nástroji, aby spotřebitelům předkládali výrobky s vyváženějším poměrem MK (Wood et al. 2007).

Ve vepřovém mase se nejčastěji setkáváme se SFA palmitovou a stearovou, MUFA olejovou a PUFA linolovou, která je zároveň esenciální FA (Willian 2013). Například Enser et al. (1996) ve složení FA v kotletě zjistili 23 % kyseliny palmitové, 12 % kyseliny stearové, 33 % kyseliny olejové a 13 % kyseliny linolové.

V případě vepřového masa je pro změnu složení FA zdaleka nejjednodušší upravit výživu, protože prasata ukládají FA do tuku bez toho, aniž by předtím byly modifikovány v procesu trávení. Avšak z porovnání plemen je zřejmé, že složení FA v mase ovlivňuje také genetika (Wood et al. 2007),

3.2 SNP jako genetický marker

Mezi tradiční postupy pro zlepšování kvality masa se řadí selekce. Dříve pro její potřeby sloužily pouze fenotypové údaje, pokroky v genetice však umožňují přístup k nepřebornému množství nových informací – se selekcí tak už není potřeba čekat na porážku zvířat (Ciobanu et al. 2011).

Jedním z důležitých milníků v poslední dekádě bylo dokončení referenční sekvence, kterou mezi roky 2003 a 2012 sestavilo Swine Genome Sequencing Consortium (Groenen 2016). Dnes je sekvenace už i pro chovatele nebo šlechtitele dostupnou záležitostí, stejně jako metody genotypování a zkoumání genové exprese (Ciobanu et al. 2011).

Účinným nástrojem se staly tzv. genetické markery. Tyto markery jsou ze své podstaty značkami/identifikátory, které v genomu označují specifický lokus a podávají informaci o konkrétním genu, takže reprezentují genetickou variabilitu (odlišnost alespoň dvou variant) mezi organizmy. Dělí se na tři hlavní typy: 1) morfologické (klasické/viditelné) markery, které pozorujeme jako fenotyp; 2) biochemické markery, mezi něž patří alelické varianty enzymů (izoenzymy); a 3) DNA markery, které odhalují variabilitu přímo v sekvenci či fragmentu nukleové kyseliny (Collard et al. 2005).

DNA markery oproti jiným druhům disponují výraznými výhodami: nejsou závislé na podmínkách prostředí ani vývoji organismu, lze si vybírat z jejich obrovského počtu a pro získání genetického materiálu není potřeba organismus ničit (Collard et al. 2005). Variabilita na úrovni DNA spočívá v záměně jedné nukleové báze, v záměně více bází nebo v různých počtech opakování určité sekvence. Jako zdroje genetické variability tedy slouží jednonukleotidové polymorfizmy (SNP), variabilita počtu kopií segmentu DNA (CNV), tandemové repetice (VNTR) či roztroušené repetice (Teama 2018).

SNP, na něž se tato práce zaměřuje, z biologického hlediska znamenají variabilitu jediného nukleotidu, což je nejčastější typ mutace. Z pohledu genetiky se o polymorfizmu zpravidla hovoří tehdy, když se minoritní alela vyskytuje v populaci s frekvencí alespoň 1 % (Teama 2018; Yang et al. 2013). Mutace, které dávají polymorfizmům vzniknout, se dělí na substituce (tranzice/transverze), inserce a delece. Drtivá většina SNP se vyskytuje ve dvou variantách, tudíž se jedná o bialelický marker (Teama 2018).

Právě poslední skutečnost je považována za nevýhodu, zvláště v porovnání s vysoce polymorfními mikrosatelity. Nicméně lze ji kompenzovat kombinací velkého množství SNP napříč celým genomem, k čemuž dnes běžně slouží čipy (Yang et al. 2013). Kupříkladu firma Illumina nabízí pro prasata čip, který je schopen naráz detekovat 64 tisíc SNP (Illumina 2020).

Přednosti SNP nespočívají pouze v počtu, nýbrž také ve vysoké genetické stabilitě, opakovatelnosti a přesnosti, kodominantní podstatě nebo možnosti rychlého genotypování. Pro jejich zkoumání je vyvinuta celá řada dostupných laboratorních metod a SNP se uplatí ve studiu populační struktury, genetické diferenciace, evoluce, haplotypů a v neposlední řadě v asociačních analýzách (Yang et al. 2013).

Ve šlechtění zvířat se SNP využívají také při tzv. markery asistované selekci (MAS). U prasat získala tato metoda velkou popularitu v 90. letech díky polymorfizmům v genech *RYR1* nebo *PRKAG3*, které zhoršovaly kvalitu masa. Jenže tento druh polymorfizmů je z jistého pohledu vzácný, protože v obou případech poruchu zapříčiňuje jediný gen. Valnou většinu vlastností produkční užitkovosti přitom kontroluje velké množství genů – tzv. lokusy

kvantitativních znaků (QTL). Jednotlivě mají QTL zpravidla pouze malý účinek na zkoumanou vlastnost a správně identifikovat všechny je velice problematické (Knol et al. 2016).

Aplikace SNP v MAS tedy nabyla dvou kontrastních přístupů: kandidátní geny vs. anonymní markery. V prvním případě se záměrně hledá marker v genu, jehož biologická funkce nasvědčuje možnému vlivu na užitkovou vlastnost. Oproti tomu u anonymních markerů je přesná biologická funkce většinou neznámá a jejich sílu představuje kvantita, což ilustruje i výše zmíněný příklad čipu Illumina. Čipy s vysokou hustotou markerů se tak uplatňují při odhadu genomické plemenné hodnoty (Knol et al. 2016).

3.3 Vybrané kandidátní geny

3.3.1 RYR1

Příčinný gen ryanodinového receptoru (*RYR1*) se u *Sus scrofa* nachází na chromozomu 6 a skrývá se také pod názvy gen vápníkového kanálu (*CRC*) a halotanový gen (*HAL*) (NCBI 2019a; Wood & Whittemore 2006).

Označení *RYR1* pramení v insekticidním alkaloidu ryanodinu, který byl izolován z vrbovité rostliny *Ryania speciosa* (Rogers et. al 1948). Ryanodin způsobuje ochrnutí svalů a díky této funkci pomohl identifikovat bílkovinný receptor, jenž se účastní svalového stahu. V něm hrají klíčovou roli vápníkové kationty, a právě ryanodinové receptory, které se nacházejí na fosfolipidové membráně, umožňují buňce tyto kationty uvolnit ze sarkoplazmatického retikula do mimobuněčného prostoru (proto zároveň gen nese označení *CRC*). Ryanodinové receptory kódují stejnojmenné geny, jejichž rodina čítá tři členy: *RYR1*, *RYR2* a *RYR3*. *RYR1* se exprimuje v kosterním svalstvu a v Purkyňových buňkách mozečku; *RYR2* v srdeční svalovině a v mozku; *RYR3* v různých buňkách bezobratlých (Ogawa 1994).

RYR1 se zřejmě dotýkala literatura dlouho před jeho popsáním. Začátkem 20. století si například Herter & Wilsdorf (1914) všimli, že některé kusy vepřového masa mají vybledlou barvu a vodnatý povrch a že tyto kusy jsou problematické z hlediska zpracování. Později začaly studie pracovat s pojmy prasečí stresový syndrom (PSS) či maligní hypertermie (MH), které se v souvislosti s *RYR1* objevují dodnes.

Webb et. al (1982) definovali PSS jako řadu symptomů projevujících se u prasat, která mají abnormálně vysokou náchylnost k náhlému úmrtí v důsledku stresu a jejichž maso vykazuje náchylnost k vadě PSE. Predispozici k PSS bylo možné odhadnout pomocí tzv. halotanového testu, který dal *RYR1* zmiňované alternativní označení *HAL*. Při testu jsou selata skrze masku vystavena anestetickému plynu halotanu po dobu tří až pěti minut, a pokud celou dobu zůstanou v klidu, jsou hodnocena jako odolná vůči stresu. Naopak u jedinců náchylných ke stresu se projeví strnutí zadních končetin. V takovém případě je nutné test ukončit, jelikož se sele může dostat až do stavu MH, který už není tak lehké zvrátit.

O'Brien et. al (1990) popisují MH jako autozomálně dědičnou myopatii, kterou může vyvolat anestetikum halotan či sukcinylcholin. Citliví jedinci se dostávají do stavu hypermetabolismu a hyperkontraktility, kdy se náhle uvolňuje vysoká hladina sarkoplazmatického vápníku. V důsledku toho se ze svalu uvolňují bílkoviny, draslík, kyseliny a teplo, přičemž v krvi se prudce zvyšuje koncentrace katecholaminů. Tento stav může vést až ke smrti a byl popsán i u lidí, psů nebo koní.

Fuji et. al (1991) uvedli, že MH způsobuje výrobcům vepřového masa značné ztráty, přičemž položili základy pro využití molekulární genetiky při selekci jedinců náchylných na stres. Podařilo se jim totiž objevit SNP g.1843C>T (dle M91451.1), který se ukázal být příčinnou mutací. Alela *C* dostala označení velké „*N*“, kdežto alela *T* malé „*n*“. Braden (2013) vysvětluje, že zmutovaná alela *n* kóduje receptor s narušenou funkčností, takže se ze sarkoplazmatického retikula uvolňuje více vápníku. *Post mortem* to znamená, že *rigor mortis* a formování aktinomyozinového komplexu nastupují mnohem rychleji. Metabolismus, který vede k uvolňování komplexu, je rovněž intenzivnější, tudíž se tvoří více kyseliny mléčné.

Relativně nízká hodnota pH pak v kombinaci se stále vysokou teplotou masa má za následek zvýšenou denaturaci bílkovin.

Na druhou stranu alela *n* přináší také lepší produkční vlastnosti – především vyšší podíl libové svaloviny a vyšší jatečnou výtěžnost. Proto se v populacích prasat uchytila dlouho předtím, než chovatelé měli vůbec ponětí o genu *RYRI*. A po jeho popsání někteří začali v hybridizačních programech záměrně využívat kance genotypu *nn* pro tvorbu vykrmovaných heterozygotů. Původní domněnka, že se tím vyřeší problém s výskytem PSS a PSE, se nicméně ukázala být lichá. Heterozygotní zvířata sice ve zmasilosti předčí homozygoty *NN*, ale stále za cenu nižší kvality masa (Wood & Whittemore 2006). To dokresluje i níže přiložená tabulka 1.

Cobanovic et al. (2019) ve shodě s Wood & Whittemore 2006 (2006) uvádějí, že eliminace alely *n* přináší nejen zlepšení ve kvalitě masa, nýbrž také s ohledem na zdraví zvířat a welfare. Ve většině zemí se tak genotyp běžně hlídá. Jelikož je ale zpeněžování prasat vázané na podíl libové svaloviny, zmutovaná alela zůstává ekonomicky atraktivní. O jejím dalším využívání možná budou spolurozhodovat studie týkající se možného vlivu na reprodukční užitkovost. Poznatky v tomto směru zatím nejsou příliš jasné. Babicz et al. (2016) alelu *n* asociují se zhoršenými reprodukčními ukazateli, kdežto v analýzách Omelka et al. (2006), Popovski et al. (2016) či Szyndler-Nedza et al. (2019) měly heterozygotní prasnice v porovnání s genotypem *NN* početnější vrhy.

Tabulka 1: Gen *RYRI*, *g.1843C>T* – vybrané asociační analýzy a ukazatele

	Kusec et al. (2005)	Otto et al. (2007)	Van den Maagdenberg et al. (2008)	Rybarczyk et al. (2010)	Oliván et al. (2018)	Cobanovic et al. (2019)	Vehovský et al. (2019)
Denní přírůstek	NS	–	–	–	–	NN < Nn (p < 0,005)	NN > Nn (p < 0,05)
Živá/porážková hmotnost	NS	–	NS	–	–	NN < Nn (p < 0,005)	NN > Nn (p < 0,05)
Podíl libové svaloviny	–	–	NS	NS	–	NN < Nn (p < 0,005)	–
Tloušťka tuku (hřbet/břicho)	NS	–	NS	–	–	NN > Nn (p < 0,05)	NN > Nn (p < 0,05)
IMF	NS	NN > Nn (p < 0,01)	–	NS	–	–	NS
pH45	NN > Nn (p < 0,001)	NN > Nn (p < 0,001)	NN > Nn (p < 0,005)	NN > Nn (p < 0,05)	NN > Nn (p < 0,005)	NN > Nn (p < 0,0001)	NS
Síla stříhu	–	–	NN < Nn (p < 0,05)	–	NN < Nn (p < 0,005)	–	–
Ztráta vody (odkap/vaření)	NN < Nn (p < 0,001)	NN < Nn (p < 0,001)	NN < Nn (p < 0,005)	NN < Nn (p < 0,01)	NN < Nn (p < 0,005)	–	–
Barva (L*/a*/b*)	NS	Pro L* + b*: NN < Nn (p < 0,001)	NS	Pro L*: NN < Nn (p < 0,05)	Pro a*: NN > Nn (p < 0,05)	–	–
El. vodivost	NN < Nn (p < 0,001)	NN < Nn (p < 0,001)	NN < Nn (p < 0,005)	–	NN < Nn (p < 0,005)	–	NS
Výskyt PSE	–	–	–	–	–	NN < Nn (p < 0,005)	–

Poznámky: záměrně je použito běžnější označení alel – N = C, n = T; „NS“ = nebyla nalezena signifikantní asociace, tzn. p > 0,05; „–“ = asociace nebyla zkoumána

3.3.2 MC4R

Gen pro melanokortin 4 receptor (*MC4R*) se u *Sus scrofa* nachází na chromozomu 1 (NCBI 2019c). Bílkovina kódovaná tímto genem se řadí mezi membránové receptory a na navázání signální molekuly, tedy hormonu, reaguje změnou konformace, která předává signál aktivací adenylátcyklázy. Adenylátcykláza pak syntetizuje cyklický adenosinmonofosfát (cAMP) – druhého buněčného posla, jenž aktivuje A-kinázu. Ta se konečně účastní transkripce, neboť fosforyluje genové regulační bílkoviny (Alberts et al. 1998).

Důležitost MC4R tkví v jeho zapojení do regulace energetické homeostáze. V 90. letech to potvrdila řada studií na myších, po nichž následovaly biomedicínské studie také u lidí. Z těch vyplynulo, že mnohé mutace mohou způsobit monogenní formu obezity (Tao 2010). Podle Siljee et al. (2018) tyto mutace zodpovídají za 3–5 % případů vážné obezity.

Úloze v energetické homeostázi napovídá už skutečnost, že MC4 receptory jsou ve velké míře exprimovány v hypotalamu čili v části mozku spojené s příjmem potravy. Melanokortinový systém je zřejmě napojen na leptinový: neurony hypotalamu jsou stimulovány hormonem leptinem, což vede ke tvorbě alfa-melanocyty stimulující hormon (alfa-MSH) z priopiomelonokortinu (POMC), ke kterému mají vysokou afinitu právě MC4 receptory. Proto aplikace alfa-MSH u hlodavců snižovala žravost, naopak jedinci s deficiencí v genu vykazovali hyperfagii, větší růst, těžkou obezitu či hyperinzulinémií (Yeo et al. 1998). Antagonistou k alfa-MSH je agouti-related protein (AgRP), který tedy podporuje hyperfagii (Olmann et al. 1997).

Asociační studie u prasat si genu *MC4R* začaly více všimnout poté, co Kim et al. (2000) přišli s missense mutací v kodonu 298, která způsobuje záměnu původního guaninu za adenin čili záměnu kyseliny asparagové za asparagin (p.Asp298Asn; v této práci bude použito označení c.746G>A dle AF087937). Alela A (298Asn) byla spojena s vyšší žravostí, vyšším tučněním a celkově rychlejším růstem zvířat. Ukázalo se totiž, že dává vzniknout receptoru, který nedokáže aktivovat adenylátcyklázu. Tato alela se proto s poměrně vysokou frekvencí vyskytuje u některých moderních plemen (např. duroc a hampshire), u nichž se selekce zaměřovala na co nejrychlejší růst v podmínkách *ad libitum*. Naopak u prasete divokého nebo plemena meishan se kompletně zafixovala alela G (Kim et al. 2004). K obdobným závěrům došli také Ciobanu et al. (2001) či Piorkowska et al. (2010) – v prvním případě bylo srovnáno plemeno mangalica (primitivní, pomalu rostoucí) s plemenem bazna (modernější, rychleji rostoucí); ve druhém pietrain (vyšlechtěný na vysoký podíl libové svaloviny) a duroc (tučnější). Zvířata plemene bazna, respektive duroc vykazovala mnohem vyšší frekvenci alely A.

V souladu se zjištěními z řady dalších studií se SNP c.746G>A jeví jako možný marker pro vlastnosti spojené s růstem a ukládáním tuku (Houston et al. 2004; Bruun 2006; Van den Maagdenberg et al. 2007; Piorkowska 2010; Dvořáková et al. 2011; Roh et al. 2012; Fontanesi 2013; Kwon et al. 2015; Van den Broeke et al. 2015; Getmantseva et al. 2017). Avšak je nutno podotknout, že ne u všech populací se tyto asociace potvrdily (např. Stachowiak 2006; Wang et al. 2019). U znaků kvality masa se vliv této mutace většinou nepotvrzuje. Van den Broeke et al. 2015 či Schroyen et al. 2015 ovšem poukazují na možnou asociaci s látkami způsobujícími kančí pach.

Fan et al. (2009a) předložili teorii, že neprůkaznost asociací v některých populacích by mohla vysvětlovat interakce SNP c.746G>A se SNP c.707G>A (dle NM_214173.1; také

p.Arg236His). Fontanesi et al. (2013) tak navrhli designovat studie s haplotypy, jenže zmutovaná alela bývá zastoupena s malou frekvencí, nebo nebývá zastoupena vůbec.

Níže v tabulce 2 jsou vybrány některé studie na SNP c.746G>A. Z tabulky je patrné zejména to, že zvířata genotypu AA rostou nejrychleji, a to díky většímu ukládání tuku. Tabulka 3 se pak zaměřuje na SNP c.707G>A a dokresluje pouze skutečnost, že v tomto případě asociační studie chybějí.

Tabulka 2: Gen *MC4R*, c.746G>A – vybrané asociační analýzy a ukazatele

	Houston et al. (2004)	Van den Maagdenberg et al. (2007)	Dvořáková et al. (2011)	Roh et al. (2012)	Kwon et al. (2015)	Van den Broeke et al. (2015)
Denní přirůstek	GG < GA < AA (p < 0,05)	GG < GA < AA (p < 0,001)	NS	–	–	GG < AA (p < 0,001)
Příjem krmiva	GG < GA < AA (p < 0,05)	–	NS	–	–	GG < AA (p < 0,001)
Konverze	NS	–	NS	–	–	NS
Podíl libové svaloviny	–	GG > GA / AA (p < 0,01)	NS	–	–	GG > AA p < (0,001)
Tloušťka tuku (hřbet/břicho)	GG < GA < AA (p < 0,05)	GG < GA / AA (p < 0,01)	GG < GA / AA (p < 0,05)	GG < GA < AA (p < 0,005)	GG < GA < AA (p < 0,05)	GG < AA (p < 0,001)
IMF MLLT	–	–	GG < GA / AA (p < 0,005)	–	–	–
IMF jiné	–	–	NS	–	GG < GA < AA (p < 0,05)	NS
pH (kotleta)	–	NS	–	NS	NS	–
Síla stříhu	–	NS	–	NS	NS	–
Vaznost	–	NS	–	NS	NS	–
Barva (L*/a*/b*)	–	NS	–	NS	NS	–

Poznámky: NS = nebyla nalezena signifikantní asociace, tzn. p > 0,05;

„–“ = asociace nebyla zkoumána

Tabulka 3: Gen *MC4R*, c.707G>A – vybrané asociační analýzy a ukazatele

	Fan et al. (2009a)	Roh et al. (2012)	Fontanesi et al. (2013)
Denní přírůstek	GG > GA > AA (p < 0,05)	–	NS
Konverze	–	–	NS
Tloušťka tuku (hřbet/břicho)	GG < GA < AA (p < 0,05)	NS	–
Celkový tuk	–	GA < AA (p < 0,0001)	–
pH	–	NS	–
Síla stříhu	–	NS	–
Vaznost	–	NS	–
Barva (L*/a*/b*)	–	Pro L*: GA < AA (p < 0,005) Pro a*: GA > AA (p < 0,0001) Pro b*: GA > AA (p < 0,001)	–

Poznámky: NS = nebyla nalezena signifikantní asociace, tzn. $p > 0,05$;

„–“ = asociace nebyla zkoumána

3.3.3 CAST

Gen pro calpastatin (*CAST*) se u *Sus scrofa* nachází na chromozomu 2 (NCBI, 2019b) a jeho produkt se účastní calpainového systému, který vystupuje téměř ve všech savčích buňkách (Murachi 1983).

Calpainový systém podle Golla et. al (2003) zahrnuje tři hlavní molekuly: dvě Ca^{2+} dependentní proteázy μ -calpain a m-calpain a polypeptid calpastatin, který působí jako inhibitor calpainů. Tento systém má v buňkách patrně různé funkce: přeměnu cytoskeletárních uchycení na cytoplazmatickou membránu během buněčného dělení nebo při přemísťování buněk; proteolytickou modifikaci molekul, které se účastní buněčné signalizace; degradaci enzymů kontrolující postup v buněčném cyklu; degradaci substrátů některých apoptotických drah; regulaci genové exprese; dlouhodobou synaptickou potenciaci.

Z pohledu živočišné výroby je tedy calpainový systém důležitý pro svůj vliv na růst kosterní svaloviny či posmrtné křehnutí masa. A právě calpastatin se ukazuje být variabilní složkou. Zvýšení jeho aktivity je asociováno se snížením obratu svalových bílkovin (čili se zpomalením růstu svalů) a zároveň se snížením posmrtné aktivity calpainů (čili s menší mírou křehnutí) (Goll et. al 1998).

Braden (2013) uvedl, že existuje i další typ calpainu – p94, který se exprimuje specificky v kosterním svalstvu, avšak potvrdil, že pro proteolýzu a křehnutí masa jsou stěžejní všudypřítomné typy μ - a m- a inhibitor calpastatin. Vysokou variabilitu v průběhu posmrtných změn tak připsal obsahu Ca^{2+} v mase (k aktivitě μ -calpain jsou zapotřebí mikromolární kationty, kdežto k aktivitě m-calpainu mnohem větší, molární, množství) a velmi rozdílným hladinám calpastatinu.

Ze SNP v genu *CAST* byl do této práce vybrán p.Ser638Arg (dle M20160), který spolu s p.Ser66Asn a p.Arg249Lys objevili Ciobanu et al. (2004). V jejich studii s třígeneračními

kříženci berkshire × yorkshire byly polymorfizmy zkoumány v haplotypech a ukázalo se, že jedinci s haplotypem 249Lys-638Arg měli křehčí a šťavnatější maso. Santé-Lhoutellier et al. (2012) došli k podobným závěrům, tedy že haplotypy 249Lys-638Arg a 249Arg-638Arg vykazaly největší obsah vody a křehkost. Mimo to Škrlep et al. (2010) ve své studii s populacemi ze tří zemí vyzdvihli, že stejně jako v případě Cioabanu et al. (2004) se neobjevil haplotyp 249Lys-638Ser.

Jak ale dokládá níže přiložená tabulka 4, asociační analýzy pro samotný p.Ser638Arg nevykazují příliš průkazných ani konzistentních výsledků, což je zřejmě dáno i jejich rozdílným konceptem. Některé studie se primárně zaměřují na maso určené na výrobu sušené šunky a v návaznosti na ně Davoli et al. (2017) konstatují, že specifická technologická ošetření masa mohou efekt genotypu zvýrazňovat, či naopak maskovat.

Asociační analýzy jsou prováděny u mnoha dalších SNP v *CAST* (např. Nonneman et al. 2011; Rohrer et al. 2012; Ropka-Molik 2014).

Tabulka 4: Gen *CAST*, p.Ser638Arg – vybrané asociační analýzy a ukazatele

	Stalder et al. (2004)	Dvořáková et al. (2010)	Gou et al. (2012)	Santé- Lhoutellier et al. (2012)	Urbanski et al. (2015)	Vehovský et al (2019)
Denní přírůstek	–	–	–	–	CC / CA < AA (p < 0,01)	NS
Konverze	–	–	–	–	–	NS
Podíl libové svaloviny	–	–	–	–	–	CC > CA / AA (p < 0,005)
Index proteolýzy	–	–	NS	NS	–	–
Tloušťka tuku (hřbet/břicho)	–	–	–	–	CC / AA < CA (p < 0,05)	CC < CA < AA (p < 0,005)
IMF	NS	–	–	–	–	NS
Celkový tuk	–	–	–	NS	–	–
Křehkost	NS	–	–	CA > CC / AA (p < 0,05)	–	–
pH	NS	CC < CA < AA (p < 0,005)	NS	–	–	NS
El. vodivost (MLLT)	–	CC / CA < AA (p < 0,001)	–	–	–	–
El. vodivost (kýta)	–	NS	–	–	–	–
Teplota	CC / CA > CA (p < 0,05)	NS	–	–	–	–
Vaznost	–	NS	–	–	–	–

Poznámky: záměrně je použito běžnější označení alel – C = 638Ser, A = 638Arg; NS = nebyla nalezena signifikantní asociace, tzn. p > 0,05; „–“ = asociace nebyla zkoumána

3.3.4 FTO

Gen pro alfa-ketoglutarát dependentní dioxygenázu (*FTO*) byl u *Sus scrofa* pomocí radiačního hybridního panelu a vazbové analýzy zmapován na p raménku chromozomu 6 (Dvořáková et al. 2012; NCBI 2020). Velmi výmluvný je jeho triviální název: gen spojený s tukovou hmotou a obezitou. Do popředí zájmu se dostal v roce 2007, kdy vyšla dvojice celogenomových asociačních studií (GWAS), jež *FTO* daly status prvního genu s běžnými variantami, které v lidské populaci ovlivňují náchylnost k obezitě (Dina et al. 2007; Frayling et al. 2007; Loos & Yeo 2013).

FTO demetyluje adenosin v mRNA a nejvíce exprimován je v mozku včetně hypotalamu, který platí za centrum příjmu krmiva. Mutace, které u *FTO* způsobují ztrátu funkce, vedou k vážným poruchám vývoje mozku, tělesného růstu, srdce či genitálií. Mutace v genové expresi zase zřejmě ovlivňují energetickou homeostázi. Zdá se, že *FTO* hraje roli v buněčném vnímání aminokyselin – při zvýšené dostupnosti aminokyselin dochází ke zvýšení exprese *FTO*, což ústí až ve zvýšení translace a růst buňky. V opačném případě (nebo v případě poruchy genu či exprese) se translace tlumí a buňka dostává do autofagie (Loos & Yeo 2013).

Dále se *FTO* zapojuje do adipogeneze, což u prasat ukázali například Chen et al. (2017). Utlumení *FTO* navodilo snížení proliferace a diferenciaci vnitrosvalových preadipocytů (prostřednictvím signální kaskády Wnt/beta-katenin). Fan et al. (2009b; 2010) či Szydlowski et al. (2012) u některých SNP ve *FTO* našli asociace s příjmem krmiva nebo tučností. Zhang et al. (2014) pak odhalili signifikantní asociace se silou stříhu, pH, chutností a barvou.

Do této práce byly u genu *FTO* vybrány polymorfizmy dva. První SNP, g.400C>G (dle FM244720), Fan et al. (2009) detekovali v exonu 3 (jako c.594C>G) a jedná se o synonymní mutaci (Ala198Ala). Výsledky studií v níže přiložené tabulce 5 ukazují, že asociace tohoto SNP s tučností nebo dalšími ukazateli jsou dosud nejednoznačné.

Druhý SNP, g.276T>G (dle AM931150), se nachází v intronu 4 (Fontanesi et al. 2009b). Fontanesi et al. (2009a) došli k závěru, že by alela *T* mohla být spojena s vyšší tučností a tudíž s menší zmasilostí. Ovšem v případě obou polymorfizmů dosud bylo publikováno jen několik asociačních analýz.

Tabulka 5: Gen *FTO*, g.400C>G – vybrané asociační analýzy a ukazatele

	Fan et al. (2009b)	Dvořáková et al. (2012) – populace 1	Dvořáková et al. (2012) – populace 2	Dvořáková et al. (2012) – populace 3	Polasik et al. (2019)
Denní přírůstek	CC < GG (p < 0,05)	NS	CC < GG (p < 0,05)	CG < GG (p < 0,05)	–
Spotřeba krmiva	–	C ^m C ^m / C ^m G ^m / G ^m G ^p > G ^m G ^p (p < 0,05)	–	–	–
Konverze	–	C ^m G ^m > C ^m G ^p / G ^p G ^p (p < 0,05)	NS	CG > GG (p < 0,005)	–
Celkový tuk	CC < GG (p < 0,05)	–	–	–	–
Výška tuku (hřbet)	NS	C ^m C ^m / G ^p G ^p < C ^m G ^p ; C ^m G ^m < G ^p G ^p < C ^m G ^p (p < 0,05)	CC/CG > GG (p < 0,0001)	CC/CG > GG (p < 0,05)	CC < GG (p < 0,05)
Výška tuku (břicho)	–	C ^m C ^m < G ^m G ^p / G ^p G ^p < C ^m G ^p (p < 0,05)	CC > CG (p < 0,005)	CC/GG > CG (p < 0,05)	–
HMC	–	C ^m C ^m / C ^m G ^m > C ^m G ^p / G ^m G ^p / G ^p G ^p (p < 0,05)	NS	CC/CG < GG (p < 0,05)	NS
IMF (MLLT)	–	–	NS	CG < GG (p < 0,05)	–
IMF (jiná partie)	CC < GG (p < 0,05)	–	CC < CG (p < 0,05)	NS	NS
Barva	–	–	–	–	NS
pH	–	–	–	–	NS
Vaznost	–	–	–	–	NS

Poznámky: ^m = alela maternálního původu; ^p = alela paternálního původu; NS = nebyla nalezena signifikantní asociace, tzn. p > 0,05; „–“ = asociace nebyla zkoumána

Tabulka 6: Gen *FTO*, g.276T>G – vybrané asociační analýzy a ukazatele

	Fontanesi et al. (2009a) – populace 1	Fontanesi et al. (2009a) – populace 2	Moravčíková et al. (2014)
Denní přírůstek	NS	–	–
Konverze	NS	–	–
Výška tuku (hřbet)	TT > TG / GG (p < 0,05)	TT > TG / GG (p < 0,05)	NS
Podíl libové svaloviny	–	TT < TG (p < 0,05)	NS
HMC	TT < TG / GG (p < 0,01)	–	–
IMF (MLLT)	–	TT / TG > GG (p < 0,05)	–
IMF (jiná partie)	–	NS	–

Poznámky: NS = nebyla nalezena signifikantní asociace, tzn. p > 0,05; „–“ = asociace nebyla zkoumána

3.3.5 IGF2

Gen pro inzulínu podobný růstový faktor 2 (*IGF2*) se u *Sus scrofa* nachází na chromozomu 2 (NCBI 2020). Produkci IGF1 a IGF2 stimuluje především růstový hormon. Oba faktory jsou malé polypeptidy, které podporují buněčnou diferenciaci, proliferaci a migraci a inhibují apoptózu. IGF se vyskytují v séru a ve většině tkání. Produkují se hlavně v játrech, ovšem byla objevena i parakrinní a autokrinní sekrece dalších orgánů. Mediátory aktivity obou faktorů představuje několik vzájemných bílkovin a každý z faktorů má rovněž svůj receptor. (Dauncey et al. 2004; Rehfeld et al. 2004; Dyck & Ruvinsky 2011).

Na konci minulého století byl u prasat zmapován významný paternálně imprintovaný QTL. Jeon et al. (1999) modelem, do něhož byl zařazen tento lokus spolu s QTL u *FAT1*, vysvětlili velkou část rozptylu u obsahu libové svaloviny v kýtě (33,1 %) a v kotletě (31,3 %) a také u hloubky hřbetního tuku (26,2 %). Nezer et al. (1999) současně uvedli, že nově identifikovaný QTL u *IGF2* v kombinaci s příčinnou mutací u *RYR1* zodpovídá až za 50 % rozdílů ve zmasilosti a tučnosti u plemen pietrain a Large White.

Následně Van Laere et al. (2003) popsali, že tento QTL je způsoben tranzicí v intronu 3, přesněji v evolučně konzervovaném CpG ostrůvku (NC_010444.4: g.3072G>A). Alela divokého typu (*G*) dostala označení malé *q* a zmutovaná alela (*A*) velké *Q*. Jedinci, kteří zdědili od otce alelu *Q*, ve svalech vykazovali trojnásobnou expresi mRNA. Na sekvenci s původní alelou *q* se totiž in vitro vázal transkripční faktor (TF), patrně represor, čemuž zabrání metylace, nebo právě mutace. Tento SNP byl proto označen jako příčinný nukleotid kvantitativních vlastností (QTN) a zároveň jako příklad selekčního vymetení. Alela *Q* se u hlavních plemen vyskytuje s velmi vysokou frekvencí, někdy téměř fixací, což je zřejmě důsledkem šlechtění na vysoký podíl libové svaloviny.

V návaznosti na předchozí studii Braunschweig et al. (2004) demonstrovali, že SNP má souvislost nejen s represorem, ale také s expresí antisense RNA. Markljung et al. (2009) pak potvrdili, že navazujícím TF je skutečně represor, který pojmenovali *ZBED6*, a uvedli, že se jedná o důležitý TF u placentálních savců s vlivem na buněčnou proliferaci a růst. Tohle zjištění dokreslili Xiang et al. (2018), když aplikovali technologii CRISPR-Cas9 u čínského plemene bama. Prasata tohoto plemene často mají původní alelu *q*, takže jedinci s editací příslušného lokusu projeví výrazně rychlejší růst (bez vlivu na kvalitu masa) oproti kontrolní skupině. K podobným výsledkům došli i Liu et al. (2018) u plemene Liang Guang Small Spotted.

V níže uvedené tabulce 7 jsou vybrány některé z mnoha asociačních analýz, jejichž výsledky ve valné většině případů ukazují, že *IGF2* může být ekonomicky významný gen, neboť u nositelů paternální alely *Q* se projevuje vyšší zmasilost. Není proto divu, že jej některé společnosti zařadily do MAS (Oczkowicz et al. 2012).

Pokud jde o kvalitativní stránku jatečné hodnoty, dosavadní výzkumy se těžko dají označit za konkluzivní. Jak demonstruje i příložená tabulka 7, asociace *IGF2* s ukazateli jako pH, vaznost a barva masa se spíše neobjevily. Ovšem v případě IMF někteří autoři došli ke statisticky průkazným výsledkům. Oczkowicz et al. (2012) zkoumali 886 zvířat šesti různých plemen a zjistili, že jedinci s genotypem *GG* měli signifikantně vyšší procento IMF než genotyp *AA* i heterozygoti. To Burgos et al. (2012) a Clark et al. (2014) u MLLT naměřili opačné hodnoty. Navíc našli signifikantní asociaci pro světlost masa, která byla vyšší u jedinců s paternální alelou *A*.

Rovněž López-Buesa et al. (2013) uvádějí, že alela *A* měla na množství IMF pozitivní vliv (navzdory tomu, že celkový tuk zvyšuje alela *G*), což poukazuje na to, že ukládání tuku do podkoží je regulováno jinak než ukládání tuku mezi svalová vlákna. Dále zaznamenali, že *IGF2* měl silný aditivní efekt na složení MK v některých partiích.

Reina et al. (2012) zkoumali vliv genotypu na kvalitu sušené šunky z kýty a plece. Výsledky ze sensorického panelu ukázaly, že plece z nositelů paternální alely *G* získaly vyšší skóre ve šťavnatosti, výraznosti chuti a vůně či ve světlosti. U šunek se však tyto efekty neprojeví, což autoři připsali celkově nižší tučnosti šunky. Signifikantní vliv na obsah IMF byl naopak zaznamenán pouze u šunek – v tomto případě dosáhli lepších výsledků jedinci s alelou *G*. Tato alela zároveň u šunek i plecí zvyšovala podíl celkových nasycených mastných kyselin (konkrétně třeba palmitové nebo arachidonové), na druhou stranu se zvyšovalo i zastoupení některých nenasycených mastných kyselin (např. palmitoolejové u obou partií).

Tabulka 7: Gen *IGF2*, *g.3072G>A* – vybrané asociační analýzy a ukazatele

	Vykoukalová et al. (2006)	Oczkowicz et al. (2009) – populace 1	Oczkowicz et al. (2009) – populace 2	Fontanesi et al. (2010)	Burgos et al. (2012)	Clark et al. (2014)	Wang et al. (2019)
Denní přírůstek	NS	NS	GG < AA (p < 0,005)	GG < GA < AA (p < 0,005)	NS	–	–
Konverze	–	–	–	GG > GA > AA (p < 0,005)	G ^p > A ^p (p < 0,05)	–	–
Porážková hmotnost	–	–	–	–	–	NS	–
Jatečná výtěžnost	–	–	–	–	–	NS	–
Podíl libové svaloviny	GG / GA < AA (p < 0,005)	NS	GG < AA (p < 0,005)	GG < GA < AA (p < 0,005)	–	G ^p < A ^p (p < 0,01)	–
Hlavní masité části	–	GG < AA (p < 0,005)	GG < AA (p < 0,005)	–	G ^p < A ^p (p < 0,0001)	–	–
Tloušťka tuku (hřbet)	GG / GA > AA (p < 0,005)	GG > AA (p < 0,005)	GG > AA (p < 0,005)	GG > GA > AA (p < 0,005)	G ^p > A ^p (p < 0,0001)	–	NS
Celkový tuk	–	–	–	–	–	G ^p < A ^p (p < 0,05)	–
IMF (MLLT)	–	–	–	–	G ^p < A ^p (p < 0,05)	G ^p < A ^p (p < 0,05)	–
IMF (jiná partie)	–	NS	NS	–	NS	–	NS
pH	–	NS	NS	NS	NS	NS	–
Vaznost	–	–	–	–	NS	NS	–
Barva	–	NS	NS	–	pro L*: G ^p < A ^p (p < 0,05)	pro L*: G ^p < A ^p (p < 0,05)	–

Poznámky: *P* = alela paternálního původu; *NS* = nebyla nalezena signifikantní asociace, tzn. *p* > 0,05; „–“ = asociace nebyla zkoumána

4 Metodika

4.1 Zvířata

Sledováno bylo 71 jedinců (35 vepřků + 36 prasniček) hybridní linie, v jejíž mateřské pozici byly použity kříženky bílé ušlechtilé × landrase a v otcovské pozici kříženci bílé otcovské × pietrain. Ve věku 28 dní byla zvířata ustájena v testacní stanici KSZ v Ploskově u Lán, kde byla vykrmována až do porážky. Výživa zvířat byla upravena v souladu s normami potřeby živin (Šimeček et al. 2000) jednotnou kompletní krmnou směsí, jejíž výživová hodnota byla kontinuálně přizpůsobována v závislosti na věku a hmotnosti zvířat. Všechna zvířata byla krmena adlibitně.

Pro porovnání byly zjišťovány genotypy čistokrevných zvířat plemen landrase, bílé ušlechtilé a pietrain z chovných stád společnosti Czech Breeding Services s.r.o., a to vždy po 50 jedincích. Navíc bylo zařazeno také 38 vzorků z prasat divokých ulovených na území ČR v průběhu let 2011–2019.

4.2 Užitékové vlastnosti a kvalita masa

Po dobu testu byla u zvířat sledovány běžné ukazatele výkrmnosti. Ve věku 148 dnů při průměrné hmotnosti 114,2 kg pak byla zvířata poražena, načež byl proveden jatečný rozbor. Zároveň byly odebrány vzorky pro analýzu kvality masa v univerzitní laboratoři. Do této práce byly zahrnuty následující ukazatele:

- průměrný denní přírůstek [g],
- konverze krmiva [kg],
- živá hmotnost před porážkou [kg],
- hmotnost JUT [kg],
- jatečná výtěžnost [%],
- tloušťka hřbetního tuku [mm] (průměr měření nad prvním hrudním, posledním hrudním a prvním bederním obratlem),
- podíl svaloviny dvoubodovou metodou [%] (ZP; $y = 59,08991 - 0,43868 * S + 0,09792 * M$),
- podíl svaloviny pomocí FOM [%] ($y = 70,28164 - 0,75376 * S - 0,0027 * M$),
- hmotnost hlavních masitých částí (= kýta, panenka, krk, plec, kotleta; HMČ) bez tukového krytí z pravé půlky zastudena [kg],
- hmotnost tukového krytí HMČ [kg],
- elektrická vodivost [mS] v *musculus longissimus lumborum et thoracis* (MLLT) a v *musculus semimembranosus* (MS) 50 min *post mortem*,
- pH MLLT a MS 45 min *post mortem*,
- teplota [°C] MLLT a MS 45 min *post mortem*,
- ztráta vody odkapem [%] (průměr ztrát 24 h a 48 h *post mortem*),
- hodnoty L*, a*, b* barevného prostoru pro vzorky libového masa z kotlet,
- hodnoty L*, a*, b* barevného prostoru pro vzorky hřbetního tuku,
- plocha MLLT [mm²],

- IMF v HMČ [% z masa],
- profil mastných kyselin v kotletě [%] (extrakce lipidů podle Folch et. al (1957), izolace metylesterů a jejich chromatografické stanovení pomocí Master GC (Dani Group, Milan, Italy)).

4.3 Laboratorní rozbor DNA

4.3.1 Izolace DNA

Vzorky DNA byly izolovány z krve. U hybridů a divokých prasat byla krev odebrána po porážce, respektive po ulovení. V případě čistokrevných populací šlo o odběr z živých zvířat. Následná izolace DNA byla provedena pomocí DNA Mini Kit (Geneaid Biotech, New Taipei City, Taiwan). Po každé izolaci byla přítomnost DNA kontrolována pomocí elektroforézy na 1% agarózovém gelu a koncentrace byla měřena na přístroji NanoDrop One. Všechny testované fragmenty byly ještě sekvenovány (Dobříš, Česká republika) po potvrzení požadované sekvence. Získaná DNA byla uchovávána při -20 °C.

4.3.2 PCR-RFLP

V PCR byly aplikovány primery pro testování vybraných SNP v genech *RYR1*, *MC4R*, *CAST*, *FTO*, *IGF2* (tabulka 8).

Celkový objem reakční směsi pro PCR byl 25 μ l s využitím: 9 μ l H₂O, 12,5 μ l Combi PPP Master Mix (Top-Bio, Praha Česká republika), 1 μ l každého z dvojice primerů a 1,5 μ l DNA.

Pro *IGF2* byla využita zvláštní reakční směs s celkovým objemem 10 μ l: 6,45 μ l H₂O, 2 μ l One Taq Hot start CG pufru, 0,2 μ l dNTP, 0,2 μ l PCR Enhancer CG, 0,2 μ l každého z dvojice primerů, 0,2 μ l One Taq Hot start polymerázy (New England Biolabs, Ipschiv, USA) a 0,75 μ l DNA.

PCR cyklus probíhal dle následujících podmínek: 95 °C – 2 min; 95 °C – 30 s; 57 °C – 30 s – 30x; 68° C – 30 s; 68° C – 5 min.

4.3.3 Elektroforéza

Vzorky po štěpení restrikcčními enzymy byly přeneseny na 1,5–4% agarózový gel a pro jejich průchod gelem bylo do aparatury puštěno napětí 230 V po dobu 20–60 minut. Snímky byly pořízeny za pomoci UV lampy MiniBis Pro (DNR Bio-Imaging Systems, Neve Yamin, Israel) a softwaru GelCapture.

4.4 Asociační analýza

Asociační analýza byla provedena pomocí zobecněného lineárního modelu (GLM) v programu SAS (Statistical Analysis System, Inst. Verze 9.4, 2012, SAS Institute, Cary, NC, USA). Tento model zahrnoval průměr a genotyp SNP s pohlavím jako fixní efekty. V příložených tabulkách je vždy uveden průměr (LS MEAN), směrodatná odchylka (σ) a významnost (p-hodnota). Zvolená hladina významnosti měla hodnotu $\alpha = 0,05$.

Tabulka 8: Použité primery pro dané SNP, polymerázy a podmínky PCR

	Sekvence (5'-3')	SNP	Fragment (bp)	Polymeráza	Ta (°C)	Cykly	Metoda	Zdroj
RYR1-A	GTG CTG GAT GTC CTG TGT TCC CT	M91451.1:c.1843C>T	134	Combi PPP Master Mix	55	30	RFLP (HhaI) T 134 / C 84+50	Brenig & Brem (1992)
RYR1-B	CTG GTG ACA TAG TTG ATG AGG TTT G							
MC4R-A	TAC CCT GAC CAT CTT CAT TG	AF087937:c.746G>A	226	Combi PPP Master Mix	55	30	RFLP (TaqI) A 226 / G 70+156	Kim et al. (2000)
MC4R-B	ATA GCA ACA GAT GAT CTC TTT G							
MC4R-C	GGC CAG ACT CCA CAT TAA GAG	NM_214173.1:c.707G>A	117	Combi PPP Master Mix	55	30	RFLP (MwoI) A 117 / G 51 +66	Meidtner et al. (2006)
MC4R-D	CAG ACC ACA AAG ACG CCA AT							
CAST-A	CCT TTG TTG TGT TCT CTG AGG	M20160: Ser638Arg	183	Combi PPP Master Mix	55	30	RFLP (PvuII) A 183 / C 142+41	Ciobanu et al. (2004)
CAST-B	AAA CCT ATT TTC AGG GAT ATG GG							
FTO-A	TCA AGA AGC CTT CCT CGC ACT G	FM244720:g.400C>G	435	Combi PPP Master Mix	55	30	RFLP (RsaI) C 128+250+57 / G 128+216+34+57	Dvořáková et al. (2012)
FTO-B	TGG GGA TCC ATG AAG CTC AAC A							
FTO-C	ACA GGC CCT GAA GAG GAA AG	AM931150:g.276T>G	397	Combi PPP Master Mix	57	30	RFLP (TaiI) T 397 / G 275+122	Fontanesi et al. (2009c)
FTO-D	AGT AAC CTG GAG TTC CTG TGG							
IGF2-A	CGG ACC GAG CCA GGG ACG A	NC_010444.4:g.3072G>A	215	One Taq Hot start CG	55	35	RFLP (ApeKI) A 34+129+52 / G 34+29+100+52	Clark et al. (2014)
IGF2-B	GCC GGC TGG AAG GGAGGA A							

5 Výsledky

Do statistické analýzy bylo zařazeno 71 zvířat, u kterých předtím byly zjištěny genotypy ve všech sledovaných polymorfizmech. Detailní výsledky z GLM, pomocí kterého byly hledány asociace mezi genotypy a vybranými ukazateli, jsou uvedeny v přílohách.

5.1.1 Porovnání alelových a genotypových frekvencí

Jelikož katedra disponovala nejen genetickým materiálem od hybridů, ale také od zvířat z nukleových chovů (jejichž potomstvem jsou právě zkoumaní hybridy) a od prasat divokých, pro doplnění této diplomové práce byly využity i tyto populace.

V případě SNP c.1843C>T v genu RYR1 se alela *T* (*n*) ve větší míře vyskytovala pouze u pietrainů, přesněji u 18 heterozygotů. V populaci testovaných hybridů byli pouze dva jedinci heterozygotní.

U prvního SNP v MC4R (c.746G>A) se obě alely vyskytovaly s vysokými frekvencemi u kříženců i čistokrevných plemen, zato u divokých prasat se objevila pouze alela *G*. U druhého SNP v MC4R (c.707G>A) byla ve všech populacích detekována výlučně alela *A*.

SNP v genu CAST (Ser638Arg) projevil obě varianty s vysokými frekvencemi u každé populace kromě pietrainů.

U genu FTO se oba zkoumané SNP (g.400C>T a g.276T>G) rovněž vyskytly v obou variantách u každé populace. Frekvence alel g.400C a g.276T (a tedy zároveň g.400C a g.276G) i genotypů si přitom byly nápadně podobné.

SNP v genu IGF2 (g.3072G>A) se u každé populace vyskytl v obou variantách, ovšem u hybridů měla alela *A* (*Q*) zdaleka nejvyšší frekvenci (0,89). Zároveň u hybridů na rozdíl od ostatních populací chyběli homozygoti *GG* (*qq*).

Grafy alelových a genotypových frekvencí pro jednotlivé SNP najdete v příloze 1 a 2.

5.1.2 RYR1, c.1843C>T

Ze 71 testovaných zvířat bylo 69 genotypu *CC* a pouze 2 *CT* (frekvence alel: *C* = 0,99; *T* = 0,01), proto asociční analýza provedena nebyla.

5.1.3 MC4R, c.746G>A

U testovaných zvířat byly nalezeny všechny tři genotypy: 11x *GG*, 37x *GA* a 23x *AA* (frekvence alel: *G* = 0,42; *A* = 0,58). Heterozygoti vykazali největší průměrnou hmotnost, což patrně bylo spojeno s vyšším obsahem tuku v JUT. Statisticky významné asociace byly nalezeny v případě těchto ukazatelů:

- průměrný denní přírůstek: *GA* > *AA* ($p < 0,05$),
- hřbetní tuk: *GA* > *GG* ($p < 0,05$),
- podíl tukového krytí HMC v JUT: *GA* > *AA* ($p < 0,05$),
- ZP: *GA* < *AA* ($p < 0,005$),
- teplota MLLT: *GG* > *AA* ($p < 0,05$); *GA* > *AA* ($p < 0,05$),
- teplota MS: *GG* > *AA* ($p < 0,005$); *GA* > *AA* ($p < 0,05$).

Kompletní výsledky jsou k vidění v příloze 3 a 4.

5.1.4 MC4R, c.707G>A

U testovaných zvířat byl nalezen pouze jeden genotyp (*GG*), takže provést asociační analýzu nebylo možné.

5.1.5 CAST, p.Ser638Arg

U testovaných zvířat byly nalezeny dva genotypy: 52x *AC* a 19x *AA* (frekvence alel: *C* = 0,34; *A* = 0,37). V žádném ze zvolených ukazatelů se neprojevil průkazná asociace. Kompletní výsledky jsou k vidění v příloze 5 a 6.

5.1.6 FTO, g.400C>G

U testovaných zvířat byly nalezeny všechny tři genotypy: 46x *CC*, 21x *CG* a 4x *GG* (frekvence alel: *C* = 0,80; *G* = 0,20). Homozygoti *GG* vykázali výrazně nejhorší růstovou schopnost, avšak to se vzhledem k jejich malému počtu neprojevilo jako statisticky významné. Pod hladinu významnosti se tedy dostaly pouze tyto ukazatele:

- EV MLLT: *CC* > *GG* ($p < 0,05$); *CG* > *GG* ($p < 0,05$),
- a* libového masa: *CC* < *GG* ($p < 0,05$); *CG* < *GG* ($p < 0,05$),
- IMF v kýtě: *CC* < *CG* ($p < 0,005$); *CG* > *GG* ($p < 0,005$).

Kompletní výsledky jsou k vidění v příloze 7 a 8.

5.1.7 FTO, g.276T>G

U testovaných zvířat byly nalezeny všechny tři genotypy: 48x *TT*, 19x *TG* a 4x *GG* (frekvence alel: *T* = 0,81; *G* = 0,19). Homozygoti *GG* vykázali výrazně nejhorší růstovou schopnost, avšak to se vzhledem k jejich malému počtu neprojevilo jako statisticky významné. Pod hladinu významnosti se tedy dostaly pouze tyto ukazatele:

- EV MLLT: *TT* < *GG* ($p < 0,05$); *TG* < *GG* ($p < 0,05$),
- a* libového masa: *TT* < *GG* ($p < 0,05$); *TG* < *GG* ($p < 0,05$),
- IMF v kýtě: *TT* < *TG* ($p < 0,0001$); *TG* > *GG* ($p < 0,0001$),
- IMF v pleci: *TT* < *GG* ($p < 0,05$).

Kompletní výsledky jsou k vidění v příloze 9 a 10.

5.1.8 IGF2, g.3072G>A

U testovaných zvířat byly nalezeny dva genotypy: 19x *GA* a 52x *AA* (frekvence alel: *G* = 0,11; *A* = 0,89). Statisticky významné asociace byly nalezeny u následujících ukazatelů:

- elektrická vodivost v MLLT: *GA* > *AA* ($p < 0,05$),
- a* libového masa: *GA* > *AA* ($p < 0,05$),
- b* libového masa: *GA* > *AA* ($p < 0,05$),
- IMF v kotletě: *GA* > *AA* ($p < 0,05$),
- IMF v pleci: *GA* > *AA* ($p < 0,05$).

Kompletní výsledky jsou k vidění v příloze 11 a 12.

5.1.9 Mastné kyseliny

Asociace mezi genotypy a obsahem MK v kotletě byly nalezeny pouze v malém počtu případů, a to u méně významných MK. Šlo o tyto případy:

- kyselina myristová (C14:0) u SNP g.400C>G (FTO) – $CC > CG$,
- kyselina gondoová (C20:1) u SNP g.400C>G (FTO) – $CC < CG$; $CC < GG$,
- kyselina behenová (C22:0) u SNP g.400C>G (FTO) – $CC < GG$; $CG < GG$,
- kyselina eruková (C22:1) u SNP g.400C>G (FTO) – $CC < GG$; $CG < GG$,
- kyselina myristová (C14:0) u SNP g.276T>G (FTO) – $TT > TG$,
- kyselina tetradecenová (C14:1) u SNP g.276T>G (FTO) – $TT > TG$,
- kyselina arachová (C20:0) u SNP g.276T>G (FTO) – $TT < TG$,
- kyselina gondoová (C20:1) u SNP g.276T>G (FTO) – $TT < GG$,
- kyselina behenová (C22:0) u SNP g.276T>G (FTO) – $TT < GG$; $TG < GG$,
- kyselina laurová (C12:0) u SNP g.3072G>A (IGF2) – $GA < AA$,
- kyselina margarová (C17:0) u SNP g.3072G>A (IGF2) – $GA < AA$.

Kompletní výsledky jsou k vidění v přílohách.

6 Diskuze

6.1 RYR1

Výskyt alely $T(n)$ se u dnešních linií rutinně kontroluje, a proto SNP v testované populaci nebylo možné podrobit asociační analýze – téměř všechna zvířata měla genotyp CC . Alela T se vyskytla pouze u dvou heterozygotů. U jejich masa byla naměřena nadprůměrná hodnota EV , která by se podle Stupka et al. (2009) už nacházela na hranici mezi normálním masem a masem inklinujícím k PSE (4 mS 45 min *post mortem*). Avšak hodnoty pH byly průměrné, a hlavně se na jatkách žádné PSE maso neobjevilo.

Z grafů v přílohách 1 a 2 je patrné, že takový výsledek lze očekávat také u jiných plemen nebo u prasete divokého. Pouze u plemena pietrain se v chovu šlechtitele objevují také heterozygoti CT .

Jak bylo zmíněno v rešerši, alela T přináší vyšší zmasilost (např. Wood & Whittemore 2006; Cobanovic et al. 2019), proto se v minulosti právě u supermasného pietraina uchytila s velmi vysokou frekvencí. To ale mělo za následek velký podíl masa špatné kvality. Po objevení příčinného SNP v genu $RYR1$ se tak začaly šlechtit stres-rezistentní linie (Stupka et al. 2009).

6.2 MC4R

Ačkoliv do této práce byly zahrnuty dva SNP, asociační analýza mohla být provedena pouze u jednoho: **c.746G>A** (p.Asp298Asn). Výsledky v našem případě vůbec nekorespondovaly se dřívějšími studiemi (např. Kim et al. 2004; Van den Maagdenberg et al. 2007; Roh et al. 2012; Van den Broeke et al. 2015...). Z jejich závěrů převážně vyplynulo, že genotyp GG by měl oproti genotypu AA vykazat pomalejší růst, ale menší tučnost. U námi testované populace tomu bylo naopak, nicméně srovnání těchto dvou genotypů nebylo statisticky průkazné.

Staticky významné rozdíly se projevíly zvláště v případě srovnání dvou nepočtenějších genotypů, tedy heterozygotů GA a homozygotů AA . Zjevnou příčinou tohoto jevu byla skutečnost, že heterozygotní jedinci narostli do nejvyšších průměrných porážkových hmotností. Přítomnost efektu superdominance v tomto SNP však literatura nezmiňuje, proto takový závěr nemůže mít ani tato práce.

Významné asociace v případě teploty masa měřené 45 min *post mortem* v MS a v MLLT, kdy v obou případech byly u genotypu AA naměřeny nejmenší průměrné hodnoty, může souviset s tím, že zvířata genotypu AA měla nejmenší tukové krytí HMC (což bylo zjištění, které šlo proti předpokladům plynoucím z tabulky 2).

Mimo to se potvrdilo tvrzení Kim et al. (2004), že se u prasete divokého vyskytuje jen alela G .

Polymorfismus **c.707G>A** nabídl pouze výsledky z genotypování, které ukázalo, že v testované populaci byla přítomna jen alela A . Tato alela se zdá fixována rovněž v mateřských a otcovských populacích chovatele i v populaci divokých prasat.

6.3 CAST

V případě p.Ser638Arg v genu *CAST* se ve zkoumané populaci objevily dva genotypy, avšak žádné průkazné asociace nalezeny nebyly. Také z tabulky 4 v rešerši se zdá, že tento samotný polymorfismus nepřináší přesvědčivé výsledky, přestože důležitost calpastatinu pro kvalitu masa je v literatuře dobře popsána (Goll et. al 1998; Goll et. al 2003). Do budoucna proto možná bude vhodné p.Ser638Arg sledovat v haplotypech, jak naznačují některé studie (Ciobanu et al. 2004; Santé-Lhoutellier et al. 2014).

6.4 FTO

V případě obou testovaných SNP byly objeveny signifikantní rozdíly mezi genotypy v EV u MLLT a v barevném kanálu a*. To ale zřejmě lze přičíst malému počtu zvířat genotypu g.400GG i g.276GG (v obou případech 4).

Zajímavěji se projevíly rozdíly v obsahu IMF v kýtě. Heterozygoti g.400CG měli v této partii výrazně vyšší podíl IMF než homozygoti CC i CG. Obdobný výsledek platil rovněž u druhého SNP, g.276T>G. Tyto rozdíly korespondují s některými výsledky Dvořáková et al. (2012) a Fontanesi et al. (2009a). Jenže jak v těchto studiích, tak v naší práci převažují výsledky (z jiných měřených partií), které asociaci těchto SNP a IMF spíše nepodporují. Syntéza IMF přece jen probíhá jinou metabolickou cestou než syntéza zásobního tuku a je možné, že gen *FTO* hraje roli převážně z hlediska zásobního tuku.

Naměřené hodnoty celkově napovídají, že SNP g.400C>G a SNP g.276T>G se mohou dědit v haplotypech. Alelové frekvence, rozdělení počtu genotypů i výsledky asociační analýzy se do značné míry shodují. Bohužel tato práce nedisponovala údaji, na jejichž základě by bylo možné ověřit přítomnost vazby.

6.5 IGF2

V testované populaci jasně převážila alela A (0,89). Přestože od chovatele víme, že zvířata na tento SNP netestuje, vysoká frekvence alely A patrně podporuje závěry Van Laere et al. (2003) – totiž že nároky na zmasilost vedou k selekci ve prospěch této alely i nepřímo.

Je potřeba upozornit, že u SNP g.3072G>A hraje roli imprinting, a zjistit, která alela byla maternální a která paternální, nebylo u testované populace možné.

Z výsledků asociační analýzy jsou nejpodstatnější rozdíly v IMF. Ve všech čtyřech sledovaných partiích (krkovice, kýta, kotleta, plec) heterozygoti GA průměrně dosahovali vyššího podílu IMF než homozygoti AA, přičemž v kotletě a pleci šlo o signifikantní asociace.

Studie jako Aslan et al. (2011) nebo Oczkowicz et al. (2012) uvedly, že IGF2 může ovlivňovat nejen celkovou tučnost, ale také právě IMF. Oczkowicz et al. (2012) pozorovali významný pozitivní aditivní efekt alely G na obsah IMF a i v našem případě se zdá, že by alela G mohla být spojena s vyšším obsahem IMF. Znovu je ovšem třeba upozornit, že jiné studie (zmíněné v literárním přehledu) zjistily opačnou asociaci nebo asociaci nenalezly.

Zjištěn byl pak signifikantní rozdíl v EV v MLLT ($GA > AA$), ovšem ten se při pohledu na průměrné hodnoty nezdá být podstatný, neboť se hodnoty nacházejí bezpečně pod hranicí 4 mS, kterou Stupka et al. (2009) dělí maso na normální a inklinující k PSE. Signifikantní rozdíly

byly naměřeny také v barevných kanálech a* a b*, což mohlo souviset s rozdílným podílem IMF v kotletě.

6.6 Mastné kyseliny

Některé asociace mezi genotypy a obsahem MK se objevily, ovšem pokaždé šlo o MK, které se v tuku kotlety nacházejí v mizivém množství (vizte tabulky v samostatných přílohách). Výjimku představovala snad jen kyselina myristová (C14:0), která tvořila necelá 2 % a v jejímž případě se vyskytly signifikantní rozdíly u obou SNP v genu *FTO*. Nicméně celkově žádný ze studovaných polymorfizmů nejevil podstatný vliv na profil MK.

7 Závěr

Tato práce testovala hypotézy, zda vybrané SNP u prasat ovlivňují růstovou schopnost, jatečnou hodnotu či kvalitu masa. Analýza odhalila některé statisticky významné rozdíly mezi genotypy v různých ukazatelích, avšak značná část výsledků nekorespondovala se zjištěními jiných autorů. Ve vlastnostech, kde literatura nasvědčovala přítomnosti asociace, se předpokládaný vliv genotypu neprojevil. Stanovené hypotézy tedy na případu populace, která byla testována v této práci, obecně nemohly být podpořeny.

Výstupy z práce patrně limitoval počet zvířat kombinovaný s nepříliš příznivým rozložením genotypů v testované populaci. U dvou SNP (c.1843C>T v *RYRI* a c.707G>A v *MC4R*) tak nemohla být provedena asociční analýza vůbec, u dalších dvou (p.Ser638Arg v *CAST* a g.3072G>A v *IGF2*) se vyskytly pouze dva genotypy a v případě obou SNP v genu *FTO* byl jeden z genotypů zastoupen pouze čtyřmi zvířaty.

Na výsledcích se rovněž mohly výrazně podepsat podmínky vnějšího prostředí, dosud neobjasněné genové interakce či vliv heterózního efektu.

Analýze by také možná pomohlo, kdyby byly zahrnuty informace o rodičích jednotlivých zvířat. To platí především v případě SNP v genu *IGF2*, který je paternálně imprintovaný. Dále by tyto informace mohly být užitečné pro ověření možné existence vazby mezi dvěma SNP v genu *FTO*.

Další výzkumy v této oblasti by vzhledem k náchylnosti na chyby tedy měly věnovat maximální pozornost metodice od výběru zvířat, přes jejich chov až po statistické vyhodnocení. Konkrétně by se mohlo vyplatit pracovat s velkými populacemi (a s více generacemi) a získat data pro aplikaci sofistikovanějších matematických modelů.

8 Literatura

- Alberts B, Bray D, Johnson A, Lewis J, Raff M, Roberts K, Walter P. 1998. *Základy buněčné biologie*. Espero Publishing, Ústí nad Labem.
- Apple JK, Yancey JWS. 2013. Water-Holding Capacity of Meat. Pages 119–146 in Kerth CR, editor. *The Science of Meat Quality*. Wiley-Backwell, Hoboken.
- Aslan, O., Hamill, R. M., Davey, G., McBryan, J., Mullen, A. M., Gispert, M., & Sweeney, T. 2011. Variation in the IGF2 gene promoter region is associated with intramuscular fat content in porcine skeletal muscle. *Molecular Biology Reports* **39(4)**: 4101–4110. DOI: 10.1007/s11033-011-1192-5
- Asworth C. Reproduction. Pages 104–147 in Whittemore CT, Kyriazakis I, editors. *Whittemore's Science and Practice of Pig Production*. Blackwell Publishing, Hoboken.
- Babic M, Szyndler-Nędza M, Skrzypczak E, Kasprzyk A. 2016. Reproductive Performance of Native Pulawska and High Productivity Polish Landrace Sows in the Context of Stress During the Period of Early Pregnancy. *Reproduction in Domestic Animals* **51(1)**: 91–97. DOI: 10.1111/rda.12650.
- Bidner BS, Ellis M, Brewer MS, Champion D, Wilson ER, McKeith FK. 2004. Effect of ultimate pH on the quality characteristics of pork. *Journal of Muscle Foods* **15**: 139–154. Wiley. DOI: 10.1111/j.1745-4573.2004.tb00717.x.
- Braden WK. 2013. Converting Muscle to Meat: The Physiology of Rigor. Pages 79–98 in Kerth CR, editor. *The Science of Meat Quality*. Wiley-Backwell, Hoboken.
- Braunschweig MH, Van Laere A-S, Buys N, Andersson L, Andersson G. 2004. IGF2 antisense transcript expression in porcine postnatal muscle is affected by a quantitative trait nucleotide in intron 3. *Genomics* **84**: 1021–1029. Elsevier BV. DOI: 10.1016/j.ygeno.2004.09.006.
- Brenig B, Brem G. 1992. Genomic organization and analysis of the 5' end of the porcine ryanodine receptor gene (*ryr1*). *FEBS Letters* **298(2–3)**: 277–279. DOI: 10.1016/0014-5793(92)80076-s
- Bruun CS, Jorgensen CB, Nielsen VH, Andersson L, Fredholm M. 2006. Evaluation of the porcine melanocortin 4 receptor (MC4R) gene as a positional candidate for a fatness QTL in a cross between Landrace and Hampshire. *Animal Genetics* **37**: 359–362. Wiley. DOI: 10.1111/j.1365-2052.2006.01488.x.
- Burgos C, Galve A, Moreno C, Altarriba J, Reina R, García C, López-Buesa P. 2012. The effects of two alleles of IGF2 on fat content in pig carcasses and pork. *Meat Science* **90**: 309–313. Elsevier BV. DOI: 10.1016/j.meatsci.2011.07.016.
- Černý H. 2000. Vývoj, stavba a funkce svalu. Pages 5-24 in in Steinhauser L, editor. *Produkce masa*. Polygra, Brno.
- Český statistický úřad (ČSÚ). 2020. Chov prasat - 2. pololetí 2019. Available from <https://www.czso.cz/csu/czso/chov-prasat-2-pololeti-2019> (accessed March 2020).

- Chen X, Luo Y, Jia G, Liu G, Zhao H, Huang Z. 2017. FTO Promotes Adipogenesis through Inhibition of the Wnt/ β -catenin Signaling Pathway in Porcine Intramuscular Preadipocytes. *Animal Biotechnology* **28**: 268–274. Informa UK Limited. DOI: 10.1080/10495398.2016.1273835.
- Ciobanu DC, Day AE, Nagy A, Wales R, Rothschild MF, Plastow GS. 2001. Genetic variation in two conserved local Romanian pig breeds using type 1 DNA markers. *Genetics Selection Evolution* **33**. Springer Science and Business Media LLC. DOI: 10.1186/1297-9686-33-4-417.
- Ciobanu DC, Bastiaansen JWM, Lonergan SM, Thomsen H, Dekkers JCM, Plastow GS, Rothschild MF. 2004. New alleles in calpastatin gene are associated with meat quality traits in pigs. *Journal of Animal Science* **82**: 2829–2839. Oxford University Press (OUP). DOI: 10.2527/2004.82102829x.
- Ciobanu DC, Lonergan SM, Huff-Longergar E. 2011. Genetics of Meat Quality and Carcass Traits. Pages 355–389 in Rothschild MF, Ruvinsky A, editors. *The Genetics of the Pig*, 2nd Edition. CABI, London.
- Clark DL, Bohrer BM, Tavárez MA, Boler DD., Beever JE, Dilger AC. 2014. Effects of the porcine IGF2 intron 3-G3072A mutation on carcass cutability, meat quality, and bacon processing1. *Journal of Animal Science* **92(12)**: 5778–5788. DOI: 10.2527/jas.2014-8283.
- Collard BCY, Jahufer MZZ, Brouwer JB, Pang ECK. 2005. An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: The basic concepts. *Euphytica* **142**: 169–196. Springer Science and Business Media LLC. DOI: 10.1007/s10681-005-1681-5.
- Covington AK, Bates RG, Durst RA. 1985. Definition of pH scales, standard reference values, measurement of pH and related terminology (Recommendations 1984). *Pure and Applied Chemistry* **57**: 531–542. Walter de Gruyter GmbH. DOI: 10.1351/pac198557030531.
- Dauncey MJ, Katsumata M, White P. 2004. Nutrition, Hormone Receptor Expression and Gene Interactions: Implications for Development and Diseases. Pages 103–124 in Pas MFW, Everts ME, Haagsman HP, editors. *Muscle Development of Livestock Animals: Physiology, Genetics and Meat Quality*. CABI Publishing, London.
- Davis MA. 2013. Preventing Foodborne Illnes. Pages 249–282 in Kerth CR, editor. *The Science of Meat Quality*. Wiley-Backwell, Hoboken.
- Davoli R, Schivazappa C, Zambonelli P, Braglia S, Rossi A, Virgili R. 2017. Association study between single nucleotide polymorphisms in porcine genes and pork quality traits for fresh consumption and processing into Italian dry-cured ham. *Meat Science* **126**: 73–81. Elsevier BV. DOI: 10.1016/j.meatsci.2016.11.018.
- Dina C et al. 2007. Variation in FTO contributes to childhood obesity and severe adult obesity. *Nature Genetics* **39**: 724–726. Springer Science and Business Media LLC. DOI: 10.1038/ng2048.
- Dvořáková V, Bartenschlager H, Stratil A, Horák P, Stupka R, Čítek J, Šprysl M, Hrdlicová A, Geldermann H. 2012. Association between polymorphism in the FTO gene and growth

- and carcass traits in pig crosses. *Genetics Selection Evolution* **44**: 13. Springer Science and Business Media LLC. DOI: 10.1186/1297-9686-44-13.
- Dvořáková V, Stupka R, Šprysl M, Čítek J, Okrouhlá M, Kluzáková E, Kratochvílová K. 2010. The effect of polymorphism Ser638Arg/PvuII in the calpastatin (CAST) gene and the effect of cause mutation in RYR1 gene on the qualitative traits of meat in the Czech Republic. *Research in Pig Breeding* **4(2)**: 1–3. Czech University of Life Sciences Prague.
- Dvořáková V, Stupka R, Šprysl M, Čítek J, Okrouhlá M, Kluzáková E, Kratochvílová H. 2011. Effect of missense mutation Asp298Asn in MC4R on growth and fatness traits in commercial pig crosses in the Czech Republic. *Czech Journal of Animal Science* **56**: 176–180. Czech Academy of Agricultural Sciences. DOI: 10.17221/1305-CJAS.
- Dyck M, Ruvinsky A. 2011. Pages 262–307 in Rothschild MF, Ruvinsky A, editors. *The Genetics of the Pig*, 2nd Edition. CABI, London.
- Enser M, Hallett K, Hewitt B, Fursey GAJ, Wood JD. 1996. Fatty acid content and composition of english beef, lamb and pork at retail. *Meat Science* **42(4)**: 443–456. DOI: 10.1016/0309-1740(95)00037-2.
- Fan B, Du Z-Q, Rothschild MF. 2009b. The Fat Mass and Obesity-Associated (FTO) Gene is Associated with Intramuscular Fat Content and Growth Rate in the Pig. *Animal Biotechnology* **20**: 58–70. Informa UK Limited. DOI: 10.1080/10495390902800792.
- Fan B, Onteru SK, Plastow GS, Rothschild MF. 2009a. Detailed characterization of the porcineMC4R gene in relation to fatness and growth. *Animal Genetics* **40**: 401–409. Wiley. DOI: 10.1111/j.1365-2052.2009.01853.x.
- Fan B, Lkhagvadorj S, Cai W, Young J, Smith RM, Dekkers JCM, Huff-Lonergan E, Lonergan SM, Rothschild MF. 2010. Identification of genetic markers associated with residual feed intake and meat quality traits in the pig. *Meat Science* **84**: 645–650. Elsevier BV. DOI: 10.1016/j.meatsci.2009.10.025.
- Frayling TM et al. 2007. A Common Variant in the FTO Gene Is Associated with Body Mass Index and Predisposes to Childhood and Adult Obesity. *Science* **316**: 889–894. American Association for the Advancement of Science (AAAS). DOI: 10.1126/science.1141634.
- Folch J, Lees M, Stanley GHS. 1957. A simple method for the isolation and purification of total lipides from animal tissues. *The Journal of Biological Chemistry* **226**: 497–509.
- Fontanesi L, Buttazzoni L, Galimberti G, Calò DG, Scotti E, Russo V. 2013. Association between melanocortin 4 receptor (MC4R) gene haplotypes and carcass and production traits in Italian Large White pigs evaluated with a selective genotyping approach. *Livestock Science* **157**: 48–56. Elsevier BV. DOI: 10.1016/j.livsci.2013.07.006.
- Fontanesi L, Scotti E, Buttazzoni L, Dall'Olio S, Bagnato A, Lo Fiego DP, Davoli R, Russo V. 2009a. Confirmed association between a single nucleotide polymorphism in the FTO gene and obesity-related traits in heavy pigs. *Molecular Biology Reports* **37**: 461–466. Springer Science and Business Media LLC. DOI: 10.1007/s11033-009-9638-8.

- Fontanesi L, Scotti E, Buttazzoni L, Davoli R, Russo V. 2009b. The porcine fat mass and obesity associated (FTO) gene is associated with fat deposition in Italian Duroc pigs. *Animal Genetics* **40**: 90–93. Wiley. DOI: 10.1111/j.1365-2052.2008.01777.x.
- Fontanesi L, Scotti E, Buttazzoni L, Dall’Olio S, Bagnato A, Lo Fiego DP, Davoli R, Russo V. 2009c. Confirmed association between a single nucleotide polymorphism in the FTO gene and obesity-related traits in heavy pigs. *Molecular Biology Reports*, 37(1), 461–466. <https://doi.org/10.1007/s11033-009-9638-8>
- Fontanesi L et al. 2010. The insulin-like growth factor 2 (IGF2) gene intron3-g.3072G>A polymorphism is not the only Sus scrofa chromosome 2p mutation affecting meat production and carcass traits in pigs: Evidence from the effects of a cathepsin D (CTSD) gene polymorphism1. *Journal of Animal Science* **88(7)**: 2235–2245. DOI: 10.2527/jas.2009-2560.
- Fujii J, Otsu K, Zorzato F, de Leon S, Khanna V, Weiler J, O’Brien P, MacLennan D. 1991. Identification of a mutation in porcine ryanodine receptor associated with malignant hyperthermia. *Science* **253**: 448–451. American Association for the Advancement of Science (AAAS). DOI: 10.1126/science.1862346.
- Getmantseva L, Leonova M, Usatov A, Bakoev S, Klimenko A, Vasilenko V, Kolosov A, Shirockova N, Makarenko M. 2017. The Single and Combined Effect of MC4R and GH Genes on Productive Traits of Pigs. *American Journal of Agricultural and Biological Sciences* **12**: 28–32. Science Publications. DOI: 10.3844/ajabssp.2017.28.32.
- Goll DE, Thompson VF, Taylor RG, Ouali A. 1998. The calpain system and skeletal muscle growth. *Canadian Journal of Animal Science* **78**: 503–512. Canadian Science Publishing. DOI: 10.4141/A98-081.
- Goll DE, Thompson VF, Li H, Wei W, Cong J. 2003. The Calpain System. *Physiological Reviews* **83**: 731–801. American Physiological Society. DOI: 10.1152/physrev.00029.2002.
- Gou P, Zhen ZY, Hortós M, Arnau J, Diestre A, Robert N, Claret A, Čandek-Potokar M, Santé-Lhoutellier V. 2012. PRKAG3 and CAST genetic polymorphisms and quality traits of dry-cured hams — I. Associations in Spanish dry-cured ham Jamón Serrano. *Meat Science* **92**: 346–353. Elsevier BV. DOI: 10.1016/j.meatsci.2012.06.018.
- Groenen MAM. 2016. A decade of pig genome sequencing: a window on pig domestication and evolution. *Genetics Selection Evolution* **48**. Springer Science and Business Media LLC. DOI: 10.1186/s12711-016-0204-2.
- Hamm R. 1961. Biochemistry Of Meat Hydration. *Advances in Food Research* **10**: 355–463. Elsevier. DOI: 10.1016/S0065-2628(08)60141-X.
- Heinz G, Hautzinger P. 2007. Meat Processing Technology for Small- to Medium- Scale Producers. Food and Agriculture Organization of the United Nations Regional Office for Asia and the Pacific, Bangkok.
- Herter M, Wilsdorf G. 1914. Die Bedeutung des Schweines für die Fleischversorgung, Arbeiten der Deutscher Landwirtschaft-Gesellschaft. Heft, Berlin.

- Houston RD, Cameron ND, Rance KA. 2004. A melanocortin-4 receptor(MC4R) polymorphism is associated with performance traits in divergently selected large white pig populations. *Animal Genetics* **35**: 386–390. Wiley. DOI: 10.1111/j.1365-2052.2004.01182.x.
- Hovorka F. 1983. Biologické aspekty užítkovosti prasat. Vysoká škola zemědělská v Praze, Praha.
- Illumina. 2020. PorcineSNP60 DNA Analysis Kit v2. Available from <https://emea.illumina.com/products/by-type/microarray-kits/porcine-snp60.html> (accessed March 2020).
- Jeon JT et al. 1999. A paternally expressed QTL affecting skeletal and cardiac muscle mass in pigs maps to the IGF2 locus. *Nature Genetics* **21(2)**: 157–158. DOI: 0.1038/5938
- Kerth CR, 2013. Meat Tenderness. Pages 99–118 in Kerth, editor. *The Science of Meat Quality*. Wiley-Backwell, Hoboken.
- Kim KS, Larsen N, Short T, Plastow G, Rothschild MF. 2000. A missense variant of the porcine melanocortin-4 receptor (MC4R) gene is associated with fatness, growth, and feed intake traits. *Mammalian Genome* **11**: 131–135. Springer Science and Business Media LLC. DOI: 10.1007/s003350010025.
- Kim KS, Reecy JM, Hsu WH, Anderson LL, Rothschild MF. 2004. Functional and phylogenetic analyses of a melanocortin-4 receptor mutation in domestic pigs. *Domestic Animal Endocrinology* **26**: 75–86. Elsevier BV. DOI: 10.1016/j.domaniend.2003.12.001.
- Knol EF, Nielsen B, Knap PW. 2016. Genomic selection in commercial pig breeding. *Animal Frontiers* **6**: 15–22. Oxford University Press (OUP). DOI: 10.2527/af.2016-0003.
- Kusec G, Baulain U., Henning M, Köhler P, Kallweit E. 2005. Fattening, carcass and meat quality traits of hybrid pigs as influenced by MHS genotype and feeding systems. *Archives Animal Breeding* **48(1)**: 40–49. DOI: 10.5194/aab-48-40-2005.
- Kwon K et al. 2015. Association of Variation in the MC4R Gene with Meat Quality Traits in a Commercial Pig Population. *Journal- Faculty of Agriculture Kyushu University* **60**: 113–118
- Lee YB, Choi YI. 1999. PSE (pale, soft, exudative) Pork: The Causes and Solutions – Review. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences* **12**: 244–252. Asian Australasian Association of Animal Production Societies. DOI: 10.5713/ajas.1999.244.
- Liu X, Liu H, Wang M, Li R, Zeng J, Mo D, Cong P, Liu X, Chen Y, He Z. 2018. Disruption of the ZBED6 binding site in intron 3 of IGF2 by CRISPR/Cas9 leads to enhanced muscle development in Liang Guang Small Spotted pigs. *Transgenic Research* **28**: 141–150. Springer Science and Business Media LLC. DOI: 10.1007/s11248-018-0107-9.
- López-Buesa P, Burgos C, Galve A, Varona L. 2013. Joint analysis of additive, dominant and first-order epistatic effects of four genes (IGF2, MC4R, PRKAG3 and LEPR) with known effects on fat content and fat distribution in pigs. *Animal Genetics* **45**: 133–137. Wiley. DOI: 10.1111/age.12091.

- Loos RJF, Yeo GSH. 2013. The bigger picture of FTO—the first GWAS-identified obesity gene. *Nature Reviews Endocrinology* **10**: 51–61. Springer Science and Business Media LLC. DOI: 10.1038/nrendo.2013.227.
- Mancini RA, Hunt MC. 2005. Current research in meat color. *Meat Science* **71**: 100–121. Elsevier BV. DOI: 10.1016/j.meatsci.2005.03.003.
- Markljung E et al. 2009. ZBED6, a Novel Transcription Factor Derived from a Domesticated DNA Transposon Regulates IGF2 Expression and Muscle Growth. *PLoS Biology* **7**: e1000256. Public Library of Science (PLoS). DOI: 10.1371/journal.pbio.1000256.
- Meidtner K, Wermter AK, Hinney A, Remschmidt H, Hebebrand J, Fries R. 2006. Association of the melanocortin 4 receptor with feed intake and daily gain in F2 Mangalitsa x Pietrain pigs. *Animal Genetics* **37(3)**: 245–247. DOI: 10.1111/j.1365-2052.2006.01414.x
- Moravčíková N, Bučko O, Trakovická A. 2014. Effect of the fat mass and obesity associated (FTO) gene polymorphism on carcass traits in pigs. *Acta Agraria Kaposváriensis*: **18(1)**: 141–145. Kaposvári Egyetem.
- Murachi T. 1983. Calpain and calpastatin. *Trends in Biochemical Sciences* **8**: 167–169. Elsevier BV. DOI: 10.1016/0968-0004(83)90165-2
- NCBI. 2019b. CAST calpastatin [*Sus scrofa* (pig)]. Available from <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/397135> (accessed February 2020).
- NCBI. 2019c. MC4R melanocortin 4 receptor [*Sus scrofa* (pig)]. Available from <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/397359> (accessed February 2020).
- NCBI. 2019a. RYR1 ryanodine receptor 1 [*Sus scrofa* (pig)]. Available from <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/396718> (accessed February 2020).
- NCBI. 2020a. FTO alpha-ketoglutarate dependent dioxygenase [*Sus scrofa* (pig)]. Available from <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/100127165> (accessed February 2020).
- NCBI. 2020b. IGF2 insulin like growth factor 2 [*Sus scrofa* (pig)]. Available from <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/396916> (accessed March 2020).
- Nezer C et al. 1999. An imprinted QTL with major effect on muscle mass and fat deposition maps to the IGF2 locus in pigs. *Nature Genetics* **21(2)**: 155–156. <https://doi.org/10.1038/5935>
- Nonneman D et al. 2011. Predictive markers in calpastatin for tenderness in commercial pig populations^{1,2}. *Journal of Animal Science* **89**: 2663–2672. Oxford University Press (OUP). DOI: 10.2527/jas.2010-3556.
- O'Brien PJ, Klip A, Britt BA, Kalow BI. 1990. Malignant hyperthermia susceptibility: biochemical basis for pathogenesis and diagnosis. *Canadian Journal of Veterinary Research* **54(1)**: 83-92.
- Oczkowicz M, Tyra M, Walinowicz K, Różycki M, Rejduch B. 2009. Known mutation (A3072G) in intron 3 of the IGF2 gene is associated with growth and carcass composition

- in Polish pig breeds. *Journal of Applied Genetics* **50(3)**: 257–259. DOI: 10.1007/bf03195681.
- Oczkowicz M, Tyra M, Ropka-Molik K, Mucha A, Żukowski K. 2012. Effect of IGF2 intron3-g.3072G>A on intramuscular fat (IMF) content in pigs raised in Poland. *Livestock Science* **149**: 301–304. Elsevier BV. DOI: 10.1016/j.livsci.2012.06.021.
- OECD/FAO. 2019. OECD-FAO Agricultural Outlook 2019–2028. OECD Publishing, Paris/Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome. DOI: 10.1787/agr_outlook-2019-en
- Ogawa Y. 1994. Role of Ryanodine Receptors. *Critical Reviews in Biochemistry and Molecular Biology* **29**: 229–274. Informa UK Limited.
- Ollmann MM, Wilson BD, Yang Y-K, Kerns JA, Chen Y, Gantz I, Barsh GS. 1997. Antagonism of Central Melanocortin Receptors in Vitro and in Vivo by Agouti-Related Protein. *Science* **278**: 135–138. American Association for the Advancement of Science (AAAS). DOI: 10.1126/science.278.5335.135.
- Oliván et al. 2018. Effect of sex and RYR1 gene mutation on the muscle proteomic profile and main physiological biomarkers in pigs at slaughter. *Meat Science* **141**: 81–90. DOI: 10.1016/j.meatsci.2018.03.018.
- Omelka R, Peškovičová D, Martiniaková M, Bauer M, Bauerová M. 2006. Effect of the estrogen receptor (ESR) and ryanodine receptor (RYR1) genes on reproductive traits of Slovak Large White, White Meaty and Landrace pigs. *Arch. Tierz., Dummerstorf* **49(4)**: 357–362.
- Otto G, Roehe R, Looft H, Thoelking L, Knap PW, Rothschild MF, Plastow GS, Kalm E. 2007. Associations of DNA markers with meat quality traits in pigs with emphasis on drip loss. *Meat Science* **75(2)**: 185–195. DOI: 10.1016/j.meatsci.2006.03.022.
- Piórkowska K, Tyra M, Rogoz M, Ropka-Molik K, Oczkowicz M, Różycki M. 2010. Association of the melanocortin-4 receptor (MC4R) with feed intake, growth, fatness and carcass composition in pigs raised in Poland. *Meat Science* **85**: 297–301. Elsevier BV. DOI: 10.1016/j.meatsci.2010.01.017.
- Polasik D, Kamionka E-M, Tyra M, Żak G, Terman A. 2019. Analysis of FTO and PLIN2 Polymorphisms in Relation to Carcass and Meat Quality Traits in Pigs. *Annals of Animal Science* **19**: 71–83. Walter de Gruyter GmbH. DOI: 10.2478/aoas-2018-0053.
- Popovski Z, Tanaskovska B, Miskoska-Milevska E, Andonov S, Domazetovska S. 2016. Associations of biochemical changes and maternal traits with mutation 1843 (C>T) in the RYR1 gene as a common cause for porcine stress syndrome. *Balkan Journal of Medical Genetics* **19**: 75–80. Walter de Gruyter GmbH. DOI: 10.1515/bjmg-2016-0039.
- Pulkrábek J et al. 2005. *Chov prasat*. Profi Press, Praha.
- Rehfeld C, Fiedler I, Stickland NC. 2004. 103-124 in Pas MFW, Everts ME, Haagsman HP, editors. *Muscle Development of Livestock Animals: Physiology, Genetics and Meat Quality*. CABI Publishing, London.

- Reina R., López-Buesa P, Sánchez del Pulgar J, Ventanas J, García C. 2012. Effect of IGF-II (insulin-like growth factor-II) genotype on the quality of dry-cured hams and shoulders. *Meat Science* **92(4)**: 562–568. DOI: 10.1016/j.meatsci.2012.05.027.
- Rogers EF, Koniuszy FR, Shavel J Jr, Folkers K. 1948. Plant Insecticides. I. Ryanodine, A New Alkaloid from *Ryania Speciosa* Vahl. *Journal of the American Chemical Society* **70**: 3086–3088. American Chemical Society (ACS).
- Roh J-G, Kim S-W, Choi J-S, Choi Y-I, Kim J-J, Choi B-H, Kim T-H, Kim K-S. 2012. Characterization and Evaluation of Melanocortin 4 Receptor (MC4R) Gene Effect on Pork Quality Traits in Pigs. *Journal of Animal Science and Technology* **54**: 1–8. Springer Science and Business Media LLC. DOI: 10.5187/JAST.2012.54.1.1.
- Rohrer GA, Nonneman DJ, Miller RK, Zerby H, Moeller SJ. 2012. Association of single nucleotide polymorphism (SNP) markers in candidate genes and QTL regions with pork quality traits in commercial pigs. *Meat Science* **92**: 511–518. Elsevier BV. DOI: 10.1016/j.meatsci.2012.05.020.
- Ropka-Molik K, Bereta A, Tyra M, Różycki M, Piórkowska K, Szyndler-Nędza M, Szmatoła T. 2014. Association of calpastatin gene polymorphisms and meat quality traits in pig. *Meat Science* **97**: 143–150. Elsevier BV. DOI: 10.1016/j.meatsci.2014.01.021.
- Rosenvold K, Andersen HJ. 2003. Factors of significance for pork quality—a review. *Meat Science* **64**: 219–237. Elsevier BV. DOI: 10.1016/S0309-1740(02)00186-9.
- Rybarczyk A, Pietruszka A, Jacyno E, Dvořák J, Karamucki T, Jakubowska M. 2010. Association of RYR1 and MYOG Genotype with Carcass and Meat Quality Traits in Grower-finisher Pigs. *Acta Veterinaria Brno* **79(2)**: 243–248. DOI: 10.2754/avb201079020243.
- Santé-Lhoutellier V, Robert N, Martin JF, Gou P, Hortós M, Arnau J, Diestre A, Candek-Potokar M. 2012. PRKAG3 and CAST genetic polymorphisms and quality traits of dry-cured hams—II. Associations in French dry-cured ham Jambon de Bayonne and their dependence on salt reduction. *Meat Science* **92**: 354–359. Elsevier BV. DOI: 10.1016/j.meatsci.2012.06.022
- Schroyen M et al. 2015. The MC4R c.893G>A mutation: A marker for growth and leanness associated with boar taint odour in Belgian pig breeds. *Meat Science* **101**: 1–4. Elsevier BV. DOI: 10.1016/j.meatsci.2014.08.009
- Šimeček K, Zeman L, Heger J. 2000. Potřeba živin a tabulky výživné hodnoty krmiv pro prasata. Mendelova zemědělská a lesnická univerzita v Brně, Brno.
- Škrlep M et al. 2010. Association of PRKAG3 and CAST genetic polymorphisms with traits of interest in dry-cured ham production: Comparative study in France, Slovenia and Spain. *Livestock Science* **128**: 60–66. Elsevier BV. DOI: 10.1016/j.livsci.2009.10.015.
- Siljee JE, Wang Y, Bernard AA, Ersoy BA, Zhang S, Marley A, Von Zastrow M, Reiter JF, Vaisse C. 2018. Subcellular localization of MC4R with ADCY3 at neuronal primary cilia underlies a common pathway for genetic predisposition to obesity. *Nature Genetics* **50**: 180–185. Springer Science and Business Media LLC. DOI: 10.1038/s41588-017-0020-9.

- Stachowiak M, Szydlowski M, Obarzanek-Fojt M, Switonski M. 2006. An effect of a missense mutation in the porcine melanocortin-4 receptor (MC4R) gene on production traits in Polish pig breeds is doubtful. *Animal Genetics* **37**: 55–57. Wiley. DOI: 10.1111/j.1365-2052.2005.01373.x.
- Stalder KJ, Rothschild MF, Lonergan SM. 2005. Associations between two gene markers and indicator traits affecting fresh and dry-cured ham processing quality. *Meat Science* **69(3)**: 451–457. DOI: 10.1016/j.meatsci.2004.08.014
- Steinhauserová I. 2000. Ošetření masa na jatkách. Pages 331–343 in Steinhauser L, editor. *Produkce masa*. Polygra, Brno.
- Steinhauserová I, Steinhauser L. 2000. Chemické a biochemické složení svalu – masa. Pages 24–34 in Steinhauser L, editor. *Produkce masa*. Polygra, Brno.
- Stupka R, Šprysl M, Čítek J. 2009. *Základy chovu prasat*. PowerPrint, Praha.
- Stupka R et al. 2013. *Chov zvířat*. PowerPrint, Praha.
- Szydlowski M, Salamon S, Grzes M, Switonski M. 2012. SNP in the 5' flanking region of the pig FTO gene is associated with fatness in Polish Landrace. *Livestock Science* **150**: 397–400. Elsevier BV. DOI: 10.1016/j.livsci.2012.09.001.
- Szyndler-Nędza M, Ropka-Molik K, Mucha A, Blicharski T, Babicz M. 2019. Performance Traits of Puławska Pigs Depending on Polymorphism in the RYR1 Gene (C.1843C>T). *Annals of Animal Science* **19(2)**: 319–326. DOI: 10.2478/aoas-2019-0017.
- Tao Y-X. 2010. The Melanocortin-4 Receptor: Physiology, Pharmacology, and Pathophysiology. *Endocrine Reviews* **31**: 506–543. The Endocrine Society. DOI: 10.1210/er.2009-0037.
- Teama S. 2013. DNA Polymorphisms: DNA-Based Molecular Markers and Their Application in Medicine. In Liu Y, editor. *Genetic Diversity and Disease Susceptibility*. IntechOpen.
- Urbański P, Pierzchała M, Terman A, Kamyczek M, Różycki M, Roszczyk A, Czarnik U. 2015. The relationship between the polymorphism of the porcine CAST gene and productive traits in pigs. *Canadian Journal of Animal Science* **95**: 361–367. Canadian Science Publishing. DOI: 10.4141/CJAS-2014-186.
- Van den Broeke A, Aluwé M, Janssens S, Wauters J, Vanhaecke L, Buys N, Millet S, Tuytens FAM. 2015. The effect of the MC4R gene on boar taint compounds, sexual maturity and behaviour in growing-finishing boars and gilts. *Animal* **9(10)**: 1688–1697. DOI: 10.2527/jas.2014-8184.
- Van den Maagdenberg K, Stinckens A, Claeys E, Seynaeve M, Clinquart A, Georges M, Buys N, De Smet S. 2007. The Asp298Asn missense mutation in the porcine melanocortin-4 receptor (MC4R) gene can be used to affect growth and carcass traits without an effect on meat quality. *Animal* **1**: 1089–1098. DOI: 10.1017/S1751731107000456.
- Van den Maagdenberg K, Stinckens A, Claeys E, Buys N, De Smet S. 2008. Effect of the insulin-like growth factor-II and RYR1 genotype in pigs on carcass and meat quality traits. *Meat Science* **80(2)**: 293–303. DOI: 10.1016/j.meatsci.2007.12.008

- Van Laere AS et al. 2003. A regulatory mutation in IGF2 causes a major QTL effect on muscle growth in the pig. *Nature* **425(6960)**: 832–836. DOI: 10.1038/nature02064
- Vehovský K, Zadinová K, Stupka R, Cítek J, Okrouhlá M, Lebedová N, Sprysl M. 2019. Effect of the Ser638Arg variation in the cast gene and causal SNP g.1843C>T in the RYR1 gene on carcass traits in crossbred pigs. *Genetika* **51**: 61–68. DOI: 10.2298/GENSR1901061V.~
- Vykoukalova Z, Knoll A, Dvorak J, Cepica S. 2006. New SNPs in the IGF2 gene and association between this gene and backfat thickness and lean meat content in Large White pigs. *Journal of Animal Breeding and Genetics* **123**: 204–207. Wiley. DOI: 10.1111/j.1439-0388.2006.00580.x.
- Wang et al. 2019. Association of Twelve Candidate Gene Polymorphisms with the Intramuscular Fat Content and Average Backfat Thickness of Chinese Suhuai Pigs. *Animals* **9**: 858. MDPI AG. DOI: 10.3390/ani9110858.
- Webb AJ, Carden AE, Smith C, Imlah P. 1982. Porcine stress syndrome in pig breeding. *Proceedings of the 2nd World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Madrid*.
- Willian K. 2013. Lipids and Lipid Oxidation. Pages 147–176 in Kerth CR, editor. *The Science of Meat Quality*. Wiley-Backwell, Hoboken.
- Wood J, Whittemore CT. 2006. Pig meat and carcass quality. Pages 4–64 in Whittemore CT, Kyriazakis I, editors. *Whittemore’s Science and Practice of Pig Production*. Blackwell Publishing, Hoboken.
- Wood J, Enser M, Whittington F, Richardson R. 2007. Fatty Acids in Meat and Meat Products. Pages 87–107 in Chow CK, editor. *Fatty Acids in Foods and their Health Implications*, CRC Press, Cleveland. DOI: 10.1201/9781420006902.ch5
- Xiang G, Ren J, Hai T, Fu R, Yu D, Wang J, Li W, Wang H, Zhou Q. 2018. Editing porcine IGF2 regulatory element improved meat production in Chinese Bama pigs. *Cellular and Molecular Life Sciences* **75**: 4619–4628. Springer Science and Business Media LLC. DOI: 10.1007/s00018-018-2917-6.
- Yang W, Kang X, Yang Q, Lin Y, Fang M. 2013. Review on the development of genotyping methods for assessing farm animal diversity. *Journal of Animal Science and Biotechnology* **4**. Springer Science and Business Media LLC. DOI: 10.1186/2049-1891-4-2.
- Yeo GSH, Farooqi IS, Aminian S, Halsall DJ, Stanhope RG, O’Rahilly S. 1998. A frameshift mutation in MC4R associated with dominantly inherited human obesity. *Nature Genetics* **20**: 111–112. Springer Science and Business Media LLC. DOI: 10.1038/2404.
- Zhang CY, Wang Z, Bruce HL, Janz J, Goddard E, Moore S, Plastow GS. 2014. Associations between single nucleotide polymorphisms in 33 candidate genes and meat quality traits in commercial pigs. *Animal Genetics* **45**: 508–516. Wiley. DOI: 10.1111/age.12155.

9 Seznam použitých zkratek a symbolů

AgRP = protein podobný agouti (agouti-related protein)

ATP = adenzinotriposfát

cAMP = cyklický adenzinmonofosfát

CAST = calpastatin

CNV = variabilita počtu kopií segmentu DNA (copy number variation)

CRC = vápníkový kanál (calcium release channel)

DFD = tmavé, tuhé, suché maso (dark, firm, dry)

ETL = lokusy ekonomicky významných vlastností (economic trait loci)

EV = elektrická vodivost

FA = mastná kyselina (fatty acid)

FTO = alfa-ketoglutarát dependentní dioxygenáza

GWAS = celogenomová asociační studie (genome-wide association study)

HAL = halotanový gen

IGF2 = inzulinu podobný růstový faktor 2

IMF = intramuskulární tuk (intramuscular fat)

JUT = jatečně upravené tělo

LEP = leptin

MAS = markery asistovaná selekce (marker assisted selection)

MC4R = melanokortin 4 receptor

MH = maligní hypertermie

MLLT = musculus longissimus lumborum et thoracis

MS = musculus semimembranosus

MSH = melanocyty stimulující hormon

MUFA = mononenasyčená mastná kyselina (monounsaturated fatty acid)

p. = polymorfizmus

PCR = polymerázová řetězová reakce (polymerase chain reaction)

pHu = ultimátní pH

POMC = propiomelanokortin

PRKAG3 = nekatalytická $\gamma 3$ podjednotka adenosinmonofosfátem aktivované proteinkinázy

PSE = bledé, měkké, vodnaté maso (pale, soft, exudative)

PSS = prasečí stresový syndrom (porcine stress syndrome)

PUFA = polynenasycená mastná kyselina (polyunsaturated fatty acid)

RFLP = p. délky restrikčních fragmentů (restriction fragment length polymorphism)

RYR1 = ryanodinový receptor 1

SFA = nasycená mastná kyselina (saturated fatty acid)

SNP = jednonukleotidový polymorfizmus (single-nucleotide polymorphism)

QTL = lokus kvantitativních vlastností (quantitative trait locus)

QTN = nukleotid kvantitativních vlastností (quantitative trait nucleotide)

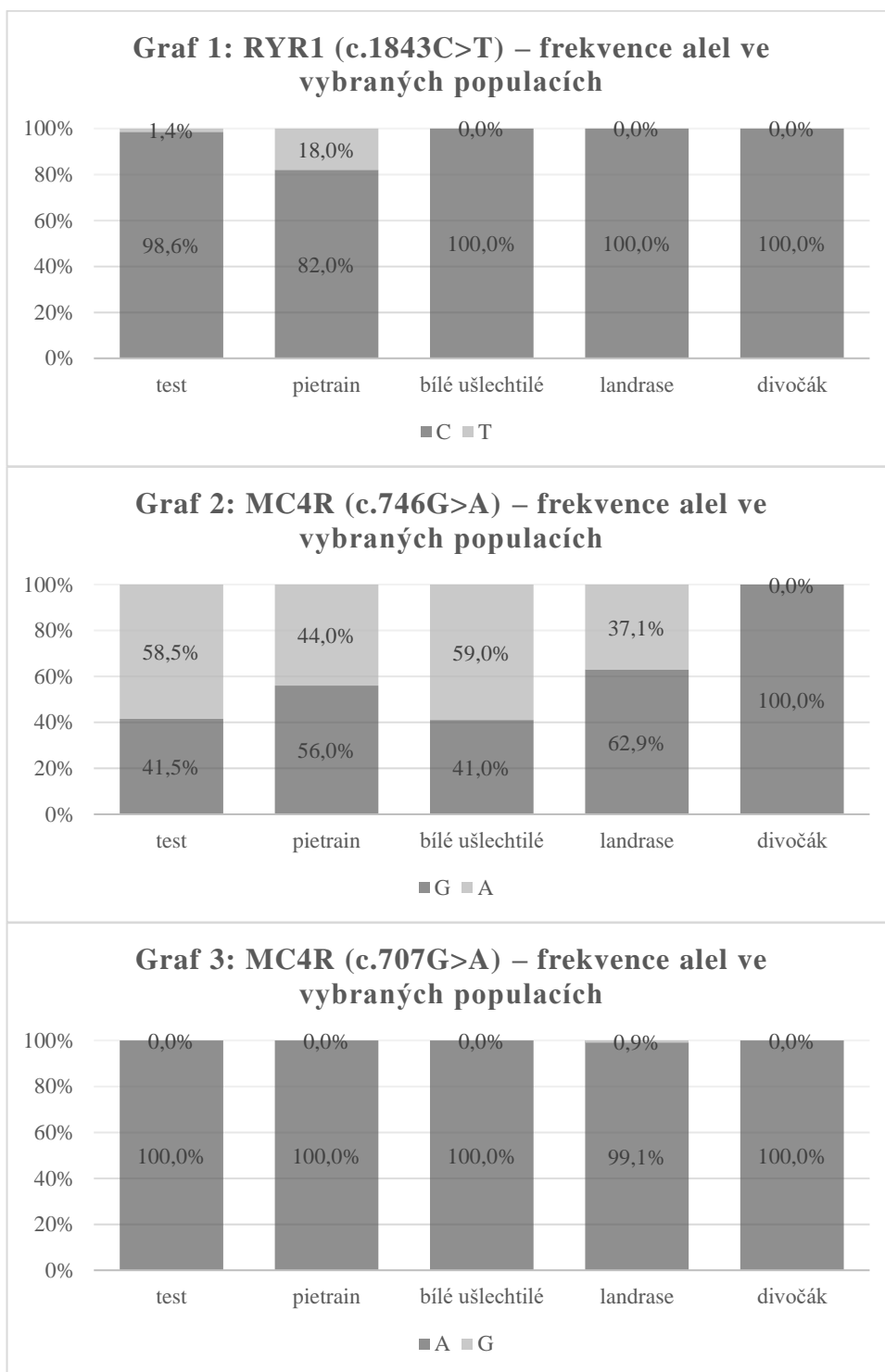
VNTR = tandemové repetice (variable number of tandem repeats)

ZP = dvoubodová metoda (Zwei Punkte)

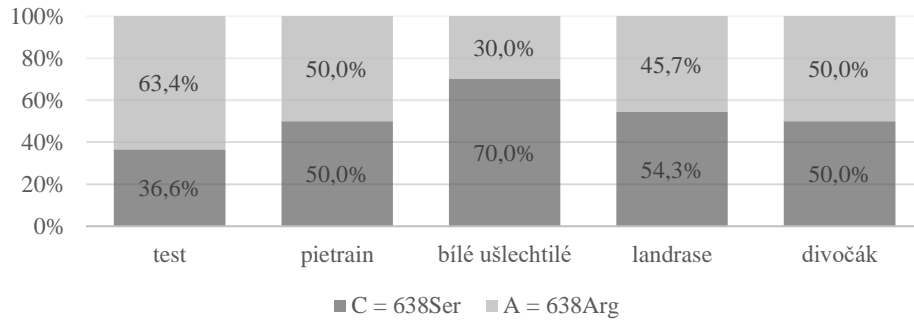
10 Samostatné přílohy

10.1 Alelové a genotypové frekvence

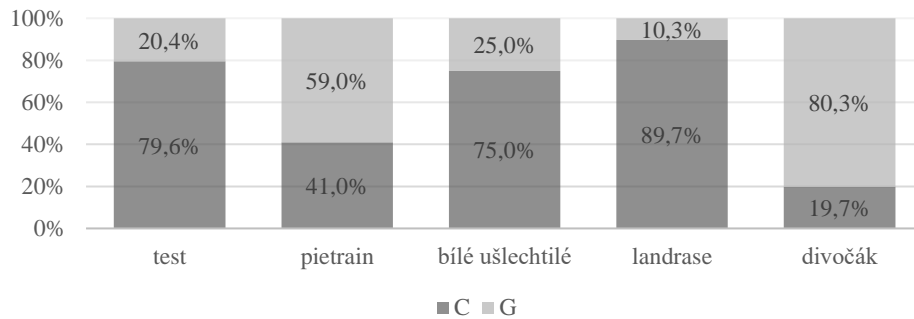
Příloha 1: Frekvence alel každého sledovaného SNP v pěti populacích



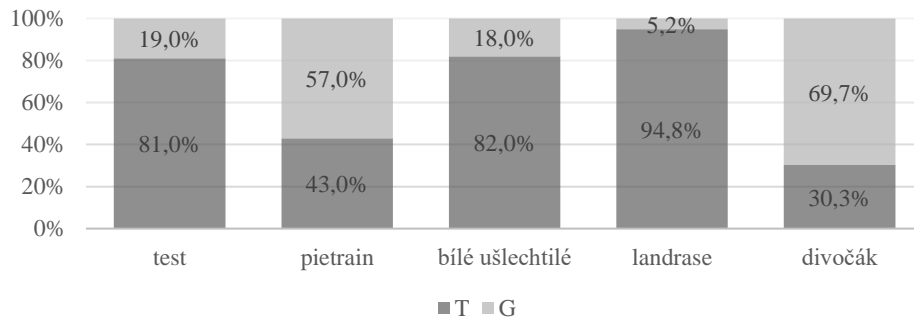
Graf 4: CAST (p.Ser638Arg) – frekvence alel ve vybraných populacích



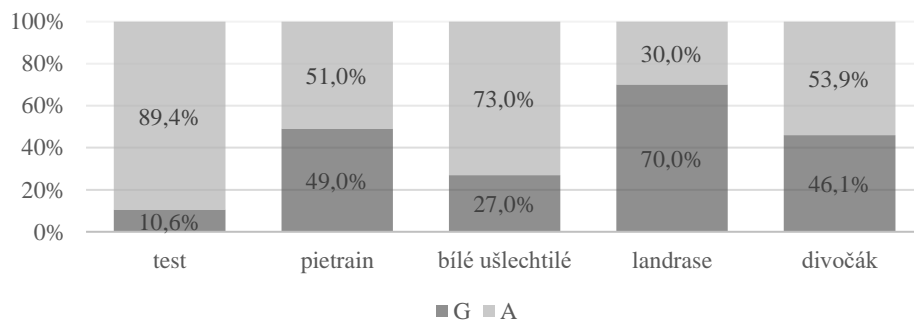
Graf 5: FTO (g.400C>G) – frekvence alel ve vybraných populacích



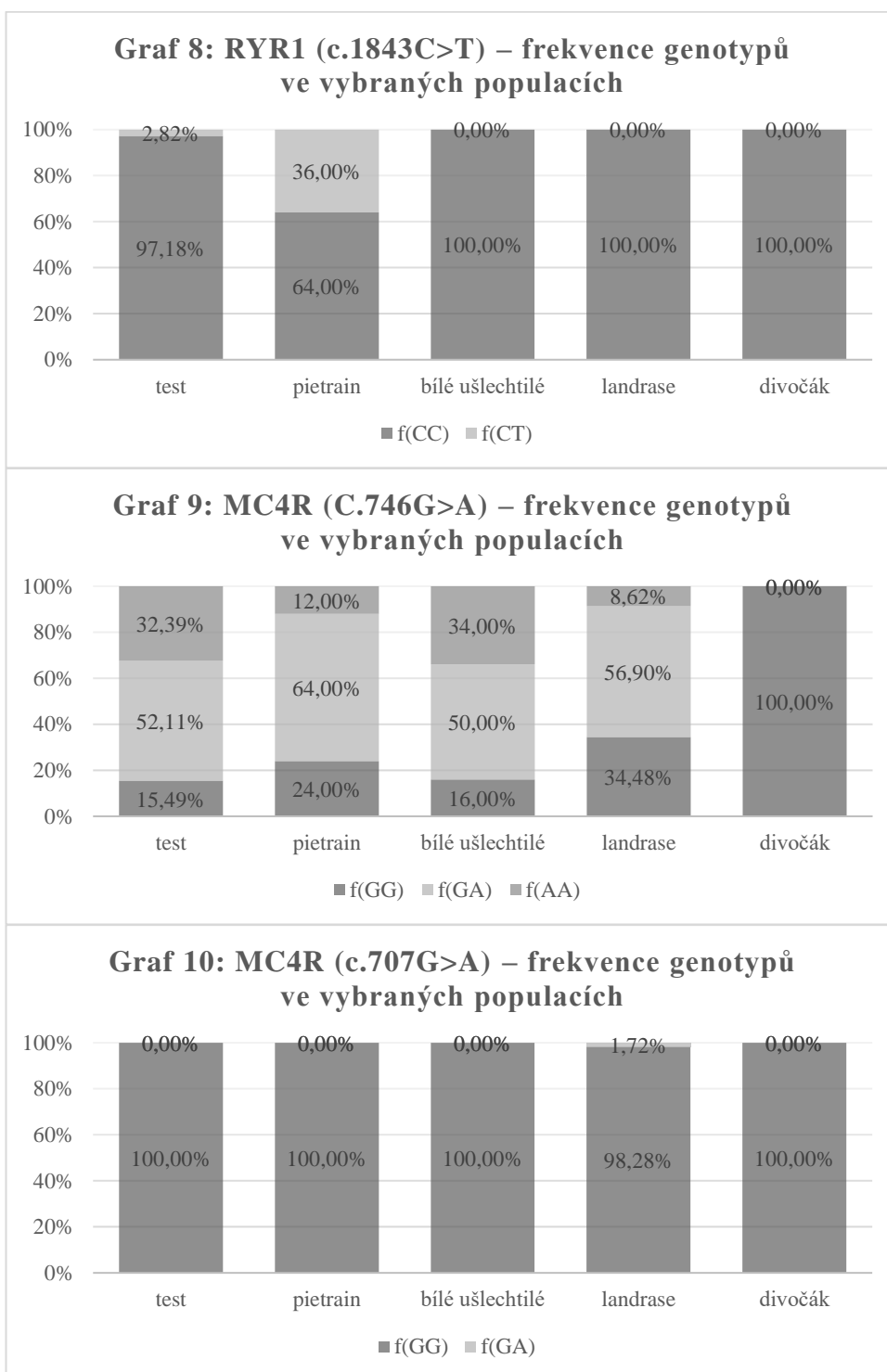
Graf 6: FTO (g.276T>G) – frekvence alel ve vybraných populacích



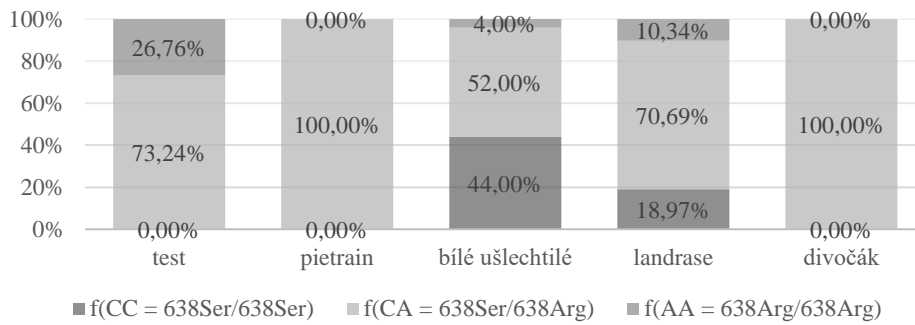
Graf 7: IGF2 (g.3072G>A) – frekvence alel ve vybraných populacích



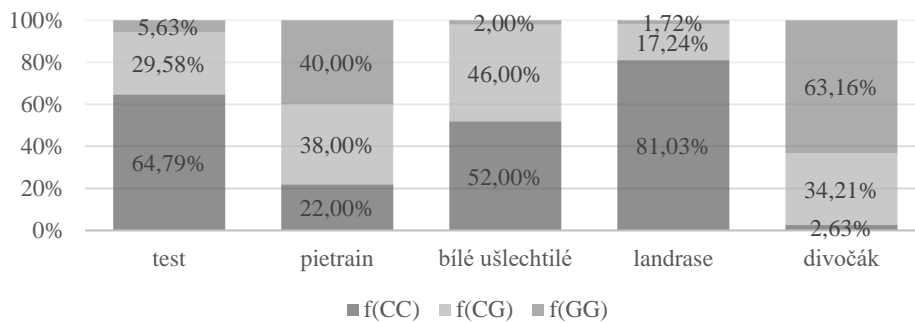
Příloha 2: Frekvence genotypů každého sledovaného SNP v pěti populacích



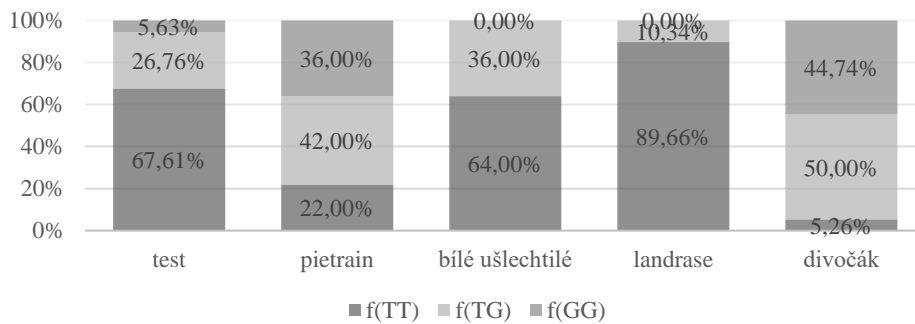
Graf 11: CAST (p.Ser638Arg) – frekvence genotypů ve vybraných populacích



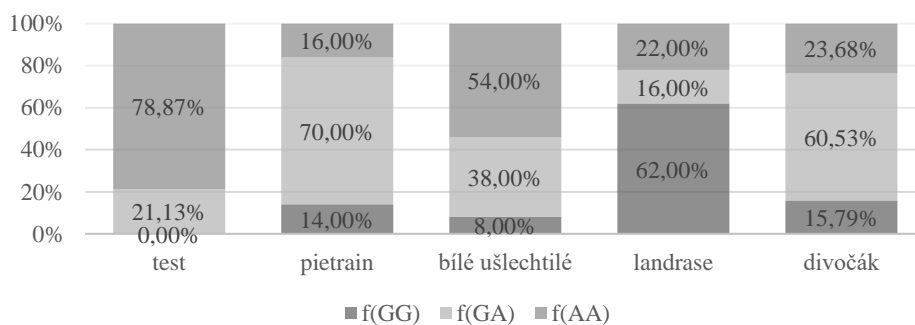
Graf 12: FTO (g.400C>G) – frekvence genotypů ve vybraných populacích



Graf 13: FTO (g.276T>G) – frekvence genotypů ve vybraných populacích



Graf 14: IGF2 (g.3072G>A) – frekvence genotypů ve vybraných populacích



10.2 Výsledky asociační analýzy

Příloha 3: Gen *MC4R*, c.746G>A – asociace genotypů s vybranými ukazateli

Ukazatel	GG (n = 11) ls mean ± σ	GA (n = 37) ls mean ± σ	AA (n = 23) ls mean ± σ	p-hodnota
Průměrný denní přírůstek [g]	1 041,59 ± 182,60	1 097,73 ± 129,77 ^a	1 013,00 ± 186,89 ^b	0,127
Konverze	2,46 ± 0,18	2,31 ± 0,22 ^a	2,48 ± 0,37 ^b	0,037
Živá hmotnost [kg]	112,65 ± 7,21	117,23 ± 9,55	113,62 ± 12,44	0,275
Hmotnost JUT [kg]	89,75 ± 6,15	94,30 ± 8,13	90,76 ± 10,46	0,174
Jatečná výtěžnost [%]	79,66 ± 1,53	80,42 ± 1,51	79,82 ± 1,21	0,154
Hřbetní tuk [mm]	19,98 ± 4,90	22,29 ± 3,49 ^a	19,11 ± 4,33 ^b	0,011
ZP [%]	59,09 ± 2,45	58,28 ± 2,30 ^A	60,14 ± 2,06 ^B	0,011
FOM [%]	59,58 ± 2,37	58,93 ± 2,90	60,06 ± 2,44	0,360
HMČ pravá půlka [kg]	22,19 ± 1,94	22,71 ± 1,91	22,99 ± 2,32	0,611
Podíl HMČ z JUT [%]	50,53 ± 3,45	50,41 ± 2,42	51,65 ± 2,12	0,227
Podíl tuku HMČ z JUT [%]	15,37 ± 3,09	15,55 ± 2,47 ^a	13,73 ± 2,00 ^b	0,036
EV MLLT [mS]	3,72 ± 0,46 ^a	3,46 ± 0,26 ^b	3,57 ± 0,38	0,065
EV MS [mS]	3,69 ± 0,43	3,51 ± 0,48	3,55 ± 0,61	0,587
pH MLLT	6,23 ± 0,33	6,30 ± 0,24	6,34 ± 0,23	0,500
pH MS	6,34 ± 0,21	6,36 ± 0,25	6,34 ± 0,18	0,930
Teplota MLLT [°C]	39,40 ± 0,74 ^a	39,25 ± 0,72 ^a	38,77 ± 0,98 ^b	0,045
Teplota MS [°C]	40,49 ± 0,39 ^A	40,09 ± 0,59 ^a	39,74 ± 0,77 ^{B,b}	0,006
Ztráta odkapem [%]	5,11 ± ;2,34	4,58 ± 1,70	4,35 ± 1,86	0,581
L* maso	52,85 ± 2,56	52,80 ± 3,35	52,30 ± 3,56	0,850
a* maso	0,68 ± 1,28	0,39 ± 1,01	0,58 ± 1,18	0,729
b* maso	10,17 ± 1,25	10,17 ± 1,43	10,20 ± 1,61	0,998
L* tuk	79,83 ± 2,83 ^a	80,98 ± 1,80	81,43 ± 1,48 ^b	0,123
a* tuk	-0,11 ± 0,56	-0,44 ± 0,54	-0,33 ± 0,61	0,307
b* tuk	9,33 ± 0,71	8,66 ± 1,12	9,21 ± 0,94	0,099
Plocha MLLT [mm ²]	4 797,50 ± 533,86	4 989,93 ± 650,66	4 997,26 ± 541,26	0,645
IMF krkovice [%]	14,32 ± 4,92	14,41 ± 3,05	13,46 ± 3,01	0,616
IMF kýta [%]	4,26 ± 2,06	4,25 ± 1,51	3,78 ± 1,32	0,554
IMF kotleta [%]	2,24 ± 0,60	2,26 ± 0,80	2,15 ± 0,64	0,862
IMF plec [%]	3,10 ± 0,89	3,16 ± 0,68	2,90 ± 0,85	0,509

Poznámky: ^{a, b} nebo ^{A, B} – hodnoty s jiným písmenem v řádce se výrazně liší ($p < 0,05$, resp. $p < 0,005$); použité zkratky jsou vysvětleny v kapitole 9 (Seznam zkratk) a v rešerši

Příloha 4: Gen *MC4R*, c.746G>A – asociace genotypů se skladbou mastných kyselin

MK [%]	GG (n = 11) ls mean ± σ	GA (n = 37) ls mean ± σ	AA (n = 23) ls mean ± σ	p-hodnota
C4:0 (máselná)	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	–
C6:0 (kapronová)	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	–
C8:0 (kaprylová)	0,000 ± 0,000	0,003 ± 0,008	0,003 ± 0,009	0,571
C10:0 (kaprionová)	0,102 ± 0,018	0,087 ± 0,044 ^a	0,109 ± 0,031 ^b	0,111
C11:0 (undecylová)	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	–
C12:0 (laurová)	0,114 ± 0,021	0,101 ± 0,038	0,116 ± 0,031	0,295
C13:0 (tridecylová)	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	–
C14:0 (myristová)	1,941 ± 0,279	1,931 ± 0,282	1,929 ± 0,262	0,994
C14:1 (tetradecenová)	0,029 ± 0,018 ^a	0,013 ± 0,015 ^b	0,016 ± 0,019	0,063
C15:0 (pentadecylová)	0,067 ± 0,015	0,050 ± 0,032	0,061 ± 0,027	0,219
C15:1 (pentadecenová)	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	–
C16:0 (palmitová)	32,489 ± 4,591	31,731 ± 3,076	32,275 ± 3,743	0,802
C16:1 (palmitoolejová)	2,679 ± 0,399	2,715 ± 0,520	2,619 ± 0,295	0,762
C17:0 (margarová)	0,396 ± 0,070	0,388 ± 0,106	0,389 ± 0,097	0,977
C17:1 (heptadecenová)	0,329 ± 0,131	0,305 ± 0,121	0,335 ± 0,092	0,649
C18:0 (stearová)	14,565 ± 2,445	14,061 ± 2,769	13,718 ± 2,141	0,708
C18:1 (olejová)	33,019 ± 3,046	34,071 ± 2,830	33,629 ± 3,382	0,652
C18:2 (linolová)	10,596 ± 1,614	10,516 ± 1,128	10,941 ± 1,567	0,567
C18:3(ω-3) (γ-linolenová)	0,010 ± 0,016	0,010 ± 0,014	0,011 ± 0,017	0,969
C18:3(ω-6) (α-linolenová)	0,804 ± 0,135	0,833 ± 0,157	0,854 ± 0,160	0,722
C20:0 (arachová)	0,294 ± 0,073	0,310 ± 0,093	0,286 ± 0,076	0,621
C20:1 (gondoová)	1,190 ± 0,400	1,296 ± 0,417	1,153 ± 0,473	0,513
C20:2 (eikosadienová)	0,579 ± 0,172	0,570 ± 0,115	0,557 ± 0,102	0,894
C20:3 (dihomo-γ-linolenová)	0,081 ± 0,034	0,072 ± 0,041	0,085 ± 0,031	0,469
C20:4 (arachidonová)	0,167 ± 0,049	0,148 ± 0,064	0,163 ± 0,035	0,502
C20:5 (eikosapentaenová)	0,148 ± 0,053	0,136 ± 0,050	0,149 ± 0,032	0,551
C21:0 (heneikosanová)	0,009 ± 0,027	0,005 ± 0,014	0,005 ± 0,021	0,849
C22:0 (behenová)	0,020 ± 0,029	0,060 ± 0,143	0,044 ± 0,072	0,634
C22:1 (eruková)	0,015 ± 0,026	0,014 ± 0,029	0,018 ± 0,029	0,903
C22:2 (dokosadienová)	0,009 ± 0,015	0,012 ± 0,016	0,014 ± 0,026	0,820
C22:6 (dokosaheksaenová)	0,162 ± 0,130	0,116 ± 0,120	0,149 ± 0,144	0,543
C24:0 (lignocerová)	0,117 ± 0,161	0,293 ± 0,968	0,231 ± 0,475	0,825
C24:1 (nervonová)	0,023 ± 0,029	0,087 ± 0,235	0,087 ± 0,202	0,696

Poznámky: ^{a, b} nebo ^{A, B} – hodnoty s jiným písmenem v řádku se výrazně liší ($p < 0,05$, resp. $p < 0,005$)

Příloha 5: Gen *CAST*, *p.Ser638Arg* – asociace genotypů s vybranými ukazateli

Ukazatel	CA = 638Ser/638Arg (n = 52)	AA = 638Arg/638Arg (n = 19)	p-hodnota
	ls mean ± σ	ls mean ± σ	
Průměrný denní přírůstek [g]	1 065,95 ± 167,14	1 049,63 ± 146,55	0,708
Konverze	2,38 ± 0,30	2,41 ± 0,22	0,716
Živá hmotnost [kg]	115,43 ± 10,68	115,14 ± 9,63	0,917
Hmotnost JUT [kg]	92,34 ± 9,03	92,74 ± 8,43	0,868
Jatečná výtěžnost [%]	79,96 ± 1,54	80,50 ± 1,07	0,164
Hřbetní tuk [mm]	21,03 ± 4,25	20,55 ± 4,22	0,674
ZP [%]	58,85 ± 2,43	59,43 ± 2,20	0,366
FOM [%]	59,61 ± 2,51	58,95 ± 3,08	0,404
HMČ pravá půlka [kg]	22,57 ± 2,09	23,10 ± 1,91	0,386
Podíl HMČ z JUT [%]	50,77 ± 2,54	51,07 ± 2,63	0,694
Podíl tuku HMČ z JUT [%]	15,00 ± 2,60	14,64 ± 2,45	0,636
EV MLLT [mS]	3,52 ± 0,32	3,57 ± 0,41	0,654
EV MS [mS]	3,48 ± 0,51	3,74 ± 0,51	0,062
pH MLLT	6,32 ± 0,23	6,25 ± 0,28	0,292
pH MS	6,35 ± 0,21	6,36 ± 0,26	0,801
Teplota MLLT [°C]	39,08 ± 0,79	39,19 ± 0,98	0,629
Teplota MS [°C]	40,03 ± 0,64	40,06 ± 0,74	0,866
Ztráta odkapem [%]	4,51 ± 1,60	4,81 ± 2,48	0,592
L* maso	52,82 ± 3,23	52,16 ± 3,43	0,496
a* maso	0,54 ± 1,09	0,40 ± 1,16	0,651
b* maso	10,29 ± 1,50	9,89 ± 1,27	0,351
L* tuk	80,77 ± 2,07	81,46 ± 1,46	0,242
a* tuk	-0,33 ± 0,58	-0,41 ± 0,54	0,650
b* tuk	8,95 ± 1,05	8,98 ± 1,01	0,909
Plocha MLLT [mm ²]	4 917,93 ± 599,12	5 062,88 ± 576,48	0,411
IMF krkvice [%]	14,02 ± 3,10	14,20 ± 4,13	0,856
IMF kýta [%]	4,32 ± 1,62	3,48 ± 1,13	0,064
IMF kotleta [%]	2,27 ± 0,73	2,06 ± 0,64	0,311
IMF plec [%]	3,09 ± 0,72	3,00 ± 0,91	0,696

Poznámky: a, b nebo A, B – hodnoty s jiným písmenem v řádce se výrazně liší ($p < 0,05$, resp. $p < 0,005$); použité zkratky jsou vysvětleny v kapitole 9 (Seznam zkratek) a v rešerši

Příloha 6: Gen *CAST*, *p.Ser638Arg* – asociace genotypů se skladbou mastných kyselin

MK [%]	CA = 638Ser/638Arg (n = 52)	AA = 638Arg/638Arg (n = 19)	p-hodnota
	ls mean ± σ	ls mean ± σ	
C4:0 (máselná)	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	–
C6:0 (kapronová)	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	–
C8:0 (kaprylová)	0,003 ± 0,008	0,002 ± 0,009	0,828
C10:0 (kaprionová)	0,096 ± 0,039	0,098 ± 0,035	0,908
C11:0 (undecylová)	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	–
C12:0 (laurová)	0,110 ± 0,032	0,104 ± 0,038	0,572
C13:0 (tridecylová)	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	–
C14:0 (myristová)	1,928 ± 0,248	1,942 ± 0,334	0,864
C14:1 (tetradecenová)	0,017 ± 0,017	0,017 ± 0,020	0,909
C15:0 (pentadecylová)	0,058 ± 0,029	0,053 ± 0,027	0,542
C15:1 (pentadecenová)	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	–
C16:0 (palmitová)	31,792 ± 3,290	32,705 ± 4,126	0,393
C16:1 (palmitoolejová)	2,689 ± 0,465	2,644 ± 0,340	0,732
C17:0 (margarová)	0,392 ± 0,104	0,382 ± 0,077	0,748
C17:1 (heptadecenová)	0,326 ± 0,113	0,298 ± 0,112	0,419
C18:0 (stearová)	13,974 ± 2,459	14,172 ± 2,688	0,794
C18:1 (olejová)	34,004 ± 2,955	33,067 ± 3,215	0,308
C18:2 (linolová)	10,626 ± 1,406	10,795 ± 1,236	0,682
C18:3(ω-3) (γ-linolenová)	0,010 ± 0,015	0,011 ± 0,016	0,811
C18:3(ω-6) (α-linolenová)	0,835 ± 0,162	0,837 ± 0,130	0,968
C20:0 (arachová)	0,298 ± 0,085	0,303 ± 0,083	0,844
C20:1 (gondoová)	1,272 ± 0,454	1,119 ± 0,354	0,244
C20:2 (eikosadienová)	0,578 ± 0,125	0,537 ± 0,098	0,263
C20:3 (dihomo-γ-linolenová)	0,078 ± 0,037	0,077 ± 0,037	0,945
C20:4 (arachidonová)	0,159 ± 0,053	0,146 ± 0,057	0,430
C20:5 (eikosapentaenová)	0,142 ± 0,044	0,141 ± 0,050	0,931
C21:0 (heneikosanová)	0,003 ± 0,012	0,013 ± 0,030	0,070
C22:0 (behenová)	0,051 ± 0,124	0,040 ± 0,061	0,723
C22:1 (eruková)	0,014 ± 0,027	0,020 ± 0,031	0,543
C22:2 (dokosadienová)	0,010 ± 0,016	0,017 ± 0,028	0,309
C22:6 (dokosaheptaenová)	0,132 ± 0,132	0,140 ± 0,124	0,843
C24:0 (lignocerová)	0,263 ± 0,838	0,193 ± 0,365	0,755
C24:1 (nervonová)	0,071 ± 0,207	0,094 ± 0,197	0,714

Poznámky: ^{a, b} nebo ^{A, B} – hodnoty s jiným písmenem v řádku se výrazně liší ($p < 0,05$, resp. $p < 0,005$)

Příloha 7: Gen *FTO*, *g.400C>G* – asociace genotypů s vybranými ukazateli

Ukazatel	CC (n = 46) ls mean ± σ	CG (n = 21) ls mean ± σ	GG (n = 4) ls mean ± σ	p-hodnota
Průměrný denní přírůstek [g]	1 069,06 ± 175,13	1 069,13 ± 131,42	935,99 ± 86,73	0,279
Konverze	2,39 ± 0,31	2,41 ± 0,22	2,29 ± 0,21	0,722
Živá hmotnost [kg]	115,18 ± 11,00	117,01 ± 8,79	108,63 ± 9,26	0,330
Hmotnost JUT [kg]	92,22 ± 9,51	93,64 ± 7,53	88,75 ± 7,08	0,579
Jatečná výtěžnost [%]	80,01 ± 1,35 ^a	80,01 ± 1,32 ^a	81,75 ± 2,38 ^b	0,061
Hřbetní tuk [mm]	21,16 ± 4,58	20,91 ± 3,63	17,92 ± 0,81	0,342
ZP [%]	59,01 ± 2,43	58,64 ± 2,28	60,98 ± 1,31	0,195
FOM [%]	59,22 ± 2,87	59,30 ± 2,26	61,82 ± 0,46	0,176
HMČ pravá půlka [kg]	22,75 ± 2,09	22,62 ± 2,08	22,80 ± 1,88	0,976
Podíl HMČ z JUT [%]	50,92 ± 2,79	50,32 ± 1,99	52,47 ± 1,60	0,306
Podíl tuku HMČ z JUT [%]	15,14 ± 2,73 ^a	15,00 ± 2,05	12,27 ± 0,85 ^b	0,097
EV MLLT [mS]	3,53 ± 0,31 ^a	3,46 ± 0,27 ^a	3,94 ± 0,78 ^b	0,038
EV MS [mS]	3,55 ± 0,47	3,48 ± 0,54	3,91 ± 0,92	0,329
pH MLLT	6,28 ± 0,23	6,39 ± 0,29	6,17 ± 0,12	0,100
pH MS	6,34 ± 0,23	6,37 ± 0,21	6,33 ± 0,24	0,865
Teplota MLLT [°C]	39,17 ± 0,79	38,99 ± 0,98	39,10 ± 0,83	0,704
Teplota MS [°C]	40,00 ± 0,75	40,15 ± 0,45	39,98 ± 0,73	0,664
Ztráta odkapem [%]	4,75 ± 1,82	4,19 ± 2,12	4,79 ± 0,86	0,581
L* maso	52,54 ± 3,55	53,09 ± 2,28	51,62 ± 4,53	0,696
a* maso	0,47 ± 1,09 ^a	0,25 ± 0,98 ^a	1,90 ± 0,92 ^b	0,022
b* maso	10,05 ± 1,42	10,28 ± 1,42	11,05 ± 1,84	0,400
L* tuk	80,63 ± 2,08	81,43 ± 1,62	81,94 ± 1,20	0,228
a* tuk	-0,27 ± 0,61	-0,49 ± 0,48	-0,54 ± 0,37	0,341
b* tuk	8,89 ± 1,04	8,96 ± 1,08	9,52 ± 0,66	0,518
Plocha MLLT [mm ²]	5 024,89 ± 556,69	4 812,50 ± 713,85	4 930,00 ± 303,73	0,492
IMF krkovic [%]	13,93 ± 3,51	14,57 ± 3,45	13,30 ± 1,57	0,730
IMF kýta [%]	3,79 ± 1,32 ^A	5,10 ± 1,62 ^B	2,68 ± 0,83 ^A	0,001
IMF kotle [%]	2,19 ± 0,76	2,25 ± 0,62	2,31 ± 0,64	0,917
IMF plec [%]	2,98 ± 0,70	3,07 ± 0,91	3,83 ± 0,30	0,107

Poznámky: a, b nebo A, B – hodnoty s jiným písmenem v řádce se výrazně liší ($p < 0,05$, resp. $p < 0,005$); použité zkratky jsou vysvětleny v kapitole 9 (Seznam zkratek) a v rešerši

Příloha 8: Gen *FTO*, *g.400C>G* – asociace genotypů se skladbou mastných kyselin

MK [%]	CC (n = 46) ls mean ± σ	CG (n = 21) ls mean ± σ	GG (n = 4) ls mean ± σ	p-hodnota
C4:0 (máselná)	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	–
C6:0 (kapronová)	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	–
C8:0 (kaprylová)	0,003 ± 0,008	0,003 ± 0,009	0,000 ± 0,000	0,787
C10:0 (kaprionová)	0,103 ± 0,038	0,086 ± 0,040	0,087 ± 0,010	0,269
C11:0 (undecylová)	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	–
C12:0 (laurová)	0,112 ± 0,036	0,102 ± 0,032	0,096 ± 0,011	0,445
C13:0 (tridecylová)	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	–
C14:0 (myristová)	1,999 ± 0,268 ^a	1,809 ± 0,263 ^b	1,850 ± 0,048	0,045
C14:1 (tetradecenová)	0,020 ± 0,018 ^a	0,009 ± 0,013 ^b	0,020 ± 0,023	0,084
C15:0 (pentadecylová)	0,058 ± 0,030	0,051 ± 0,025	0,067 ± 0,032	0,538
C15:1 (pentadecenová)	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	–
C16:0 (palmitová)	32,313 ± 3,502	31,674 ± 3,954	31,035 ± 0,997	0,702
C16:1 (palmitolejová)	2,741 ± 0,426	2,566 ± 0,482	2,575 ± 0,097	0,354
C17:0 (margarová)	0,394 ± 0,106	0,394 ± 0,084	0,325 ± 0,025	0,396
C17:1 (heptadecenová)	0,328 ± 0,121	0,309 ± 0,098	0,271 ± 0,100	0,583
C18:0 (stearová)	13,796 ± 2,613	14,619 ± 2,457	13,575 ± 1,313	0,506
C18:1 (olejová)	33,424 ± 3,237	33,973 ± 2,708	35,834 ± 1,442	0,305
C18:2 (linolová)	10,831 ± 1,509	10,530 ± 1,079	9,821 ± 0,294	0,329
C18:3(ω-3) (γ-linolenová)	0,013 ± 0,017	0,008 ± 0,012	0,000 ± 0,000	0,225
C18:3(ω-6) (α-linolenová)	0,857 ± 0,165	0,813 ± 0,129	0,734 ± 0,082	0,245
C20:0 (arachová)	0,283 ± 0,081 ^a	0,336 ± 0,088 ^b	0,282 ± 0,053	0,090
C20:1 (gondoová)	1,142 ± 0,390 ^a	1,323 ± 0,464	1,648 ± 0,427 ^b	0,046
C20:2 (eikosadienová)	0,551 ± 0,106	0,580 ± 0,144	0,663 ± 0,071	0,178
C20:3 (dihomo-γ-linolenová)	0,081 ± 0,037	0,071 ± 0,039	0,075 ± 0,019	0,654
C20:4 (arachidonová)	0,148 ± 0,053	0,171 ± 0,054	0,165 ± 0,055	0,333
C20:5 (eikosapentaenová)	0,139 ± 0,049	0,147 ± 0,036	0,152 ± 0,045	0,745
C21:0 (heneikosanová)	0,007 ± 0,022	0,005 ± 0,014	0,000 ± 0,000	0,757
C22:0 (behenová)	0,045 ± 0,070 ^a	0,020 ± 0,035 ^a	0,203 ± 0,358 ^b	0,009
C22:1 (eruková)	0,016 ± 0,026 ^a	0,007 ± 0,011 ^a	0,046 ± 0,070 ^b	0,044
C22:2 (dokosadienová)	0,014 ± 0,022	0,011 ± 0,016	0,000 ± 0,000	0,408
C22:6 (dokosaheksaenová)	0,124 ± 0,136	0,142 ± 0,128	0,191 ± 0,051	0,601
C24:0 (lignocerová)	0,302 ± 0,902	0,142 ± 0,339	0,168 ± 0,164	0,755
C24:1 (nervonová)	0,095 ± 0,245	0,039 ± 0,090	0,072 ± 0,117	0,652

Poznámky: ^{a, b} nebo ^{A, B} – hodnoty s jiným písmenem v řádku se výrazně liší ($p < 0,05$, resp. $p < 0,005$)

Příloha 9: Gen *FTO*, *g.276T>G* – asociace genotypů s vybranými ukazateli

Ukazatel	TT (n = 48) ls mean ± σ	TG (n = 19) ls mean ± σ	GG (n = 4) ls mean ± σ	p-hodnota
Průměrný denní přírůstek [g]	1 067,12 ± 172,95	1 074,03 ± 133,15	935,99 ± 86,73	0,276
Konverze	2,38 ± 0,31	2,44 ± 0,20	2,29 ± 0,21	0,580
Živá hmotnost [kg]	115,01 ± 10,86	117,62 ± 8,81	108,63 ± 9,26	0,269
Hmotnost JUT [kg]	92,05 ± 9,42	94,21 ± 7,45	88,75 ± 7,08	0,465
Jatečná výtěžnost [%]	79,98 ± 1,34 ^a	80,09 ± 1,34 ^a	81,75 ± 2,38 ^b	0,059
Hřbetní tuk [mm]	21,21 ± 4,53	20,75 ± 3,65	17,92 ± 0,81	0,324
ZP [%]	58,95 ± 2,35	58,74 ± 2,48	60,98 ± 1,31	0,220
FOM [%]	59,20 ± 2,83	59,36 ± 2,36	61,82 ± 0,46	0,174
HMČ pravá půlka [kg]	22,70 ± 2,05	22,74 ± 2,19	22,80 ± 1,88	0,994
Podíl HMČ z JUT [%]	50,88 ± 2,70	50,35 ± 2,23	52,47 ± 1,60	0,337
Podíl tuku HMČ z JUT [%]	15,18 ± 2,65	14,88 ± 2,21	12,27 ± 0,85	0,092
EV MLLT [mS]	3,52 ± 0,30 ^a	3,48 ± 0,28 ^a	3,94 ± 0,78 ^b	0,045
EV MS [mS]	3,56 ± 0,46	3,45 ± 0,55	3,91 ± 0,92	0,264
pH MLLT	6,29 ± 0,24	6,36 ± 0,27	6,17 ± 0,12	0,332
pH MS	6,34 ± 0,23	6,37 ± 0,22	6,33 ± 0,24	0,910
Teplota MLLT [°C]	39,08 ± 0,87	39,22 ± 0,80	39,10 ± 0,83	0,831
Teplota MS [°C]	39,98 ± 0,74	40,21 ± 0,43	39,98 ± 0,73	0,461
Ztráta odkapem [%]	4,58 ± 1,90	4,56 ± 2,04	4,79 ± 0,86	0,977
L* maso	52,41 ± 3,41	53,51 ± 2,48	51,62 ± 4,53	0,977
a* maso	0,48 ± 1,09 ^a	0,21 ± 0,96 ^a	1,90 ± 0,92 ^b	0,021
b* maso	10,00 ± 1,44	10,44 ± 1,32	11,05 ± 1,84	0,277
L* tuk	80,67 ± 2,09	81,43 ± 1,54	81,94 ± 1,20	0,265
a* tuk	-0,29 ± 0,61	-0,48 ± 0,48	-0,54 ± 0,37	0,441
b* tuk	8,88 ± 1,04	9,00 ± 1,11	9,52 ± 0,66	0,500
Plocha MLLT [mm ²]	4 997,55 ± 546,12	4 867,60 ± 760,05	4 930,00 ± 303,73	0,774
IMF krkovicce [%]	13,99 ± 3,31	14,49 ± 3,97	13,30 ± 1,57	0,801
IMF kýta [%]	3,73 ± 1,22 ^A	5,42 ± 1,66 ^B	2,68 ± 0,83 ^A	<0,0001
IMF kotleť [%]	2,16 ± 0,76	2,35 ± 0,59	2,31 ± 0,64	0,640
IMF plec [%]	2,90 ± 0,73 ^a	3,27 ± 0,81	3,83 ± 0,30 ^b	0,030

Poznámky: a, b nebo A, B – hodnoty s jiným písmenem v řádce se výrazně liší ($p < 0,05$, resp. $p < 0,005$); použité zkratky jsou vysvětleny v kapitole 9 (Seznam zkratek) a v rešerši

Příloha 10: Gen *FTO*, *g.276T>G* – asociace genotypů se skladbou mastných kyselin

MK [%]	TT (n = 48) ls mean ± σ	TG (n = 19) ls mean ± σ	GG (n = 4) ls mean ± σ	p-hodnota
C4:0 (máselná)	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	–
C6:0 (kapronová)	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	–
C8:0 (kaprylová)	0,004 ± 0,010	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	0,219
C10:0 (kaprionová)	0,102 ± 0,041	0,087 ± 0,033	0,087 ± 0,010	0,401
C11:0 (undecylová)	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	–
C12:0 (laurová)	0,112 ± 0,036	0,102 ± 0,030	0,096 ± 0,011	0,465
C13:0 (tridecylová)	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	–
C14:0 (myristová)	1,997 ± 0,261 ^a	1,788 ± 0,273 ^b	1,850 ± 0,048	0,029
C14:1 (tetradecenová)	0,020 ± 0,018 ^a	0,006 ± 0,012 ^b	0,020 ± 0,023	0,029
C15:0 (pentadecylová)	0,058 ± 0,029	0,050 ± 0,027	0,067 ± 0,032	0,489
C15:1 (pentadecenová)	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	–
C16:0 (palmitová)	32,238 ± 3,433	31,778 ± 4,189	31,035 ± 0,997	0,773
C16:1 (palmitolejová)	2,751 ± 0,448	2,518 ± 0,416	2,575 ± 0,097	0,191
C17:0 (margarová)	0,391 ± 0,104	0,403 ± 0,086	0,325 ± 0,025	0,365
C17:1 (heptadecenová)	0,326 ± 0,118	0,312 ± 0,104	0,271 ± 0,100	0,629
C18:0 (stearová)	13,733 ± 2,577	14,888 ± 2,440	13,575 ± 1,313	0,301
C18:1 (olejová)	33,567 ± 3,210	33,686 ± 2,754	35,834 ± 1,442	0,366
C18:2 (linolová)	10,859 ± 1,472	10,419 ± 1,107	9,821 ± 0,294	0,247
C18:3(ω-3) (γ-linolenová)	0,014 ± 0,017	0,006 ± 0,011	0,000 ± 0,000	0,097
C18:3(ω-6) (α-linolenová)	0,863 ± 0,163	0,793 ± 0,124	0,734 ± 0,082	0,129
C20:0 (arachová)	0,280 ± 0,079 ^a	0,352 ± 0,083 ^b	0,282 ± 0,053	0,014
C20:1 (gondoová)	1,141 ± 0,379 ^a	1,351 ± 0,490	1,648 ± 0,427 ^b	0,035
C20:2 (eikosadienová)	0,553 ± 0,104	0,576 ± 0,154	0,663 ± 0,071	0,207
C20:3 (dihomo-γ-linolenová)	0,081 ± 0,037	0,070 ± 0,039	0,075 ± 0,019	0,658
C20:4 (arachidonová)	0,148 ± 0,052	0,174 ± 0,055	0,165 ± 0,055	0,273
C20:5 (eikosapentaenová)	0,141 ± 0,048	0,143 ± 0,040	0,152 ± 0,045	0,882
C21:0 (heneikosanová)	0,007 ± 0,021	0,005 ± 0,015	0,000 ± 0,000	0,802
C22:0 (behenová)	0,038 ± 0,067 ^a	0,032 ± 0,048 ^a	0,203 ± 0,358 ^b	0,012
C22:1 (eruková)	0,014 ± 0,025 ^a	0,011 ± 0,014 ^b	0,046 ± 0,070 ^b	0,076
C22:2 (dokosadienová)	0,013 ± 0,022	0,012 ± 0,016	0,000 ± 0,000	0,445
C22:6 (dokosahexaenová)	0,119 ± 0,134	0,158 ± 0,128	0,191 ± 0,051	0,415
C24:0 (lignocerová)	0,283 ± 0,881	0,167 ± 0,357	0,168 ± 0,164	0,860
C24:1 (nervonová)	0,090 ± 0,239	0,045 ± 0,095	0,072 ± 0,117	0,775

Poznámky: ^{a, b} nebo ^{A, B} – hodnoty s jiným písmenem v řádce se výrazně liší ($p < 0,05$, resp. $p < 0,005$)

Příloha 11: Gen *IGF2, g.3072G>A* – asociace genotypů s vybranými ukazateli

Ukazatel	GA (n = 19) ls mean ± σ	AA (n = 52) ls mean ± σ	p-hodnota
Průměrný denní přírůstek [g]	1 052,48 ± 164,02	1 095,57 ± 149,63	0,361
Konverze	2,37 ± 0,24	2,40 ± 0,29	0,739
Živá hmotnost [kg]	115,76 ± 10,86	113,81 ± 8,25	0,519
Hmotnost JUT [kg]	92,79 ± 9,24	91,17 ± 7,15	0,533
Jatečná výtěžnost [%]	80,11 ± 1,54	80,08 ± 1,03	0,941
Hřbetní tuk [mm]	20,85 ± 4,51	21,09 ± 3,03	0,847
ZP [%]	58,94 ± 2,48	59,26 ± 1,96	0,651
FOM [%]	59,51 ± 2,78	59,02 ± 2,16	0,602
HMČ pravá půlka [kg]	22,99 ± 1,70	22,65 ± 2,12	0,627
Podíl HMČ z JUT [%]	51,11 ± 1,85	50,80 ± 2,69	0,715
Podíl tuku HMČ z JUT [%]	14,53 ± 1,51	14,99 ± 2,73	0,589
EV MLLT [mS]	3,58 ± 0,35	3,37 ± 0,28	0,037
EV MS [mS]	3,53 ± 0,53	3,61 ± 0,49	0,604
pH MLLT	6,29 ± 0,22	6,36 ± 0,33	0,312
pH MS	6,33 ± 0,23	6,44 ± 0,18	0,086
Teplota MLLT [°C]	39,11 ± 0,91	39,12 ± 0,53	0,312
Teplota MS [°C]	40,09 ± 0,67	39,87 ± 0,64	0,258
Ztráta odkapem [%]	4,82 ± 1,86	3,62 ± 1,60	0,053
L* maso	52,88 ± 3,28	51,58 ± 3,16	0,239
a* maso	0,66 ± 1,09	-0,18 ± 0,92	0,022
b* maso	10,38 ± 1,39	9,30 ± 1,37	0,024
L* tuk	80,88 ± 1,98	81,26 ± 1,82	0,585
a* tuk	-0,29 ± 0,57	-0,63 ± 0,52	0,091
b* tuk	9,03 ± 1,08	8,63 ± 0,74	0,268
Plocha MLLT [mm ²]	4 924,83 ± 598,77	5 117,40 ± 556,43	0,354
IMF krkvice [%]	14,43 ± 3,35	12,49 ± 3,19	0,086
IMF kýta [%]	4,24 ± 1,58	3,45 ± 1,25	0,128
IMF kotleta [%]	2,33 ± 0,73	1,73 ± 0,28	0,010
IMF plec [%]	3,17 ± 0,75	2,58 ± 0,70	0,019

Poznámky: a, b nebo A, B – hodnoty s jiným písmenem v řádce se výrazně liší ($p < 0,05$, resp. $p < 0,005$); použité zkratky jsou vysvětleny v kapitole 9 (Seznam zkratk) a v rešerši

Příloha 12: Gen *IGF2*, *g.3072G>A* – asociace genotypů se skladbou mastných kyselin

MK	GA (n = 19) ls mean ± σ	AA (n = 52) ls mean ± σ	p-hodnota
C4:0 (máselná)	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	–
C6:0 (kapronová)	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	–
C8:0 (kaprylová)	0,006 ± 0,013	0,002 ± 0,006	0,123
C10:0 (kaprionová)	0,087 ± 0,048	0,099 ± 0,035	0,380
C11:0 (undecylová)	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	–
C12:0 (laurová)	0,085 ± 0,035	0,113 ± 0,032	0,016
C13:0 (tridecylová)	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	–
C14:0 (myristová)	1,853 ± 0,338	1,949 ± 0,254	0,311
C14:1 (tetradecenová)	0,013 ± 0,017	0,018 ± 0,018	0,468
C15:0 (pentadecylová)	0,048 ± 0,021	0,058 ± 0,030	0,286
C15:1 (pentadecenová)	0,000 ± 0,000	0,000 ± 0,000	–
C16:0 (palmitová)	30,363 ± 1,476	32,388 ± 3,724	0,098
C16:1 (palmitoolejová)	2,642 ± 0,474	2,685 ± 0,429	0,782
C17:0 (margarová)	0,330 ± 0,050	0,402 ± 0,100	0,033
C17:1 (heptadecenová)	0,269 ± 0,103	0,329 ± 0,113	0,130
C18:0 (stearová)	14,713 ± 2,970	13,880 ± 2,397	0,343
C18:1 (olejová)	35,074 ± 2,720	33,477 ± 3,039	0,131
C18:2 (linolová)	10,516 ± 1,439	10,703 ± 1,350	0,695
C18:3(ω-3) (γ-linolenová)	0,013 ± 0,015	0,010 ± 0,015	0,543
C18:3(ω-6) (α-linolenová)	0,815 ± 0,173	0,839 ± 0,150	0,656
C20:0 (arachová)	0,293 ± 0,100	0,300 ± 0,082	0,816
C20:1 (gondoová)	1,281 ± 0,297	1,221 ± 0,457	0,696
C20:2 (eikosadienová)	0,598 ± 0,083	0,560 ± 0,125	0,363
C20:3 (dihomo-γ-linolenová)	0,075 ± 0,030	0,078 ± 0,038	0,808
C20:4 (arachidonová)	0,145 ± 0,057	0,158 ± 0,053	0,480
C20:5 (eikosapentaenová)	0,136 ± 0,052	0,143 ± 0,044	0,620
C21:0 (heneikosanová)	0,003 ± 0,008	0,006 ± 0,020	0,572
C22:0 (behenová)	0,046 ± 0,074	0,049 ± 0,118	0,938
C22:1 (eruková)	0,013 ± 0,021	0,016 ± 0,030	0,763
C22:2 (dokosadienová)	0,017 ± 0,019	0,011 ± 0,020	0,427
C22:6 (dokosaheptaenová)	0,175 ± 0,136	0,125 ± 0,127	0,273
C24:0 (lignocerová)	0,257 ± 0,436	0,242 ± 0,794	0,956
C24:1 (nervonová)	0,125 ± 0,238	0,067 ± 0,196	0,417