

A H-FABP gén termelési paraméterekre gyakorolt hatásának vizsgálata hibrid sertéseknél

Nyisalovits Andrea¹ – Posta János² – Czeglédi Levente² – Juhász Diána¹ – Babinszky László¹

Debreceni Egyetem Mezőgazdaság-, Élelmiszertudományi és Környezetgazdálkodási Kar,

Állattudományi, Biotechnológiai és Természetvédelmi Intézet,

¹Takarmány- és Élelmiszer-biotechnológiai Tanszék, Debrecen

²Állattenyésztési Tanszék, Debrecen

nyisalovits@agr.unideb.hu

ÖSSZEFOGLALÁS

A H-FABP gén egy potenciálisan nagyhatású gén a zsirdepozícióval összefüggésbe hozható tulajdonságok, elsősorban az intramuszkuláris zsirtartalom tekintetében. Jelen kutatás célja annak meghatározása, hogy a génben korábban közölt pontmutációk milyen összefüggésben vannak a standard vágóhídi vágás során mért paraméterekkel. A vizsgálat 405, 2 istállóban tartott, vegyes ivarú állat adatainak felhasználásával történt. A két kiválasztott mutációt (HFABP1: c. 103 T>C, HFABP2: c. 1970 T>C) *HinfI* restriktions enzimmel, egy reakcióban detektáltuk PCR-RFLP (Polymerase Chain Reaction-Restriction Fragment Length Polymorphism) módszerrel. Az allélfrekvenciák a következők szerint alakultak: 103T(H)=0,75; 103C(h)=0,25, 1970T=0,32; 1970C=0,68. Az első istállóban (1. minta) a HFABP1 mutáció szignifikáns hatást mutatott a hátszalonna-vastagság és színhúskehézet esetében. A második istállóban (2. minta) nem tudtunk szignifikáns összefüggést igazolni a mért termelési paraméterek és a vizsgált mutációk között. A HFABP2 genotípusaihoz tartozó átlagértékek között nem találtunk szignifikáns eltérést. Jelen vizsgálat alapján nem tudunk egyértelmű következtetést levonni a polimorfizmusok termelési paraméterekre gyakorolt hatásáról. Az általunk vizsgált állományban az 5' UTR régióban lévő mutáció allélfrekvenciája megegyezik a szakirodalomban leírt adatokkal, vagyis az intramuszkuláris zsirtartalomra nézve kedvezőbb változat van túlsúlyban a populációban.

Kulcsszavak: H-FABP, FABP3, *HinfI*, SNP, polimorfizmus, sertés, termelési paraméter

SUMMARY

The H-FABP gene was defined as a potential candidate gene influencing the fat deposition traits, primarily the intramuscular fat content. The aim of this study is to define whether the previously reported gene mutations are connected with the slaughter traits measured in a standard slaughterhouse. The study included data from 405 gilts and barrows from 2 different samples. The two chosen mutation (HFABP1: c. 103 T>C, HFABP2: c. 1970 T>C) were detected in one reaction with PCR-RFLP (Polymerase Chain Reaction-Restriction Fragment Length Polymorphism) method with *HinfI* restrictoin enzyme. The allele frequencies are as follows: 103T(H)=0.75; 103C(h)=0.25, 1970T=0.32; 1970C=0.68. A HFABP1 mutation has significant effect on backfat thickness and lean meat % at stable 1 (sample 1), but there were no effect at stable 2 (sample 2). The analysis of values of production traits, depending on HFABP2 genotype did not reveal significant differences. Based on this study we can't get a clear conclusion on the impact of polymorphisms on production parameters. In the examined flock the allele frequency of mutation in 5' UTR is identical to the literature data, i. e. the more favorable variant regarding the intramuscular fat content is predominant in the population.

Keywords: H-FABP, FABP3, *HinfI*, SNP, polymorphism, pig, production traits

BEVEZETÉS

A fogyasztói igények jelentősen változtak az elmúlt 50 évben, a világszerte előállított hús mennyisége 30 év alatt a duplájára növekedett (FAO, 2013). Ez a lendületes növekedés okozta árübőség lehetővé teszi a fejlett világ tudatos fogyasztóinak, hogy a rendelkezésre álló termékek között minőségi szempontok alapján válogassanak. A megfelelő minőségű és mennyiségű hús előállításának sarkalatos pontja a megfelelő genetikai háttérrel rendelkező állat kiválasztása, melyben segítséget nyújt a molekuláris biológia eszköztára. Az utóbbi években a genetikai markerek segítségével végzett szelekciónak egyre jelentősebb a szerepe az állattenyésztésben, mivel használatával nagyobb szelekciós előrehaladás érhető el (Tenke és Babinszky, 2012). Az olyan gazdaságilag fontos tulajdonságok esetében melyek csak az állat későbbi életszakaszában nyilvánulnak meg vagy csak az egyik ivarban vizsgálhatóak, a genetikai háttér ismerete kiemelkedően fontos, mivel lehetőséget adhat korai szelekcióra.

A poligénikus tulajdonságok – mint például ideális fehérje- és testzsírarányok – kialakítására végzett szelekciónál kulcsfontosságú az adott tulajdonságot kialakító gének ismerete.

A teljes genomon végzett kapcsoltsági térképezés alapján a zsirdepozícióhoz számos genomrégió köthető (Rothsciled et al., 2007), melyek nagy részét nagyhatású génben lévő pontmutációként azonosítottak (Switonski et al., 2010).

A H-FABP (Heart Fatty Acid-Binding Protein) vagy FABP3 a FABP család tagja. A fehérjék ezen csoportja szerepet játszik a lipid metabolizmus és egyéb sejten belüli folyamatok szabályozásában, mint például a gén átíródás, sejtszignalizáció, növekedés és differenciáció (Veerkamp és Maatman, 1995). A H-FABP gén elsősorban szív és vázizom szövetben fejeződik ki (Paulussen et al., 1990), de hátszalonnában is vizsgálták már expressziójának mértékét (Li et al., 2010). A gén egy kisméretű citoszolikus fehérjét kódol, mely a plazmamembrántól a felhasználás helyére szállítja a zsírsavmolekulákat.

Gerbens et al. 1997-ben a sertés H-FABP-t kódoló gént a 6. kromoszómán helyezték el, megállapították, hogy 4 exon és 3 intron alkotja. 3 nukleotid polimorfizmust írtak le, melyből az egyik az 5' szabályzó régióban lévő – Hinfl restriktív enzimvel detektálható – polimorfizmus. Cao et al. 2002-ben publikáltak egy, a 2. intronban talált mutációt, mely szintén Hinfl restriktív enzimvel mutatható ki. A H-FABP gén polimorfizmusainak hatását az intramuszkuláris zsírtartalomra és a hátszalonna vastagságra nézve számos szerző vizsgálta (Gerbens et al., 1999; 2000; Nectelberger et al., 2001; Urban et al., 2002; Árnási et al., 2006; Pang et al., 2006; Schwab et al., 2008; Jankowiak et al., 2010; Zhao et al., 2010; Li et al., 2010; Tyra et al., 2011). E gén potenciális marker lehet az adott tulajdonságokra végzett szelekció során. Hollandiában a H-FABP gén – mint az intramuszkuláris zsírtartalom 0,4%-át meghatározó nagyhatású gén – szabadalmi oltalom alatt áll (Liu és Mathur, 2003). Jelen vizsgálathoz a gén Hinfl restriktív enzimvel detektálható mutációit választottuk, melyek kimutatását egyszerre terveztük elvégezni.

ANYAG ÉS MÓDSZER

Kísérleti állatok

A kísérletbe 500 nagy genetikai kapacitású (Close, 1994) F1 hibrid sertés került beállításra 2 istállóban, 273 ártány és 227 koca (emse) ivararányban. A kísérletbe vont állatok 3 vonalas (nagy fehér, lapály és duroc) anyák és szintetikus stresszmentes pietrain apaállatok keresztezéséből származtak. A kísérleti állatokat átlagosan a 73. életnapjukon telepítették be kettő, 650 férőhelyes hízó istállóba. Minden istállóban kutyaként 25–30 vegyes ivarú egyed került elhelyezésre. Az istállóban mélyalmos technológiát alkalmaztak, az etetés nedves abrakkeverék etetésére alkalmas önetetőkből történt, az ivóvíz szópókás önitatókból ad libitum állt az állatok rendelkezésére. Az etetett takarmány táplálóanyag tartalma megfelelt az idevonatkozó ajánlásoknak (Magyar Takarmány Kódex, 2004).

A telepen alkalmazott technológiának megfelelően az állatok átlagos betelepítési súlya a két istállóba 29,3 kg, illetve 30,7 kg volt. A kísérlet zárásakor (111 és 118 napi hizlalás után) az állatok átlagos élősúlya 112±9,4 kg (1. istálló) illetve 120,6±9,2 kg (2. istálló) volt. A hizlalás alatti napi gyarapodás 745,9±84,7 g (1. istálló), illetve 761,8±77,6 g (2. istálló) volt.

Vágóhídi minősítés

A vizsgálat végén, a vágás során a vágott testek az SEUROP szerint kerültek minősítésre. A vágott testek minősítése szűrőszondás műszerrel történt. A szonda a vágott testen a szalonnavastagságot és a karajátmérőt a 2–3. borda között, a hasítás síkjától 6 cm távolságra méri, mely alapján megállapításra kerül a színhús-százalék.

A minősítés során a mindkét istálló állatainál meghatároztuk a hátszalonna-vastagságot, a karaj keresztmetszetet, a hideg súlyt és a színhús százalékot.

Mintavétel a genetikai vizsgálatokhoz

A genetikai vizsgálatokat a Debreceni Egyetem MÉK Állattudományi Biotechnológiai és Természetvédelmi Intézetének Állatgenetikai Laboratóriumában végeztük. A vérminta istállónként 250 vegyes ivarú egyedről steril tűvel (0,9×38 mm) a vena cava cranialisból S-monovett (4,9 ml) vérvételi csövekbe (Sarstedt AG&Co) került levételre. A vérminták tárolása a vizsgálatokig -20 °C-on történt mélyhűtőben.

A vérminták előkészítése

A vérminták feldolgozása során a genomi DNS-t Zsolnai és Orbán (1999) leírása alapján izoláltuk. Az előkészített DNS mintákat -20 °C-on tároltuk a további vizsgálatig.

Genotipizálás

A PCR–RFLP konstrukciót úgy terveztük meg, hogy a két mutáció egyidejű kimutatására alkalmas legyen.

A 5' UTR régióban lévő (HFABP1) g.103 T>C mutációt (GenBank: AY599894.1) és a 2. intronban lévő (HFABP2) g.1970 T>C mutációt (GenBank: Y16180.1) az NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) adatbázisban található szekvenciákban azonosítottuk. Ez alapján terveztük meg a PCR konstrukciót. A primereket a Primer3 nevű interneten elérhető szoftver segítségével terveztük (<http://simgene.com/Primer3>), majd a kész konstrukciót az UCSC Genome Bioinformatics internetes oldalon található UCSC In-Silico PCR program segítségével ellenőriztük (<http://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgPcr?command=start>).

A primerek és a PCR termékek hossza a következők szerint alakult: F_HFABP1: cagccaagagtgttcc, R_HFABP1 tgggctaggctgagaagag, termék hossza: 451 bp, F_HFABP2: ggaatgggaatgagaaggt, R_HFABP2: tcgagctcagcactaaca, termék hossza: 607 bp. PCR kondícióinak optimalizálását gradiens PCR-el végeztük. A PCR elegy 10 µl végtérőfogatlan tartalmazott kb. 100 ng genomális DNS-t, 0,2 mM dNTP-t (Fermentas), 1 µl 10x DreamTaq™ Green Buffer-t, 1 pmolt HFABP1 primereiből és 4 pmolt HFABP2 primereiből (Sigma-Aldrich Kft.) továbbá 2 U DreamTaq™ Green polimeráz enzimet (Fermentas). A puffer magnézium tartalmának (20 mM) kiegészítésére további magnézium-klorid oldatot (25 mM) használtunk, így a végkoncentráció a reakcióelegyben 3,75 mM volt.

A DNS felszaporítása során az ún. touchdown PCR eljárást használtuk a melléktermékek mennyiségének csökkentésére. A reakció hőmérséklet-kondíciói a következők szerint váltakoztak: denaturáció 10 percig 95 °C-on, amit egy két szakaszból álló program követett. Ennek első része 9× ismétlődve a denaturáció (30 sec 95 °C) – feltapadás (30 sec 70 °C), mely ciklusonként 0,5 °C-ot csökkent – lánchosszabbítás (30 sec 72 °C) lépések. Ezt a második fázis követi: 28× ismételve a denaturáció (30 sec 95 °C) – feltapadás (30 sec 65 °C) – lánchosszabbítás (30 sec 72 °C) lépéseket. Ezt követte még 5 perc 72 °C-on, ami lezárta a folyamatot. A vizsgálatokat MJ PTC-200 PCR (ESCO) készülékkel végeztük.

A restrikciós analízist – G'ANTC felismerő hellyel rendelkező – *HinfI* (Fermentas) enzimmel végeztük. A 451 bp hosszú HFABP1 terméket az enzim – a mutáció függvényében 2, illetve 3 részre hasította a következők szerint: 143 bp–*61 bp–249 bp. A polimorfizmus az első két fragment közti felismerő helyet hozta létre vagy rontotta el, így az információt a 204 bp (C/h), illetve a 143 bp (T/H) hosszú szakaszok hordozták. A 605 bp hosszú HFABP2 termék 4, illetve 5 felé hasítódott a következők szerint: 67 bp–47 bp–*217 bp–232 bp–44 bp. A polimorfizmus a 2. és 3. fragment közti felismerő helyet hozta létre vagy rontotta el, így az információt a 264 bp, illetve a 217 bp hosszú szakaszok hordozták. A rövid szakaszok (44–67 bp) nem voltak láthatóak a géliképen, a 249, illetve 232 bp hosszúságú szakaszok a vizsgált mutációktól függetlenül hasítódottak.

A restrikciós analízishez 13 µl végtérfigatban 10 µl PCR terméket, 2,5 U enzimet és 10x BufferR-t használtunk. Az enzimátikus hidrolízist 4 órán keresztül 37 °C-os hőmérsékleten vízfürdőben végeztük.

Az allélok elkülönítését 3,5%-os agaróz (Lonza) gélen végeztük, a géhez GelRed (Biotium Inc.) gélfestéket adtunk, a futtatás 1x-es TAE pufferben (Lonza) 120 V feszültségen 2 órán keresztül történt.

Statisztikai analízis

Annak meghatározására, hogy vizsgált allélok hatással vannak-e valamelyik termelési tulajdonságra SAS 9.1 szoftverrel variancia analízist végeztünk, azon belül a GLM eljárást – Tukey-Kremer korrekcióval – használtuk (SAS, 2007). A modell a következő volt:

$$y_{ijkl} = \mu + HFABP1_i + HFABP2_j + HFABP3_k + I_l + e_{ijkl}$$

ahol: y_{ijkl} = függő változó,

μ = főátlag,

$HFABP1_i$ = HFABP1 genotípus okozta eltérés ($i=204/204, 204/143, 143/143$),

$HFABP2_j$ = HFABP2 genotípus okozta eltérés ($j=264/264, 264/217, 217/217$),

$HFABP3_k$ = HFABP3 genotípus okozta eltérés ($k=0, 232$),

I_l = ivar okozta eltérés (l =ártány, emse),

e_{ijkl} = maradék hiba.

Fix hatásként figyelembe vettük az ivart. A vizsgált genotípus csoportokban az eltérő n szám miatt az adatok LS mean (a legkisebb négyzetek átlaga) értékkel kerültek megadásra.

Az egyes genotípusok közötti összefüggés vizsgálatára Spearman-féle rangkorrelációs együtthatót számoltunk.

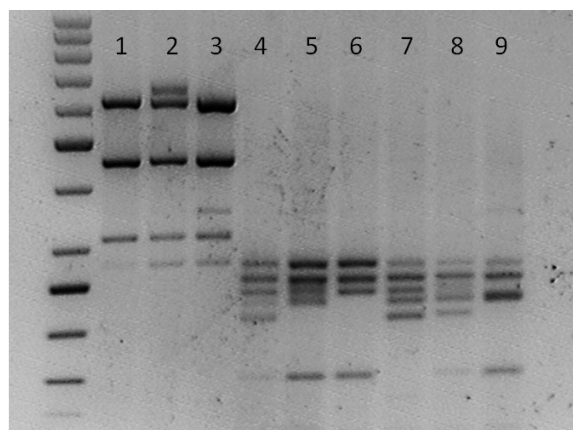
EREDMÉNYEK

Genotipizálás

A vizsgálat során 500 állat esetében sikerült meghatározni a genotípusokat (1. ábra), ami alapján megállapítottuk az allélgyakoriságokat (1. táblázat). A genotipizálás során néhány minta esetében egy melléktermékként megjelenő, kb. 660 bp hosszúságú sávot fi-

gyeltünk meg (1. ábra/2). Az ilyen minták enzimátikus hasítása során a 232 bp hosszúságú szakasz nem vált el egyértelműen (1. ábra/5,8), 217 és 250 bp között egy közel homogén sáv volt látható. Ezt a genetikai tulajdonságot HFABP3 mutációnak neveztük el. Az ilyen állatoknál a HFABP2 allélok közül csak a homozigóta 217 allélt sikerült azonosítani, a többi egyedet N.a., vagyis nem azonosított jelzéssel láttuk el (1. ábra/8).

1. ábra: A *HinfI* enzimmel emésztett PCR termék elektroforetikus képe



Megjegyzés: 50 bp-os molekula marker, a vastag sávok: 250 és 500 bp; 1–3. minta: PCR termék, 4–6. minta emésztett PCR termék.

Figure 1: Electroforetic picture of PCR product restricted by *HinfI* enzyme

Note: 50-bp ladder of molecular weight markers, thick lanes: 250 and 500 bp, lane 1–3: undigested PCR products; lane 4–9: digested PCR products.

A tapasztalt gyakoriság értékek megegyeznek számos szerző által közölt adattal (Gerbens et al., 1999; Urban et al., 2002; Pang et al., 2006). A 2 vizsgált mutáció alléljainak és a HFABP3 mutációnak egymáshoz viszonyított előfordulását a 2. táblázat tartalmazza.

A HFABP1 és 2 genotípusok együttes előfordulása alapján 5 haplotípust különíthetünk el. Az egyes mutációk összefüggésének mértékét a 3. táblázat tartalmazza.

A vágóhídon 494 állat adatait rögzítettük. 405 állat esetében tudtuk egyértelműen beazonosítani a genotípust és az állatokhoz tartozó vágóhídi minősítési adatokat. A két istállóban technikai okok miatt eltérő ideig tartották az állatokat, ezért az elemzést a két mintában (istállóban) külön végeztük le.

A genotípusok és a mért termelési paraméterek összefüggés-vizsgálatának eredményét a 4. táblázat tartalmazza. A 2. istállónál a homozigóta formában 204 bp hosszúságú fragmenttel rendelkező állatokat (4 db) összevontuk a heterozigóta csoporttal az elemzés során.

A varianciaanalízis eredményei azt mutatták, hogy az ivar szignifikáns hatást gyakorolt az 1. mintában a hátszalonna vastagságra és a színhúskehízatalra ($P \leq 0,05$). A 2. mintában az ivarhatás tendenciájában megegyezett az 1. mintában tapasztaltakkal, de ebben az esetben nem tudtunk kimutatni szignifikáns különbséget. Az átlagok közötti különbségek alapján kijelenthetjük, hogy nincs lényeges különbség a két ivar között az általunk vizsgált termelési paraméterekben.

hogyan Jankowiak et al. (2010) 30 állat adataira támaszkodva tette ezt a kijelentést.

A HFABP2-nek nevezett, 2. intronban található mutáció termelési paraméterekre gyakorolt hatását csak Li et al. (2010) tették közzé. 3 pontmutációt együtt vizsgálva haplotípust képeztek, melynek alapján megállapították, hogy a hús IMF tartalmára a -TCT- (-143 bp – C – 217 bp) típus van pozitív hatással.

A HFABP3 nem mutatott egyértelmű összefüggést egyik termelési paraméterrel sem. Azonosítása esetleg új polimorfizmust tárhat fel.

A H-FABP gén elsősorban az intramuszkuláris zsírtartalom szempontjából tartják nagy hatású génnek, de

az utóbbi évek eredményei alapján köze lehet a hátszalonna vastagság kialakításához is. Li et al. 2010-ben közzétett eredményei alapján a magas IMF%-kal rendelkező állatok izomszövetében magasabb volt a gén expressziója, míg a zsírszövetükben kevesebb, mint az alacsony IMF%-kal rendelkező állatok esetében. A BFT és az IMF jelenleg nem tisztázott módon állhatnak kapcsolatban egymással. A génpolimorfizmusok hatását nem tudták kimutatni az expresszió mértékére két másik szerzővel ellentétben (Tyra et al., 2010; Zhao et al., 2010), akik egymással ellentmondó eredményre jutottak. Zhao et al. (2010) kutatása alapján a H allél jelenléte pozitív hatással van mind a génexpresszióra, mind a fehérje mennyiségére.

4. táblázat

Az ivar és a H-FABP gén polimorfizmusainak hatása a vizsgált paraméterek átlagára

		1. istálló (minta)(1)						2. istálló (minta)(2)					
		n	HSZV* (mm)	KKm (mm)	SZHús (%)	ÉSúly (kg)	ÁNGy (g)	n	HSZV (mm)	KKm (mm)	SZHús (%)	ÉSúly (kg)	ÁNGy (g)
Ivar(3)	Ártány(4)	119	16,0	61,1	57,9	110,1	728,0	102	17,0	62,9	57,3	119,0	748,3
	Emse(5)	91	17,3	61,6	56,9	112,4	748,8	93	17,2	63,9	57,3	120,4	759,5
	P		0,0183	0,5439	0,0324	0,0792	0,0792		0,7154	0,1743	0,9272	0,3160	0,3160
HFABP1	204/204	19	17,5	61,1	56,7	110,2	729,6	(4)					
	204/143	78	15,5	61,6	58,3	110,2	728,9	78	18,1	62,4	56,4	120,0	756,2
	143/143	113	16,8	61,3	57,3	113,2	756,6	117	16,1	64,3	58,1	119,4	751,6
	P		0,0437	0,9060	0,0486	0,0696	0,0696		0,2592	0,4528	0,2171	0,9053	0,9053
HFABP2	264/264	88	16,3	62,7	57,8	115,3	775,0	78	20,4	59,7	54,3	119,1	748,6
	264/217	72	15,0	62,5	58,8	111,5	741,1	67	17,1	61,8	57,1	117,4	734,3
	217/217	25	16,9	62,7	57,3	111,9	744,9	14	14,8	65,0	59,2	119,2	749,8
	N.a.	25	17,2	59,3	56,8	110,4	730,9	36	16,0	67,0	58,5	123,1	783,0
	P		0,1213	0,6078	0,1633	0,0712	0,0712		0,1567	0,1726	0,0879	0,8003	0,8003
HFABP3	0	33	15,0	61,7	58,1a	110,9	735,2	47	18,8	60,2	55,6	116,8	729,1
	232	177	17,7	61,0	56,7	111,6	741,5	148	15,3	66,5	59,0	122,6	778,7
	P		0,1032	0,5918	0,0224	0,6993	0,6993		0,1404	0,0707	0,0757	0,3368	0,3368
RMSE		3,9	6,3	3,2	9,3	84,0		3,5	5,2	2,9	9,1	77,3	

Megjegyzés: HSZV: hátszalonna-vastagság, KKm: karajkeresztmetszet, SZHús%: színhús%, ÉSúly: élősúly, ÁNGy: hizlalás alatti átlagos napi gyarapodás, * legkisebb négyzetek átlaga.

Table 4: The effect of gender and polymorphisms of H-FABP gene on average of examined traits

Stable 1. (sample)(1), Stable 2. (sample)(2), Gender(3), Barrow(4), Gilt(5), Note: HSZV: backfat thickness measured between the 2nd and 3rd ribs, KKm: diameter of loin measured between the 2nd and 3rd ribs, SZHús%: lean meat%, ÉSúly%: live weight at slaughter, ÁNGy: average daily gain during fattening, * least square means.

KÖVETKEZTETÉSEK

Az általunk vizsgált állomány nagyfokú heterogenitással bír, ami hátráltatja a vizsgált termelési paraméterek genetikai hátterének feltárását.

Jelen vizsgálat alapján nem tudunk egyértelmű következtetést levonni a 3 polimorfizmus termelési para-

méterekre gyakorolt hatásáról. Az ismeretlen genotípus azonosítása új polimorfizmust fedhet fel.

Az általunk vizsgált állományban az 5' UTR-ban lévő mutáció allélfrekvenciája megegyezik a szakirodalomban leírt adatokkal, vagyis az intramuszkuláris zsírtartalomra nézve kedvezőbb változat van a populációban túlsúlyban.

IRODALOM

Árnyasi, M.–Grindflek, E.–Jávor, A.–Lien, S. (2006): Investigation of two candidate genes for meat quality traits in a quantitative trait locus region on SSC6: the porcine short heterodimer partner and heart fatty acid binding protein genes. *J. Anim. Breed. Genet.* 123: 198–203.

Cao, H. H.–Zhang, G. X.–Wang, L. X.–Li, H. B.–Zheng, Y. M. (2002): Sequence analysis of polymorphic fragments of porcine H-FABP gene. *Y. Chuan.* 24: 146–148.

- Cho, E. S.–Parka, D. H.–Kim, B. W.–Jung, W. Y.–Kwon, E. J.–Kim, C. W. (2009): Association of GHRH, H-FABP and MYOG Polymorphisms with Economic Traits in Pigs. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 22. 3: 307–312.
- Close, W. H. (1994): Feeding new genotypes: establishing amino acid/energy requirements. *Principles. Pig Sci.* 9: 123–140.
- FAO (2013): <http://faostat3.fao.org/faostat-gateway/go/to/home/E>
- Gerbens, F.–Rettenberger, G.–Lenstra, J. A.–Veerkamp, J. H.–Te Pas, M. F. W. (1997): Characterization, chromosomal localization and genetic variation of the porcine heart fatty acid-binding protein gene. *Mamm. Genome.* 8: 328–332.
- Gerbens, F.–de Koning, D. J.–Harders, F. L.–Meuwissen, T. H. E.–Janss, L. L. G. (2000): The effect of adipocyte and heart fatty acid-binding protein genes on intramuscular fat and backfat content in Meishan crossbred pigs. *J. Anim. Sci.* 78: 552–559.
- Gerbens, F.–van Erp, A. J. M.–Harders, F. L.–Verburg, F. J.–Meuwissen, T. H. E. (1999): Effect of genetic variants of the Heart Fatty Acid-Binding Protein gene on intramuscular fat and performance traits in pigs. *J. Anim. Sci.* 77: 846–852.
- Jankowiak, H.–Sielska, N.–Kapelański, W.–Bocian, M.–Zmudzińska, A. (2010): The effect of H-FABP gene polymorphism on carcass and meat quality in the polish native zlotnicka spotted pig. *Journal of Central European Agriculture.* 11. 4: 459–464.
- Li, X.–Kim, S. W.–Choi, J. S.–Lee, Y. M.–Lee, C. K.–Choi, B. H.–Kim, T. H.–Choi, Y. I.–Kim, J. J.–Kim, K. S. (2010): Investigation of porcine FABP3 and LEPR gene polymorphisms and mRNA expression for variation in intramuscular fat content. *Mol. Biol. Rep.* 37: 3931–3939.
- Liu, Y.–Mathur, P. (2003): Heart Fatty Acid Binding Protein Gene for Improving Meat Quality. *CCSI.* September.
- Magyar Takarmány Kódex (2004): Országos Mezőgazdasági Minősítő Intézet. Budapest.
- Nechtelberger, D.–Pires, V.–Söolknet, J.–Stur Brem, G.–Mueller, M.–Mueller, S. (2001): Intramuscular fat content and genetic variants at fatty acid-binding protein loci in Austrian pigs. *J. Anim. Sci.* 79: 2798–2804.
- Pang, W. J.–Bai, L.–Yang, G. S. (2006): Relationship Among H-FABP Gene Polymorphism, Intramuscular Fat Content, and Adipocyte Lipid Droplet Content in Main Pig Breeds with Different Genotypes in Western China. *Acta Genetica Sinica.* 33. 6: 515–524.
- Paulussen, R. J.–van Moerkerk, H. T.–Veerkamp, J. H. (1990): Immunochemical quantitation of fatty acid-binding proteins. Tissue distribution of liver and heart FABP types in human and porcine tissues. *Int. J. Biochem.* 22. 4: 393–398.
- Rothschild, M. F.–Hu, Z. H.–Jiang, Z. (2007): Advances in QTL mapping in pigs. *Int. J. Biol. Sci.* 3: 192–197.
- SAS Institute Inc. (2007): SAS OnlineDoc® 9. 2. Cary NC: SAS Institute Inc.
- Schwab, C. R.–Mote, B. E.–Du, Z. Q.–Amoako, R.–Baas, T. J.–Rothschild, M. F. (2008): An evaluation of four candidate genes for use in selection programmes aimed at increased intramuscular fat in Duroc swine. *J. Anim. Breed. Genet.* 126: 228–236.
- Switonski, M.–Stachowiak, M.–Cieslak, J.–Bartz, M.–Grzes, M. (2010): Genetics of fat tissue accumulation in pigs: a comparative approach. *J. Appl. Genet.* 51: 153–168.
- Tenke, J.–Babinszky, L. (2012): A molekuláris genetika alkalmazásának lehetőségei a hizósértések takarmányozásában. *Magyar Állatorvosok Lapja.* 134: 179–188.
- Tyra, M.–Ropka-Molik, K. (2011): Effect of the FABP3 and LEPR gene polymorphisms and expression levels on intramuscular fat (IMF) content and fat cover degree in pigs. *Livestock Science.* 142: 114–120.
- Urban, T.–Mikolášová, R.–Kuciel, J.–Ernst, M.–Ingr, I. (2002): A study of associations of the H-FABP genotypes with fat and meat production of pigs. *J. Appl. Genet.* 43. 4: 505–509.
- Veerkamp, J. H.–Maatman, R. G. H. (1995): Cytoplasmic fatty acid-binding proteins: their structure and genes. *Prog. Lipid. Res.* 34: 17–52.
- Zhao, S. M.–Ren, L. J.–Guo, L.–Cheng, M. L.–Zhang, X.–Ge, C. R.–Gao, S. Z. (2010): Muscle lipid metabolism gene expression in pigs with different H-FABP genotypes. *Livestock Science.* 128: 101–107.
- Zsolnai, A.–Orbán, L. (1999): Accelerated separation of random complex DNA patterns in gels: comparing the performance of discontinuous and continuous buffers. *Electrophoresis.* 7: 1462–1468.