Nutrigenomika w hodowli świń

Marek Babicz[1], Eugeniusz R. Grela[2]

[1]Katedra Hodowli i Technologii Produkcji Trzody Chlewnej,
[2]Instytut Żywienia Zwierząt i Bromatologii UP w Lublinie

We współczesnym społeczeństwie coraz częściej używa się zwrotu: sztuka właściwego odżywiania. Już w czasach starożytnych Sokrates i Hipokrates opisywali *diaita*, jako nieodłączny element życia człowieka, związany z pokarmem i utrzymaniem organizmu w zdrowiu. Obecnie odżywianie definiować można jako dziedzinę, która bada relacje między spożywanymi przez człowieka pokarmami a jego zdrowiem.

W niewłaściwym odżywianiu oraz nieodpowiednio zbilansowanej diecie ma swoje źródło wiele chorób, m.in. otyłość, osteoporoza, cukrzyca, zakłócenia funkcji układu sercowo-naczyniowego, nowotwory. Jednak wielu przypadków nie można wyjaśnić jedynie nieodpowiednią dietą lub brakiem aktywności fizycznej. Coraz częściej winą obarcza się genom, a właściwie określone geny. Sam zapis informacji genetycznej w DNA, jak wynika z prowadzonych badań, również nie stanowi właściwej odpowiedzi. Należałoby poznać poszczególne elementy aktywności genów związanej z tzw. czynnikami epigenetycznymi, kształtującymi genetyczną odpowiedź organizmu. Przypuszcza się, że jednym z takich bodźców są składniki pokarmowe.

Wykazano, że zmiany epigenetyczne wywołane dietą mogą być trwałe. Oznacza to, że określone nawyki żywieniowe i ich skutki zdrowotne mogą podlegać dziedziczeniu, a właściwie ujawnianiu się u potomstwa. W przeprowadzonych doświadczeniach wykazano, że suplementacja diety kwasem foliowym, betainą, choliną lub genisteiną wpłynęła na zmianę umaszczenia potomstwa myszy, zmniejszając również ryzyko otyłości, cukrzycy i nowotworów [4, 9].

Wydaje się, że uzyskanie informacji na płaszczyźnie pożywienie-genom pozwoli ustalić indywidualną dietę zarówno dla ludzi, jak też poszczególnych gatunków lub grup produkcyjnych zwierząt gospodarskich, w tym również *Sus scrofa domestica*, czyli świni domowej. W badaniach naukowych coraz częściej przewijają się połączone z tym aspektem dwie podstawowe definicje: nutrigenetyka i nutrigenomika, związane pochodzeniowo ze słowem *nutrition* – żywienie.

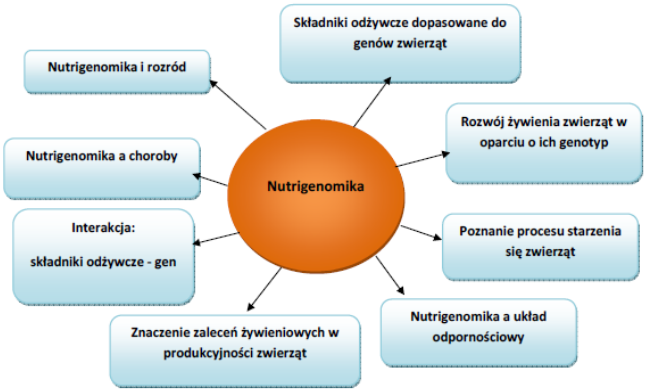
Celem nutrigenetyki jest uzyskanie informacji z zakresu reakcji organizmu na składnik diety w powiązaniu z określonym polimorfizmem pojedynczego nukleotydu (SNP) danego genu lub markera genetycznego. Występowanie SNP w genomie zwierząt może wzmacniać lub osłabiać wpływ bioaktywnych związków na ekspresję genów, co jest jedną z przyczyn indywidualizacji różnic genetycznych. Jak wynika z badań genomu, różnice osobnicze w obrębie *Homo sapiens* wynoszą ok. 0,01% (spośród sekwencji 3 miliardów par zasad tworzących DNA człowieka), co okazuje się wystarczające do posiadania charakterystycznych cech jednostkowych. Zbliżony zakres zanotowano u poszczególnych gatunków zwierząt gospodarskich.

Nutrigenomika jest wiedzą, a przede wszystkim metodą poznawania związków przyczynowo-skutkowych między genetycznymi predyspozycjami konkretnego zwierzęcia, determinowanymi strukturą DNA i mechanizmami dziedziczenia epigenetycznego, a fizjologiczną reakcją organizmu na zróżnicowanie składu i właściwości paszy. Nutrigenomika bada zależności pomiędzy składnikami dawki pokarmowej a zróżnicowanym indywidualnie poziomem ekspresji genów. Określa więc wpływ nie tylko na genom, ale również na transkryptom, proteom i metabolom. Innymi słowy nutrigenomika identyfikuje mechanizmy oddziaływania żywienia na procesy metaboliczne organizmu [3]. W tym aspekcie analizie mogą być również poddawane różnice genetyczne świni domowej m.in. na poziomie rasowym lub wiekowym.

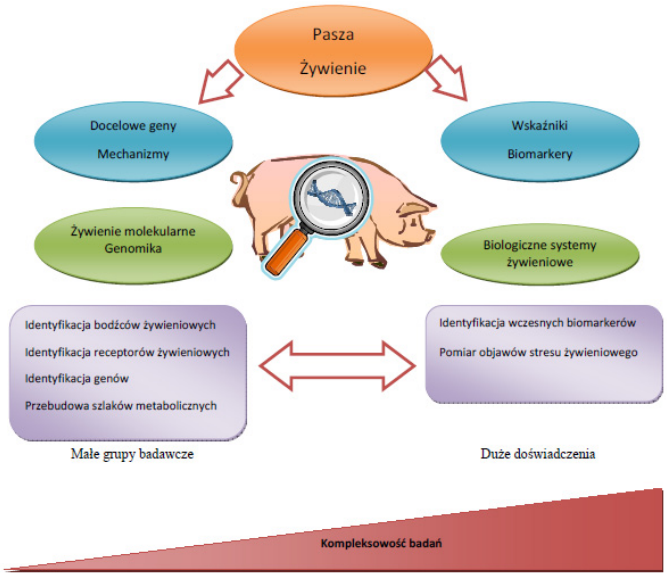
Nutrigenomika łączy się kompleksowo z epigenetyką, zajmującą się dziedzicznymi zmianami w organizacji chromatyny i ekspresji genów, niebędącymi konsekwencją zakodowania w genomie, lecz wywołanymi czynnikami zewnętrznymi działającymi na organizm, takimi jak np. bioaktywne składniki diety. Mianem tym określa się cząsteczki sygnałowe zawarte w określonym rodzaju pokarmu, które wpływają ilościowo i jakościowo na ekspresję genów. Stąd przyjmuje się, że określone składniki paszy mogą wpływać na wyciszanie lub aktywację pewnych genów. Do składników tych należą m.in. węglowodany, białka, tłuszcze, witaminy, składniki mineralne, fitobiotyki, w tym flawonoidy, izotiocyjaniany i glikozydy [5, 8].

Spośród klasycznych przykładów składników bioaktywnych paszy wymienia się niacynę – uczestniczącą w utrzymaniu struktury telomerów, cynk – kofaktor dla enzymów zwalczających wolne rodniki, magnez – kofaktor polimeraz biorący udział w naprawie i replikacji DNA [2]. Czynniki bioaktywne są dostępne w powszechnie wykorzystywanych pokarmach, np. allicyna znajdująca się w czosnku, β-karoteny w marchwi, likopen w pomidorach, genisteina w soi. Są również takie, które znajdują się w fitobiotykach, mających zastosowanie jako dodatki w żywieniu świń, np. emodyna w aloesie, anetol w koprze, gingerol w imbirze, kwas ursolowy w bazylii. Aspekt ten można również wykorzystać w chowie i hodowli świń poprzez produkcję pasz (komponentów paszowych) o obniżonej zawartości składników przeciwżywieniowych, a podwyższonej zawartości substancji o działaniu prozdrowotnym, m.in. kwasów tłuszczowych *omega-3*, włókna pokarmowego, witamin oraz fitobiotyków [6, 7, 11]. Z punktu widzenia nutrigenomiki, suplementacja dawki pokarmowej określonym składnikiem może bezpośrednio oddziaływać na genom świni, skutkując określonym efektem na płaszczyźnie ekspresji (transkryptomiki, proteomiki, metabolomiki). Przykładem jest uzupełnianie niedoborów żelaza w aspekcie żywienia, jako istotnego elementu wpływającego na procesy odpornościowe organizmu. Jednak przyjmując, że żelazo jest również czynnikiem hamującym pęknięcia nici DNA i utlenianie zasad, należy rozpatrywać go również w ramach nutrigenomiki, jako bodźca do genetycznych uwarunkowań m.in. nowotworów [8]. Przykładów takich jest znacznie więcej. Są to czynniki bądź już powszechnie stosowane w żywieniu świń, bądź pozostające w sferze badawczej, jak np. magnez, witamina C czy E, sterole roślinne, kwasy tłuszczowe (głównie PUFA *n-3*).

Dalekosiężnym celem nutrigenomiki jest opracowanie bardziej efektywnych, indywidualnych strategii żywienia świń, mających na celu zapobieganie chorobom i poprawę statusu zdrowotnego. Na bazie analizy genetycznej można byłoby stosować indywidualne żywienie zwierząt (rys. 1). W zależności od zmian w genomie można drogą żywieniową, poprzez dobór odpowiednich składników pokar-



Rys. 1. Schematyczny przegląd integracji: nutrigenomika a żywienie zwierząt i badania żywieniowe [6]



Rys. 2. Strategie rozwoju badań w nutrigenomice [1]

mowych i biologicznie czynnych paszy, reagować na ryzyko chorób warunkowanych wieloma czynnikami. Poprzez zmianę diety czy składu komponentowego paszy z konkretnym genotypem można zapobiec lub powstrzymać złożoną, warunkowaną wieloma czynnikami chorobę. Przez nutrigenomikę należy też rozumieć badania oddziaływań składników pokarmowych w komórkach, tkankach i organizmie oraz poznania jak żywienie wpływa na homeostazę [1, 10] lub jako poszukiwanie molekularnych przesłanek wyjaśniających wpływ składników pokarmowych na zdrowie, poprzez zmianę ekspresji genów i/lub struktur indywidualnego genomu [6, 8].

Strategie rozwoju badań w nutrigenomice zestawiono na rysunku 2. Istotne znaczenie odgrywają tu zjawiska epigenetyczne, decydujące o odmiennej ekspresji genów bez zmian w ich budowie. Zastosowanie czy też wykorzystanie nutrigenomiki w chowie i hodowli świń może się przyczynić do produkcji wieprzowiny jako żywności funkcjonalnej, która posiada składnik bądź składniki wpływające na funkcje organizmu, najczęściej o działaniu prozdrowotnym. Nie należy jednak mylić zmian ekspresji genów, będących skutkiem działania czynników epigenetycznych (w tym żywienia), z uzyskaniem organizmów genetycznie modyfikowanych (GMO), które samoistnie nie pojawiłyby się w naturze, a swoje istnienie zawdzięczają celowemu działaniu człowieka z wykorzystaniem inżynierii genetycznej.

Wprawdzie nutrigenomikę zakłada się wykorzystać przede wszystkim w optymalizacji odżywiania i profilaktyki chorób u ludzi, ale badania prowadzone są głównie na zwierzętach. Wiele badań wykonano na myszach i szczurach [1, 5, 6]. Odpowiednie strategie chowu (kojarzeń) pozwalają na identyfikację epigenetycznych interakcji gen-choroba oraz interakcji gen-żywienie [11]. Zastosowanie nowoczesnych metod i narzędzi molekularnych może już w niedalekiej przyszłości pozwolić na rozpoznanie i ustalenie substancji i/lub związków zawartych w pożywieniu wpływających na genom ssaków. Dzięki temu będzie możliwe zastosowanie właściwej, indywidualnej diety (dawki pokarmowej) dostosowanej do genetycznych uwarunkowań funkcjonowania organizmu ludzi i zwierząt.

Literatura: 1. Afman L., Müller M., 2006 – J. Am. Diet. Assoc. 106, 569-576. **2. Ames B.N.,** 2006 – Proc. Nat. Acad. Sci. USA 103, 17589-17594. **3. Chadwick R.**, 2004 – Proc. Nutrition Society 63, 161-166. **4. Dolinoy D.C., Weidman J.R., Waterland R.A., Jirtle R.L.,** 2006 – Environ. Health Perspect. 114, 567-572. **5. Fenech M., El-Sohemy A., Cahill L., Ferguson L.R., French T-A.C., Tai E.S., Milner J., Koh W.P., Xie L., Zucker M., Buckley M., Cosgrove L., Lockett T., Fung K.Y.C., Head R.**, 2011 – J. Nutrigenet. Nutrigenomics 4(2), 69-89. **6. Ghormade V., Khare A., Baghel R.P.S.**, 2011 – Vet. Res. Forum 2/3, 147-155. **7. Jingdong Y., Defa L.**, 2009 – Asian-Austral. J. Anim. Sci. 22(4), 605-610. **8. Kaput J., Rodriguez R.**, 2006 – Nutritional Genomics: Discovering the Path to Personalized Nutrition. Wiley & Sons, New York. **9. Koziołkiewicz M.**, 2009 – Nutrigenomika i nutrigenetyka – koncepcje i obszary badawcze. W: Żywność i żywienie w XXI w. Wizja rozwoju polskiego sektora spożywczego. 52 Zjazd PTCh, 1-15. **10. Műller M., Kersten S.**, 2003 – Nature Reviews Genetics 4, 315-322. **11. Zduńczyk Z., Pareek Ch.S.**, 2009 – J. Anim. Feed Sci. 18, 3-6.

Efektywność produkcji mleka w gospodarstwach rodzinnych południowo-wschodniej Polski

Zygmunt Litwińczuk, Waldemar Teter, Witold Chabuz, Piotr Stanek, Paweł Żółkiewski

Katedra Hodowli i Ochrony Zasobów Genetycznych Bydła UP w Lublinie

W ostatnich kilkunastu latach zanotowano w Polsce intensywny rozwój gospodarstw zajmujących się produkcją mleka. Można mówić, że po roku 2000 nastąpiła rewolucja technologiczna w zakresie warunków utrzymania, genetyki i żywienia zwierząt, a także jakości produkowanego mleka. Czynnikiem determinującym te zmiany były w głównej mierze korzystne ceny płacone za mleko, co premiowało rolników wytwarzających więcej mleka o dobrych parametrach jakościowych [4].

Drugim równie ważnym elementem, oprócz ceny mleka, było wprowadzenie nowej oceny jego jakości higienicznej, wyrażanej faktyczną liczbą bakterii i komórek somatycznych. Zaowocowało to w krótkim czasie koncentracją produkcji mleka w wyspecjalizowanych gospodarstwach, posiadających odpowiednie wyposażenie do doju i przechowywania mleka.

Tylko w latach 2001-2004 liczba krów mlecznych utrzymywanych w gospodarstwach z wolnostanowiskowym systemem chowu wzrosła na Lubelszczyźnie o ponad 50%, a ich średnia wydajność o 15% [6].

Duże znaczenie miało wprowadzenie w 2004 roku tzw. kwot mlecznych, co sprzyjało intensyfikacji produkcji bez obawy o koszty nabycia w przyszłości praw do produkcji mleka. W tym czasie udział kosztów rzeczywistych (bez amortyzacji i pracy rolnika) wynosił poniżej 60% ceny mleka, a więc rolnik z każdej wyłożonej złotówki otrzymywał prawie drugą na inwestycje. W kolejnych latach (już po wstąpieniu do UE) ceny mleka kształtowały się na podobnym poziomie, z wyjątkiem lat 2008 i 2009, kiedy po wzroście nastąpiło obniżenie cen za mleko o około 15% poniżej średniej z pięciu lat. W tym czasie wzrost kosztów produkcji (paliwa, nawozy) stopniowo ograniczał możliwości inwestycyjne. Udział kosztów rzeczywistych w 2009 roku wynosił już wyraźnie ponad 60% przy podobnej cenie mleka 1,05 zł [7].

Produkcja mleka na Lubelszczyźnie opiera się głównie na krowach czarno-białych z różnym udziałem rasy hf. W nowo wybudowanych oborach wolnostanowiskowych pojawiało się sporo jałowic rasy holsztyńsko-fryzyjskiej sprowadzanych z Europy Zachodniej. Jako krowy charakteryzowały się one wyższą wyrostowością i mlecznością w porównaniu do pierwiastek krajowych, wymagały jednak bardziej intensywnego żywienia, tzn. lepszych jakościowo pasz objętościowych i lepszych warunków utrzymania [3]. Nie bardzo sprawdzały się w warunkach obór uwięziowych, ze względu na