

Sianlihan laatuominaisuuksien genominen analyysi SNP-markkereiden avulla

Pekka Uimari¹⁾, Sini Wallén²⁾ ja Marja-Liisa Sevon-Aimonen³⁾

¹⁾MTT, Biotekniikka- ja elintarviketutkimus, 31600 Jokioinen, pekka.uimari@mtt.fi

²⁾HY, Kotieläintiede ja Kotieläinbiotekniikka, Latokartanonkaari 5, Helsinki. sini.wallén@helsinki.fi

³⁾MTT, Biotekniikka- ja elintarviketutkimus, 31600 Jokioinen, marja-liisa.sevon-aimonen@mtt.fi

Tiivistelmä

Sianlihan laadulla on tärkeä merkitys teollisten lihatuotteiden eri prosessointivaiheissa ja kuluttajien käyttäessä tuorelihaa ruuan valmistukseen. Sianlihasta valmistetun ruuan tulee olla sekä maukasta, terveellistä että rakenteeltaan hyvää. Lihan laatuun vaikuttavat ominaisuudet mm. lihan pH ja väripisteet ovat olleet kansallisesti jalostettavia ominaisuuksista jo noin 20 vuoden ajan. Nykyinen lihan laatuominaisuuksien jalostaminen perustuu koeasemalla kasvatettujen eläinten ruhoista mitattuihin sisäpaistin ja kyljyksen pH-arvoon (noin 20h teurastuksesta), lihan vaaleuteen (L*) ja lihan punaisuuteen (a*). Lihan laatuominaisuuksiin vaikuttaa oletettavasti suuri joukko eri geenejä, tosin joitain suurivaikutteisia geenimuotoja esim. halotaanigeenissä ja RN-geenissä on myös olemassa eri osuuksilla eri roduissa. Tämän tutkimuksen tarkoituksena oli löytää kromosomialueita ja geenejä, jotka vaikuttavat lihan laatuominaisuuksiin. Tutkimuksessa määritettiin 328 Suomalaisen maatiaisrotuisen keinosiemennyskarjun ja 295 yorkshire-rotuisen keinosiemennyskarjun genotyypit noin 50 000 SNP (single nucleotide polymorphism) suhteen käyttämällä kaupallista Illumina PorcineSNP60 sirua. Tutkittavina muuttujina käytettiin kansallisesta jalostusarvostelusta saatuja jalostusarvon ennusteita eri lihanlaatuominaisuuksien suhteen. SNP assosiaatio lihanlaatuominaisuuksien suhteen testattiin painotetun lineaarisen mallin avulla, joka sisälsi SNP-vaikutuksen lisäksi eläinten sukulaisuudet huomioivan polygeenisen tekijän. Mallin painokerroin perustui jalostusarvojen ennusteiden luotettavuudelle. Tilastollisesti merkitseviksi SNP:ksi katsottiin SNP, jonka P-arvo oli alle 2,0E-06 (merkitsevyyssraja määritetty Bonferroni-korjauksen avulla). Maatiaisrodulla kaksi SNP kromosomissa 7 (ASGA0037025, 130470366bp, P-arvo=8,6E-07 ja MARC0045334, 133942365bp, P-arvo=1,8E-06) olivat merkitseviä kyljyslihan a*-värin suhteen ja yksi SNP kromosomissa 15 (INRA0050276, 114169040 bp, P-arvo=7,1E-07) oli tilastollisesti merkitsevä sisäpaistin pH-arvon suhteen. Sama kromosomin 15 alue oli myös tilastollisesti merkitsevä yorkshirerodulla (15 eri SNP:ä, joista paras SNP. ALGA0087116, 113451557bp, P-arvo 4,7E-09) sekä kyljyksestä että sisäpaistista mitatun pH:n suhteen. Tilastollisesti merkitsevä alue on 2Mb pitkä ja se sisältää mm. tunnetun RN-geenin (PRKAG3-geeni). Yorkshirerodulla oli myös tilastollisesti merkitsevä SNP kromosomissa 6 (MIGA0008574, 46347641pb, P-arvo= 7,5E-07) kyljyksen a*-värin sekä kuuden SNP määrittämä alue kromosomissa 2 (paras SNP, MARC0005485, 26930095bp, P-arvo= 7,0E-08) kyljyksen L*-värin suhteen. Tulokset osoittavat, että kummassakin kotimaisessa sikarodussa on mahdollista muuttaa lihan laatuominaisuuksia haluttuun suuntaan myös SNP-markkeritiedon avulla.

Avainsanat: sika, assosiaatioanalyysi, SNP, hedelmällisyys, lihan laatu

Johdanto

Lihan kulutus Suomessa henkeä kohti on noin 76 kg, josta porsaanlihan osuus on 46% eli 35 kg (Lihatiedotus). Suomen Gallup Elintarviketiedon vuonna 2010 tekemän kyselyn mukaan kuluttajat pitävät hyvää makua ja terveellisyyttä lihan tärkeimpinä ominaisuuksina. Tämän jälkeen tulivat lihan tasainen rakenne, mehevyys ja mureus. Suomalaiset lihatalot käyttävät sekä kotimaista sika-ainesta (Figen) että ulkomaista sika-ainesta (FinnPig) moniroturisteytys-ohjelmassa, jonka kautta suurin osa kuluttajien käyttämästä porsaanlihasta tuotetaan. Kotimaisia rotuja ovat suomalainen maatiainen ja yorkshire.

Lihan-laatuominaisuudet ovat olleet mukana kansallisessa jalostusarvostelussa ja eläinten valintakriteerissä jo yli 20 vuoden ajan. Lihan laatua mitataan Suomessa lihan pH:lla 24h teurastuksen jälkeen ja kahdella eri väriarvolla Minolta a* ja L*. Näistä L* kuvaa lihan vaaleutta ja a* lihan puna-viher – astetta. Mittaukset tehdään Suomessa kahdesta eri lihaksesta/leikkauspinnasta: sisäpaistista ja kyljyksestä. Jalostuksessa pyritään optimaaliseen 5.7 pH-arvoon.

Viimeisten neljän vuoden aikana sian jalostajilla ja tutkijoilla on ollut käytettävissä kaupallinen Illumina Inc. tuottama SNP-siru (Illumina PorcineSNP60 BeadChip), jolla on voitu määrittää sian koko genomien alueelta noin 50 000 SNP-merkkiä. SNP eli single nucleotide polymorphism on pistemutaatioon perustuva geenimerkki. Pistemutaatioita (esim. nukleotidi A on muuttunut nukleotidiksi C) on historian aikana tapahtunut sian genomissa tasaisesti eri kohdissa. SNP-sirulla voidaan määrittää, mikä genotyyppi kullakin eläimellä on näissä valituissa pistemutaatiokohdissa.

Tärkein yksittäinen lihan laatuun vaikuttava ongelma on ns. PSE (pale-vaalea, soft-pehmeä, exudative-vetinen) liha. Vielä 1990-luvun alkuun asti tärkein PSE-liha aiheuttaja oli stressin aikaansaama maitohapon nopea muodostuminen lihakseen heti teurastuksen jälkeen, mikä johti lihan pH:n nopeaan laskuun. Lihan pH:n nopea lasku lämpimässä lihassa aiheuttaa proteiinien hajoamista ja lihan vedensidontakyvyn heikkenemistä ja tätä kautta lihasta tulee valmistettaessa kuivaa. Aktiivisen tutkimuksen avulla löydettiin kuitenkin geeni, jonka yksi muoto altisti PSE-lihan syntyyn ns. halotaanigeeni (RYR1 kromosomissa 6). Geenimuoto oli yleistynyt kaikissa eurooppalaisissa sikaroduissa, koska se on yhteydessä myös sikojen nopeampaan kasvuun ja lihaksikkuuteen. Tehokkaan jalostuksen ansiosta halotaani-alleeli on saatu karsittua pois suomalaisesta ja ruotsalaisesta sika-aineksestä. Osalla nykyisistäkin teurastetuista eläimistä pH laskee alle 5.5 arvon, mikä aiheuttaa myös lihan vedensidontakyvyn huonontumista ja tätä kautta huonompaa lihan laatua.

Tämän tutkimuksen tavoitteena on selvittää käyttämällä koko genomien kattavia SNP-merkkejä ne geenit ja kromosomialueet, joilla vaikuttavat sianlihan laatuominaisuuksiin. Tutkimus perustuu noin 300 maatiaisrotuiseen ja 300 yorkshirerotuiseen keinosiemennyskarjuun. Tutkimuksessa käytetyn aineiston suuruuden huomioiden vain suurivaikutteisimmat geenit on tällä tutkimuksella mahdollista löytää.

Aineisto ja menetelmät

Tutkimuksessa määritettiin 366 suomalaisen maatiaisrotuisen ja 316 yorkshirerotuisen keinosiemennyskarjun genotyypit. Osalle näytteistä genotyypityksen onnistuminen jäi alle vaadittavan kriteerin (90% onnistuneita genotyypityksiä kaikista noin 50 000 geenimerkistä) ja osalta genotyypitetyistä karjuista ei ollut vielä tarjolla luotettavaa jalostusarvostelua. Lopullinen aineisto sisälsi 328 maatiais-rotuista ja 295 yorkshire-rotuista keinosiemennyskarjua. Karjut olivat syntyneet vuosina 1996 - 2009. Karjuille oli saatavilla kansallisesti lasketut jalostusarvon ennusteet (EBV:t). Tutkittavat ominaisuudet olivat sisäpaistin ja kyljyksen pH-arvo (sispH ja selpH), lihan vaaleus (L*, sisL ja selL) ja lihan punaisuuteen (a*, sisa ja sela).

DNA:n eristys

Genotyypityksissä käytetty DNA eristettiin joko siemennesteestä tai karvatupeista. DNA:n eristyksessä käytettiin kaupallista DNeasy Blood & Tissue -kittiä (Qiagen, Helsinki, Finland). Eristysmenetelmistä on kerrottu tarkemmin artikkelissa Sironen et al. (2011). Genotyypityksissä käytettiin sian genomien kartoitukseen kehitettyä kaupallista Illumina PorcineSNP60 BeadChip:ä. Tarvittava DNA:n määrä oli 20 µl ja pitoisuus 100 ng/µl siemennesteestä eristetyille DNA:lle ja 50 ng/µl karvasta eristetyille DNA:lle. Genotyypitykset suoritettiin FIMM-laboratoriossa Helsingissä (Institute for Molecular Medicine Finland).

Tilastollinen menetelmä

Kansallisesta jalostusarvostelusta poimittiin kaikkien karjujen sekä karjujen isän ja emän jalostusarvot ja arvosteluvarmuudet. Näiden tietojen avulla muodostettiin karjuille uudet ns. takaisin-regressoidut havainnot. Takaisin-regressiossa pyrittiin ottamaan huomioon vanhempien vaikutus eläimen jalostusarvoon sekä arvosteluvarmuuksien vaihtelu eri ominaisuuksissa ja eläinten välillä (Garrick et al., 2009).

Yksittäisen SNP:n vaikutusta tutkittavaan ominaisuuteen testattiin sekamalliyhtälön avulla. Mallissa yksittäisen SNP:n vaikutusta tutkittavaan ominaisuuteen testataan regressiokertoimen avulla. Koska eläimet ovat sukua keskenään ja koska yksittäinen SNP ei selitä kaikkea geneettistä vaihtelua, malli sisältää myös ns. polygeenisen tekijän. Käytetty malli on muotoa:

$$y_i = \mu + b \cdot x_i + a_i + e_i,$$

missä y_i on takaisinregression kautta muodostettu havaintoarvo; x_i kertoo kuinka monta kopiota eläimellä on testattavan SNP:n harvinaisemman alleelin muotoa (0, 1, tai 2); b on regressiokerroin; a_i on eläimen polygeeninen arvo, jonka kovarianssirakenne on $a_i \sim N(0, \mathbf{A}\sigma_a^2)$, missä \mathbf{A} on sukulaisuusmatriisi ja σ_a^2 on polygeeninen varianssi ja e_i satunnainen jäännöstermi $e_i \sim N(0, \mathbf{I}\sigma_e^2/w_i)$, missä \mathbf{I} on kerroinmatriisi, σ_e^2 on jäännösvarienssi ja w_i on arvosteluvarmuuksien avulla laskettu painoarvo. Analyysit suoritettiin käyttämällä DMU-ohjelmapaketin AI-REML –menetelmää (Madsen et al., 2006).

Koska jokainen SNP testattiin erikseen, on testien määrä yhtä suuri kuin SNP lukumäärä eli noin 50 000 testiä. Tämän vuoksi tilastollisen merkitsevyyden määrittämiseen käytettiin ns. Bonferroni-korjausta. Tilastollisesti merkitseviksi tuloksiksi katsottiin $2.0E-06$ alittavat P-arvot ja suuntaa-antaviksi alle $4.0E-06$ jäävät P-arvot.

Tulokset ja tulosten tarkastelu

Taulukossa 1 on esitetty eri ominaisuuksiin vaikuttavat tilastollisesti merkitsevät ja suuntaa-antavat SNP. Maatiaisrodulla kaksi SNP kromosomissa 7 (ASGA0037025, 130470366bp, P-arvo=8,6E-07 ja MARC0045334, 133942365bp, P-arvo=1,8E-06) olivat merkitseviä kyljyslihan a*-värin suhteen ja yksi SNP kromosomissa 15 (INRA0050276, 114169040 bp, P-arvo=7,1E-07) oli tilastollisesti merkitsevä sisäpaistin pH-arvon suhteen. Sama kromosomin 15 alue oli myös tilastollisesti merkitsevä yorkshirerodulla (15 eri SNP:ä, joista paras SNP. ALGA0087116, 113451557bp, P-arvo 4,7E-09) sekä kyljyksestä että sisäpaistista mitatun pH:n suhteen. Yorkshirerodulla oli myös tilastollisesti merkitsevä SNP kromosomissa 6 (M1GA0008574, 46347641pb, P-arvo= 7,5E-07) kyljyksen a*-värin sekä kuuden SNP määrittämä alue kromosomissa 2 (paras SNP, MARC0005485, 26930095bp, P-arvo= 7,0E-08) kyljyksen L*-värin suhteen.

Taulukossa 2 on esitetty kromosomissa 15 olevan SNP ASGA0070625 vaikutus kyljyksestä mitattuun pH-arvoon. Yorkshirella pH-arvon ero alleelia A kantavien ja siitä vapaiden välillä on 0,03 pH yksikköä ja kahden homotsygoottiryhmän (AA vs GG) välinen ero pH arvossa on 0,06 pH yksikköä. Havaittu ero on suuri ottaen huomioon, että lihan pH arvojen geneettinen hajonta on vain myös noin 0,06 yksikköä. Maatiaisella havaittu ero on tätä pienempi.

Talukossa 2 on esitetty myös 10 tilastollisesti merkitsevän SNP:n (ALGA0087118, ASGA0070625, ASGA0070634, DRGA0015508, DBUN0002708, MARC0083357, ASGA0070646, DIAS0002965, ASGA0070665, ASGA0070668) muodostaman haplotyyppin yhteys kyljyksen pH-arvoon. Kyseisen haplotyyppin (GAAAACAGAG) vaikutus yorkshire-rodulla on samaa luokkaa kuin ASGA0070625 vaikutus. Tämä johtuu siitä, että ASGA0070625 A-alleelia esiintyy vain haplotyyppissä GAAAACAGAG (poikkeuksena yksi karju). Sen sijaan maatiaisella ASGA0070625 A-alleelia esiintyy eri haplotyypeissä (vertaa viimeisen rivin lukumääriä 21 vs 4). Myös maatiaisella ero 11-haplotyyppin ja ++-haplotyyppin välillä on noin 0,06 yksikköä eli samaa luokkaa kuin yorkshirellä. Tosin ero ++-haplotyyppi –karjujen ja 1+ -haplotyyppi –karjujen välillä on selvästi pienempi maatiaisella kuin yorkshirellä. Haplotyyppien tarkastelun perusteella voidaan alustavasti arvioida, että kummallakin kotimaisella rodulla noin 25% eläimistä kantaa alleelia, joka alentaa lihan pH tasoa teurastuksen jälkeen ja täten huonontaa lihan laatua.

Kromosomissa 15 löydetty tilastollisesti merkitsevä alue on noin 2Mb pitkä ja se sisältää RN-geenin (Rendement Napole) eli PRKAG3-geenin (LeRoy et al. 1990, Milan et al. 2000) ja joukon muita geneejiä, jotka ovat noin 1 Mb etäisyydellä PRKAG3-geenistä. PRKAG3-geenistä on löydetty viisi erilaista geenimuotoa: T30N, G52S, L53P, I119V ja R200Q (Milan et al. 2000; Ciobany et al. 2001). Näistä R200Q ja I119V on todettu vaikuttavan eniten lihan laatuominaisuuksiin. Lihan pH:n alentaa 119V ja 200Q geenimuodot. Eri tutkimuksissa on löydetty vain kolmea eri yhdistelmää näistä mutaatioista eli 200R on

esiintynyt joko 119I:n tai 119V:n kanssa yhdessä, mutta 200Q, jota kutsutaan myös RN- -alleeliksi, esiintyy vain 199V:n kanssa. Hampshire-rodulla esiintyvä muoto (haplotyyppi) on 199V -200Q. Tanskalaisessa Hampshire-rodussa RN- -alleelin frekvenssi oli lähes 100% 1990-luvun lopulla. Ankaran karsinnan jälkeen jo neljässä vuodessa RN- oli saatu kokonaan karsittua rodusta. Huolellisesti suunniteltu karsinta lisäsi vain hiukan populaation sukulaistumista ja karsinnan vaikutukset muiden ominaisuuksien geneettiseen edistymiseen jäivät vähäisiksi (Closter et al. 2011). Haplotyyppiä 199I-200R ja 199V-200R esiintyy monilla sikaroduilla, myös villisiialla. 199V-alleelin vaikutus (II-genotyyppi vs VV-genotyyppi) kyljyksen ja kinkun pH-arvoon on eri tutkimuksissa todettu olevan noin 0,05-0,10 pH-yksikköä alentavasti (Ciobanu et al, 2001 ja Cherele et al. 2010). RN-geenillä on todettu olevan vaikutusta myös mm. lihan sisäisen rasvan määrään (Monin & Sellier 1985, Barton-Gade 1988), mutta tätä löydöstä ei ole täysin varmistettu ja RN- alleelin positiivinen yhteys lihan sisäisen rasvan määrään voi olla myös jonkin toisen samalla alueella olevan geenin tulosta.

Johtopäätökset

Tässä tutkimuksessa analysoitiin SNP-geenimerkkien ja lihan laatuominaisuuksien yhteyttä suomalaisissa sikaroduissa. Tutkimuksessa löytyi useita kromosomialueita, jotka olivat yhteydessä lihan pH-arvoon tai väriin. Tärkein löydös on kromosomissa 15 PRKAG3-geenin (RN-geeni) alueelle. Molemmista roduissa sama alleeli ja haplotyyppi olivat yhteydessä alentuneeseen pH-arvoon. Jatkotutkimuksissa on tarkoitus selvittää esiintyykö suomalaisissa sikaroduissa jotain jo entuudestaan tunnettua pH-tasoa alentavaa PRKAG3-geenimuotoa vai vaikuttaako näissä roduissa jokin uusi geenimuoto. Kun geenimuoto on tunnistettu, lihan pH-pitoisuuden vaikuttava geenimuoto voidaan tarvittaessa helposti karsia populaatiosta.

Kirjallisuus

- Barton-Gade, P. A.** 1988. The effect of breed on meat quality characteristics in pigs. In proceedings of 34th International. Congress meat science technology, Part B (pp. 568–570). Brisbane, Australia.
- Ciobanu, D.C., Bastiaansen, J., Malek, M., Helm, J., Woollard, J., Plastow, G. & Rothschild, M.F.** 2001. Evidence for new alleles in the protein kinase adenosine monophosphate-activated γ 3-subunit gene associated with low glycogen content in pig skeletal muscle and improved meat quality. *Genetics* 159:1151–1162.
- Cherele, P., Glénisson, J., Figuer, P., Pires, J., Damon, M., Franck, M. & Le Roy, P.** 2010. Updated estimates of HAL n and RN- effects on pork quality: Fresh and processed loin and ham. *Meat Science* 86:949–954.
- Closter, A.M., Guldbrandtsen, B., Henryon, M., Nielsen, B. & Berg, P.** 2011. Consequences of elimination of the Rendement Napole allele from Danish Hampshire J. *Anim. Breed. Genet.* 128:192–200.
- Garrick, D.J., Taylor, J.F. & Fernando, R.L.** 2009. Deregressing estimated breeding values and weighting information for genomic regression analyses. *Genet. Sel. Evol.* 41:55.
- Le Roy, P., Naveau, J., Elsen, J.M. & Sellier, P.** 1990. Evidence for a new major gene influencing meat quality in pigs. *Genet. Res.* 55:33–40.
- Madsen, P., Sørensen, P., Su, G., Damgaard, L.H., Thomsen, H. & Labouriau, R.** 2006. DMU – A package for analyzing multivariate mixed models. In Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 13-18, Belo Horizonte, MG, Brasil.
- Milan, D., Jeon, J.T., Looft, C., Amarger, V., Robic, A., Thelander, M., Rogel-Gaillard, C., Paul, S., Iannuccelli, N., Rask, L., Ronne, H., Lundström, K., Reinsch, N., Gellin, J., Kalm, E., Le Roy, P., Chardon, P. & Andersson, L.** 2000. A mutation in PRKAG3 associated with excess glycogen content in pig skeletal muscle. *Science* 288:1248–1251.
- Monin, G., & Sellier, P.** 1985. Pork of low technological quality with a normal rate of muscle pH fall in the immediate postmortem period: The case of the Hampshire breed. *Meat Science* 13:49–63.
- Sironen, A., Uimari, P. & Vilkki, J.** 2011. Comparison of different DNA extraction methods from hair root follicles to genotype Finnish Landrace boars with the Illumina PorcineSNP60 BeadChip. *Agric. Food.Sci.* 20:143-150.

Taulukko 1. Tilastollisesti merkitsevät ja suuntaa-antavat SNP eri lihanlaatuominaisuuksille.

Rotu	SNP	Krom.	Paikka	Omin.	b	N	P-arvo	MAF
M	INRA0050276	15	114169040	sispH	-0,030	339	7,11E-07	0,24
M	ASGA0045619	10	389501	selA	-0,318	335	2,68E-06	0,49
M	ASGA0037025	7	130470366	selA	-0,351	335	8,65E-07	0,36
M	ASGA0037027	7	130662833	selA	-0,341	334	3,60E-06	0,32
M	MARC0045334	7	133942365	selA	-0,339	334	1,79E-06	0,35
Y	H3GA0018372	6	59522139	sisA	0,385	242	3,28E-06	0,39
Y	MARC0020484	2	24280789	sisL	-0,603	295	3,39E-06	0,46
Y	MARC0020484	2	24280789	selL	-0,813	290	8,04E-07	0,46
Y	ASGA0009814	2	26664863	selL	-0,840	294	5,79E-07	0,34
Y	ASGA0009838	2	26833186	selL	-0,853	294	9,99E-07	0,31
Y	ASGA0009830	2	26853258	selL	-0,827	286	3,76E-06	0,26
Y	MARC0005485	2	26930095	selL	-0,952	293	6,99E-08	0,24
Y	ALGA0113768	2	27803152	selL	0,749	294	1,37E-06	0,37
Y	DRGA0002892	2	27984204	selL	-0,764	294	2,04E-06	0,36
Y	ALGA0012914	2	28897555	selL	-0,911	293	2,61E-07	0,25
Y	ASGA0070560	15	113156064	selpH	0,044	295	4,70E-08	0,16
Y	H3GA0044951	15	113190218	selpH	0,045	294	2,90E-08	0,15
Y	ASGA0070571	15	113229234	selpH	0,044	295	1,55E-07	0,14
Y	ASGA0070582	15	113250173	selpH	0,044	295	4,70E-08	0,16
Y	ALGA0087116	15	113451557	selpH	0,047	295	4,74E-09	0,16
Y	ALGA0087118	15	113464523	selpH	0,044	295	1,55E-07	0,14
Y	ASGA0070625	15	113583519	selpH	0,047	295	1,33E-08	0,16
Y	ASGA0070634	15	113620305	selpH	0,048	294	8,05E-09	0,16
Y	DRGA0015508	15	113726097	selpH	0,045	288	9,98E-08	0,14
Y	DBUN0002708	15	113892876	selpH	0,046	294	1,90E-08	0,16
Y	MARC0083357	15	113936924	selpH	0,047	295	1,33E-08	0,16
Y	ASGA0070646	15	114011384	selpH	0,047	288	2,71E-08	0,15
Y	DIAS0002965	15	114033059	selpH	0,047	295	1,33E-08	0,16
Y	ASGA0070665	15	114108940	selpH	0,043	294	2,49E-07	0,14
Y	ASGA0070668	15	114141503	selpH	0,044	295	1,55E-07	0,14
Y	ASGA0097552	6	20919462	sispH	-0,040	269	3,27E-06	0,12
Y	ASGA0070560	15	113156064	sispH	0,034	278	3,02E-06	0,16
Y	H3GA0044951	15	113190218	sispH	0,034	277	2,95E-06	0,15
Y	ASGA0070582	15	113250173	sispH	0,034	278	3,02E-06	0,16
Y	ALGA0087116	15	113451557	sispH	0,035	278	1,06E-06	0,16
Y	ASGA0070625	15	113583519	sispH	0,037	278	1,06E-06	0,16
Y	ASGA0070634	15	113620305	sispH	0,037	277	1,03E-06	0,16

Y	DBUN0002708	15	113892876	sispH	0,036	277	1,43E-06	0,16
Y	MARC0083357	15	113936924	sispH	0,037	278	1,06E-06	0,16
Y	ASGA0070646	15	114011384	sispH	0,037	273	1,46E-06	0,15
Y	DIAS0002965	15	114033059	sispH	0,037	278	1,06E-06	0,16

Rotu: Y = yorkshire, M= maatiainen, Krom. = kromosomi, Omin. = ominaisuus, b = regressionkertoimen arvo, MAF = alleelifrekvenssi

Taulukko 2. Erot eri genotyyppien (ASGA0070625) ja haplotyyppien välillä yorkshire ja maatiaiskarjuilla.

Rotu	Genotyyppi	N	Mean	SD	Haplotyyppi	N	Mean	SD
Yorkshire	AA	9	0,004	0,02	11	8	-0,024	0,04
	AG	80	0,035	0,04	1+	71	0,025	0,07
	GG	224	0,068	0,04	++	231	0,075	0,07
Maatiainen	AA	21	-0,010	0,03	11	4	-0,046	0,04
	AG	159	0,006	0,04	1+	90	0,017	0,07
	GG	200	0,013	0,03	++	270	0,021	0,09