

Marijana Vrbančić, Z. Janječić

Prethodno znanstveno priopćenje – Preliminary scientific communication
Primljeno – Received: 28. studeni - November 2016.

SAŽETAK

Razvojem metoda molekularne biologije, biotehnologije i bioinformatike te mapiranjem genoma peradi, postoji mogućnost proučavanja utjecaja hranidbe na organizam peradi na molekularnoj razini. Također, postoji mogućnost da se istraživanja s jednog gena i njegovih produkata prošire na istraživanja svih gena, proteina i metabolita, s ciljem dobivanja podataka koji se mogu povezati s ostalim biološkim elementima prisutnim u određenom organizmu. Cilj ovoga rada bio je prikazati na koji način nutrigenomika može utjecati na efikasniju proizvodnju i kvalitetu mesa i jaja peradi. Nutrigenomika je dvosmjerna interakcija pojedinih gena i specifičnih hranjivih tvari, koja može izmijeniti ekspresiju gena i, u konačnici, transkripciju enzima ili drugog proteina. U genetici, ekspresija gena je najosnovnija razina na kojoj genotip utječe na formiranje fenotipa, a hranidba pak predstavlja ključan čimbenik koji utječe na zdravstveno stanje i reproduktivnu sposobnost kod peradi. Nutrigenomika omogućuje uvid u osnovne metaboličke mehanizme koji kontroliraju metabolizam peradi. Njen napredak je važan za brojne aspekte bitne za proizvodnju, zdravlje i dobrobit peradi. Cilj nutrigenomike je odrediti utjecaje uobičajenih sastojaka hrane na genom peradi i povezati različite fenotipove razlikama na staničnoj i genskoj razini.

Ključne riječi: nutrigenomika, hranidba, proizvodnja, kvaliteta mesa i jaja peradi

UVOD

Nedavne tehnologije koje su dovele do razvoja novog područja funkcionalne genomike, pružaju znatno bolje razumijevanje u kakvoj je vezi pojedini organizam s okolinom, a posebice s hranidbom (Ashwell, 2010.). Hranidba predstavlja jedan od važnijih čimbenika koji utječe na zdravlje i reproduktivnu sposobnost peradi, a samim time i na efikasniju proizvodnju i kvalitetu mesa i jaja peradi. Razvojem metoda molekularne biologije i mapiranjem genoma peradi, postoji mogućnost proučavanja utjecaja hranidbe na organizam na molekularnoj razini. Također, postoji mogućnost da se istraživanja s jednog gena i njegovih produkata prošire na istraživanja svih gena, proteina i metabolita, s ciljem dobivanja

podataka koji se mogu povezati s ostalim biološkim elementima u određenom organizmu (Li, 2011., Bašić i sur., 2011.). Nutrigenomika je dvosmjerna interakcija pojedinih gena i specifičnih hranjivih tvari, koja može izmijeniti ekspresiju gena i, u konačnici, transkripciju enzima ili drugog proteina.

Ona obuhvaća nutritivnu genetiku, nutritivnu epigenetiku i nutritivno inženjerstvo (Innes, 2006.). Nutritivna genetika identificira i klasificira varijacije u genomu te na taj način omogućava razumijevanje metabolizma i toleranciju na hranjive komponente. Nutritivna epigenetika se bavi nasljednim promjenama i ekspresijom gena pod utjecajem hranjivih komponenata, koje nisu uzrokovane promjenom u DNK nizu.

Marijana Vrbančić, e-mail: mvrbančić@vguk.hr, Visoko gospodarsko učilište u Križevcima, M. Demerca 1, Križevci, Hrvatska; prof.dr.sc. Zlatko Janječić, Sveučilište u Zagrebu, Agronomski fakultet, Svetošimunska 25, Zagreb, Hrvatska.

Nutritivno inženjerstvo koristi saznanja nutrigenomike u cilju projektiranja modifikacije gena u organizmu, odnosno u svrhu poboljšanja nutritivnog statusa organizma. Očekuje se da će nutritivna genomika u sljedećem desetljeću biti ključno područje u znanstvenim istraživanjima vezanim za hranidbu peradi i ostalih domaćih životinja. Nutrigenomika će igrati bitnu ulogu u različitim područjima i to u području zaštite zdravlja peradi, hranidbi, proizvodnji, reprodukciji, itd. Stoga je cilj ovoga rada bio razmotriti ulogu nutrigenomike u peradarskoj proizvodnji, kao jednog od potencijalnog oruđa za poboljšanje proizvodnje i kvalitete mesa i jaja peradi.

RAZVOJ I CILJEVI NUTRIGENOMIKE U PERADARSTVU

Pojam nutrigenomike definiran je 2002. godine i opisuje regulaciju ekspresije gena putem hrane, odnosno komponenata hrane (Chadwick, 2004., Bašić i sur., 2011.). U genetici, ekspresija gena je najosnovnija razina na kojoj genotip utječe na formiranje fenotipa. Kaput i Rodriguez (2004.) definiraju nutrigenomiku kao znanost koja opisuje u kakvoj su vezi geni i proizvodnja gena s hranjivim tvarima, odnosno sastojcima hrane, te kako pri tome mogu mijenjati fenotip, i obrnuto, kako geni i njihovi proizvodi metaboliziraju hranjive sastojke. Genetički kod iz molekula DNK interpretira se putem genske ekspresije, čije osobine, u interakciji s epigenetičkom i vanjskom sredinom, formiraju individualni fenotip (Jašić i sur., 2015.). Da bi smo istražili važnost hranidbe, potrebno je razumjeti fiziološke, biokemijske i metaboličke putove, promatrajući na koji način će organizam odgovoriti na hranjive sastojke. Interakcija između organizma i hranidbe je jedinstvena i kompleksna fiziološka stvar koja se obično temelji na više organskih sustava. Kontrolni mehanizmi tih procesa mogu se temeljiti na svim razinama, od genetike i ekspresije gena do povratnih informacija specifičnih metabolita. Moderna tehnologija pruža novu priliku prateći regulaciju tih procesa na razini jednog sustava. Znanstvenici tek počinju koristiti ovo oruđe da bi pronašli odgovor na ključna znanstvena pitanja o hrani i njenom učinku na organizam pomoću funkcionalne genomike (Ashwell, 2010.). Uporabom funkcionalne genomike moguće je procijeniti stanje nekog organizma, posebice kod peradi. Istovremeno, mjerenje ekspresije mnogih gena, rezultiralo je novim uvidima u mehanizme rasta, imunološki odgovor i razvoj (Ashwell, 2010.).

ZNANSTVENE DISCIPLINE U NUTRIGENOMICI

Dugi niz godina poznato je da svaki organizam peradi ne reagira isto na hranu. Međutim, početkom ovoga stoljeća i nakon završetka sekvencioniranja genoma peradi, tehnologija je omogućila da se dobije genetski zapis svake jedinke i da postoji mogućnost određivanja međusobnog utjecaja okolišnih faktora i genoma peradi. Za to su zaslužne različite znanstvene discipline koje su se pojavile u prošlom desetljeću, a od kojih se u području nutrigenomike intenzivno koriste transkriptomika, proteomika, genomika i metabolomika (Bašić i sur., 2011.). Navedene znanstvene discipline omogućuju određivanje koji su geni prisutni, kako su povezani sa simptomima određenih bolesti i s hranom koja se unosi u organizam, te kako ta hrana utječe na ekspresiju gena i utječe li uopće (Sertić, 2008.). U polju transkriptomike određuje se odgovor stanica ili organizama peradi na različitu hranu mjereći ekspresiju gena detekcijom količine mRNA transkriptata. Najčešće korištena tehnika je uporaba DNA-mikropolja (Spielbauer i Stahl, 2005., Bašić i sur., 2011.), čijim se korištenjem kroz dogledno vrijeme očekuje stvaranje bioinformatičkih knjižnica. Uz ovu metodu koristi se i lančana reakcija polimeraze uz reverznu transkriptazu i metoda hibridizacije molekula RNA za provjeru dobivenih podataka transkriptomike (Kussmann i sur., 2008., Bašić i sur., 2011.). S obzirom da količina molekula RNA u stanici ne odgovara uvijek količini sintetiziranih proteina, analiza proteoma počinje se koristiti kao sekundarno polje za istraživanja u nutrigenomici (Kussmann i Affolter, 2009., Bašić i sur., 2011.). Osnovna tehnika je dvodimenzionalna poliakrilamidna gel elektroforeza, nakon koje slijedi analiza proteina jednom od tehnika spektrometrije masa. Na određeni protein se djeluje specifičnom proteazom s ciljem hidrolize proteina te dobivanja peptidnih fragmenata specifičnih masa. Spektrometar je povezan s računalom na kojem se obrađuju rezultati te određuje vrsta proteina na principu uspoređivanja eksperimentalno dobivenih masa s *in silico* dobivenim fragmentima proteina smještenih u bazama podataka. Odstupanje od očekivanih masa fragmenata proteina pripisuje se točkastim mutacijama, insercijama ili delecijama u strukturnim genima. U budućnosti bi se za analizu proteoma mogla koristiti specifična antitijela postavljena na mikro ploče pomoću kojih će biti moguće identificirati i kvantificirati svaki protein (Kussmann i sur., 2006; Kussmann i sur., 2010., Bašić i sur., 2011.).

Metabolomika proučava metabolite kao što su na primjer metabolički intermedijeri, hormoni i druge signalne molekule te sekundarne metabolite, a koji imaju različiti kemijski sastav, molekularnu masu i fizikalna svojstva. Trenutno ne postoje tehnike i metode kojima bi se mogao paralelno odrediti cijeli metabolom. Najčešće se koriste kombinirane tehnike za analizu kao što su plinska i tekućinska kromatografija, tekućinska kromatografija / elektrosprej ionizacija / masena spektrometrija i tekućinska kromatografija / nuklearna magnetska rezonancija. Za daljnji razvoj novih metoda bit će potreban veliki napor internacionalnih timova znanstvenika kako bi se identificirali svi metaboliti određenog organizma (Bašić i sur., 2011.). Poznato je da sastojci hrane utječu na transkripcijske faktore, ekspresiju proteina i proizvodnju metabolita, pa i suptilne promjene u hrani za perad mogu "uključiti" ili "isključiti" specifične gene koji su odgovorni za stanične aktivnosti i zdravlje. Ova regulacija gena nadalje utječe na cjelokupno zdravlje i peradarsku proizvodnju.

NUTRIGENOMIKA U PERADARSKOJ PROIZVODNJI

Kombinacija okolišnih i genetskih čimbenika utječe na fenotipske karakteristike, proizvodnju jaja i mesa peradi bilo u intenzivnom, poluintenzivnom ili ekstenzivnom načinu držanja. U peradarskoj proizvodnji, više nego u bilo kojoj drugoj grani stočarstva, hranidbeni napredak usko je povezan s genetskim razvojem, odnosno pravilna hranidba daje mogućnost punog izražaja genetskog potencijala, a time i nadopunjuje proces genetske selekcije. Potražnja za mesom peradi, posebice pilećim mesom, ubrzano raste. Optimizacija stočne hrane u farmama tovnih pilića vrlo je važna po pitanju zdravlja i proizvodnje, a sve to nije moguće bez uzimanja u obzir nutrigenomička istraživanja. Danas je u hranidbi peradi, jedna od važnijih tema istraživača otkriti na koji način hranjivi sastojci mogu utjecati na rast i zdravlje životinja. Mnogo istraživača pokušava otkriti utjecaj hranjivih komponenata na ekspresiju gena u životinja kako bi obrazložili rast životinja i promjene u metabolizmu (Yan, 2015.). Hranjivi sastojci mogu utjecati na ekspresiju gena izravno ili neizravno. Na staničnoj razini, hranjivi sastojci mogu djelovati:

1) kao ligandi za receptore transkripcijskih faktora (Dauncey i sur., 2001., Jacobs i Lewis, 2002.); 2) mogu biti metabolizirani primarnim ili sekundarnim metaboličkim putevima, čime se mijenja koncentracija supstrata ili međuprodukata; ili 3) pozitivno ili negativno utjecati na signale (Clarke, 1999.). Kaput i Rodriguez (2004.) navode da je ekspresija gena modificirana brojnim hranidbenim komponentama uključujući makrokomponente (ugljikohidrati, bjelančevine, masti i kolesterol), vitamine (A, B, E, D) minerale (Fe, Se, Ca) te fitospojeve, uključujući flavonoide, izocijanate i indole.

Proučavanjem mape genoma različitih pasmina peradi, otkrivena je velika skala varijacija u polimorfizmu jednog gena (SNP) i broju kopirnih varijanti (CNVs) (Fan i sur., 2013., Dauncey, 2014.). U odnosu na broj DNK kopija, polje komparativne genomske hibridizacije (aCGH) pomoću DNK iz krvi čitavog niza pasmina peradi otkrilo je 3154 CNVs, grupiranih u 1556 CNV regija (Crooijmans i sur., 2013., Dauncey, 2014.). Prosječna veličina CNVs je 46,3 kb, a najveće su 4,3 mb. Oko 75% broja kopija bili su gubici, u odnosu na referentni genom u divlje kokoši. Pokrivenost genoma bila je 60 mb tj. gotovo 5,4% pilećeg genoma. Mnoge CNVs su linijsko specifične i vjerojatno se odnose na uzročne mutacije fenotipskih varijanti. Sveukupno, ovi rezultati su vrlo značajni za peradarsku nutrigenomiku. Mnogi CNVs će vjerojatno utjecati na kvalitativne i kvantitativne osobine koje su od gospodarske važnosti. Globalna karakterizacija CNVs će pomoći identificirati relevantne strukturne promjene u pilećem genomu, a rezultati će upotpuniti znanja o polimorfizmu jednog gena. To bi trebalo pružiti nove informacije o molekularnoj osnovi fenotipske varijacije i bolesti, genima važnima za rast, apetit i metabolizam i ulogu varijabilnosti gena u odgovoru na hranidbu (Dauncey, 2014.). Kelley i Sanderson (1999.) navode da je identificirano nekoliko gena koji su pod utjecajem određene razine hranjivih sastojaka u hrani. Jedan od najranije proučavanih regulatora ekspresije gena u hrani je cink (Blanchard i Cousins, 1996., Wu i sur., 1998., Ashwell, 2010.). Nedostatak cinka u hrani je dobro povezan s promjenama u ekspresiji mnogih gena, uključujući kolecistokinin, uroguanilin i ubikinon oksidoreduktazu (Blanchard i Cousins, 2000., Ashwell, 2010.).

Tablica 1. Utjecaj nekih hranjivih sastojaka na ekspresiju gena u peradi

Table 1. The influence of some nutrients in gene expression in poultry

Hrana	Ekspresija gena	Referenca
Hrana s imunomodulatorima (askorbinska kiselina, 1,3-1,6 β – glukani i kortikosteron)	- Ekspresija gena citokina (IL-1β, IL-2) u slezeni	Kumar i sur. (2011.) Banerjee i sur. (2015.)
Hrana za perad koja sadrži olovo	- smanjena regulacija svih šećernih, peptidnih i aminokiselinskih transportera - povećanje gena vezanih za stres	Ebrahimi i sur. (2015.) Banerjee i sur. (2015.)
Hrana koja sadrži različite oblike cinka	- utjecaj na ekspresiju transportnih proteina u crijevima	Hall i sur. (2012.)
Hrana s većim udjelom minerala u razdoblju nakon valjenja pilića	- povećana ekspresija gena, kao što je ciklin D1 (igra ključnu ulogu u regulaciji staničnog ciklusa, neophodan za rast crijevne sluznice i njeno zdravlje)	Brennan i sur. (2013a.)
Dodatak fermentiranog pamučnog sjemena (FCSM) u hrani za perad	- smanjenje razine abdominalne masti i jetrenih triglicerida - regulacija ekspresije mRNA sinteze masnih kiselina i acetil CoA karboksilaze u jetrenom tkivu i ekspresije lipoprotein lipaze u abdominalnom masnom tkivu	Nie i sur. (2015.)
Neškrobni polisaharidni enzimi (NSPEs)	- poboljšanje rasta peradi i apsorpcija hranjivih tvari te poboljšanje imuniteta, što znači da NSPEs ima svestranu ulogu u reguliranju metaboličkih puteva	Zduńczyk i sur. (2013.) Yan (2015.)
Dodatak taurina u hranu za nesilice	- povećana proizvodnja jaja, jajovod kokoši nesilica koje su uzgojene u okruženju visoke gustoće zaštićen od ozljeda	Wang i sur. (2010.) Dai i sur. (2015.)

UTJECAJ NUTRIGENOMIKE NA PROIZVODNJU I KVALITETU MESA

Većina nutricionista prihvaća činjenicu da različite vrste peradi imaju različite potrebe za hranjivim tvarima. U komercijalnoj proizvodnji, na primjer, hranidba brojlera se uvelike razlikuje u odnosu na hranidbu nesilica. Međutim, eksperimentalno je dokazano da sve vrste peradi imaju prilično slične potrebe za esencijalnim hranjivim tvarima. Iz nutrigenomičke perspektive, hranjive tvari u hranidbi su signali, detektirani od strane staničnog senzornog sustava, koji utječu na ekspresiju gena i proteina, a potom i na proizvodnju metabolita (Muller i Kersten, 2003.). Nadalje, kada je nutrigenomika u kombinaciji s metaboličkim informacijama, može se postići procjena cijele životinje i pruža se prilika za korektivne intervencije putem specifičnih hranjivih tvari i drugih spojeva (Lundeen, 2008.). Nutrigenomika igra ključnu ulogu u proizvodnji mesa peradi kroz različite aspekte: (a) korelacijom između hranidbe i genetike u uzgojnim programima, (b) epigenetikom kao

jednom od grana nutrigenomike, kojom se pomaže poboljšanje performance peradi i (c) povećanjem učinkovitosti hrane za što bolje zdravlje i povećanjem kvalitete mesa (Naji i sur. 2014., Banerjee i sur., 2015.). U posljednjih nekoliko godina provedena su istraživanja kako različiti hranidbeni programi utječu na neonatalno i rano-životno razdoblje pilića. Istraživači su pokazali da gladovanje pilića u prvih 24 sata života ima negativne učinke, te dolazi do manje tjelesne mase i slabije kvalitete mesa kod odraslih brojlera (Gonzales i sur., 2003.; Halevy i sur., 2000., Banerjee i sur., 2015.). Međutim, neki autori navode da se rast i razvoj pilića može ubrzati pravilnom prehranom s niskim sadržajem proteina (Everaert i sur., 2010., Banerjee i sur., 2015.). Korištenjem proteomike otkrivene su nove informacije koje se odnose na sastav proteina u mesu peradi, kao na primjer utjecaj metionina na povećanje mesa prsiju peradi i sigurna uporaba genetski modificiranih kultura u hranidbi životinja (Zduńczyk i Pareek, 2009.). Proteomska analiza je vrlo učinkovita i korisna za procjenu učinka metionina u hrani na povećanje udjela pr-

snog mišića i ekspresije proteina u skeletnih mišića u tovnih pilića (Corzo i sur., 2006). Pomoću tandem masenog spektrometra, ukupno 190 pojedinačnih proteina identificirano je u mišićnom tkivu *Pectorali major*. Tri pojedinačna proteina su se izrazito razlikovala i mogu se smatrati potencijalnim biomarkerima za regulaciju nedostatka metionina u tovnih pilića. Nie i sur. (2015.) otkrili su da dodatak fermentiranog pamučnog sjemena (FCSM) u hrani za perad može modulirati metabolizam lipidnog tkiva i prikazati metabolite jetre u brojlera. Unos FCSM-a značajno je smanjio razinu abdominalne masti i jetrenih triglicerida te regulirao ekspresiju mRNA sinteze masnih kiselina i acetil CoA karboksilaze u jetrenom tkivu i ekspresiju lipoprotein lipaze u abdominalnom masnom tkivu. Dodatak FCSM-a u hrani rezultirao je značajnim metaboličkim promjenama višekratnih puteva u jetri, uključujući trikarboksilni ciklus kiselina (Krebsov ciklus), sintezu masnih kiselina, i metabolizam glicerolipida i aminokiselina. Neka istraživanja su pokazala da neškrobni polisaharidni enzimi (NSPEs) mogu poboljšati rast peradi i apsorpciju hranjivih tvari te poboljšati imunitet, što znači da NSPEs ima svestranu ulogu u reguliranju metaboličkih puteva (Zduńczyk i sur., 2013., Yan, 2015.). Međutim, malo je informacija o tome na koji način NSPEs regulira metabolizam skeletnih mišića (Yan, 2015.). Različite vrste minerala poput cinka mogu aktivno regulirati gen koji je bitan za transport u crijevima tovnih pilića i učinak je izravno povezan s količinom cinka u hrani. Bar i sur. (2003.) zaključili su da današnji brojleri pokazuju veću sposobnost prilagodbe na nedostatak fosfora ili kalcija u hranidbi te ta sposobnost ostaje visoka za vrijeme cijelog razdoblja rasta. Međutim, nema literature u kojoj se može naći kako dugoročni nedostatak P i Ca u hrani može utjecati na uspješan rast, mineralizaciju kostiju i apsorpciju P u peradi. Li i sur. (2009.) izvijestili su da vitamin E djeluje kao transkripcijski regulator gena, uključenog u oksidaciju lipida i antioksidacijskom djelovanju gena u tovnih pilića koji na taj način smanjuje stres i sudjeluje u poboljšanju kvalitete mesa. Brennan (2015.) navodi da prebiotici i probiotici mogu poboljšati zdravlje probavnog sustava u tovnih pilića te na taj način dolazi do poboljšane učinkovitosti hrane i rasta. Stanični mehanizmi koji stoje iza tih poboljšanja su razjašnjeni korištenjem nutrigenomike. Na primjer, dodavanjem manan oligosaharida (MOS) u hranu za brojlere ne samo da se povećava ekspresija mucina, važne zaštitne komponente crijevnih sluznica, nego i iznenađujuće

podregulira odabrane gene, uključene u stanični promet i proliferaciju, potencijalno donoseći energetska uštedu (Brennan i sur., 2013.). U proizvodnji mesa peradi (posebice kod brojlera) nutrigenomička istraživanja dovest će do uvođenja preciznije i poboljšane hranidbene strategije, te na taj način povećati samu proizvodnju i kvalitetu mesa.

UTJECAJ NUTRIGENOMIKE NA PROIZVODNJU I KVALITETU JAJA

Nutrigenomika je dvosmjerna interakcija pojedinih genetskih i specifičnih hranjivih sastojaka, koja može izmijeniti ekspresiju gena i, u konačnici, transkripciju enzima ili drugog proteina. Korištenjem proteomike, kao jedne od disciplina u nutrigenomici, otkrivene su nove informacije koje se odnose na sastav proteina u jajima. Sve do nedavno, ukupan broj proteina u jajima bio je manji od 50. Nedavnim razvojem nutrigenomičkih alata i otkrivanjem sekvenci genoma u peradi identificirano je stotinu proteina u komponentama jajeta (Gautron i sur., 2006., Zduńczyk i sur., 2013.). Jedan od važnih elemenata u hranidbi nesilica je selen. Selen je ključan regulator gena koji određuje spol u pilića (Brennan i sur., 2012a.). Za selen (Se) je odavno poznato da igra ključnu ulogu u reprodukciji životinja. Nedostatak selena dovodi do reproduktivnih poremećaja koji uzrokuju smanjenu plodnost kod kokoši i smanjenu proizvodnju jaja. Kod mužjaka, čak i umjereno pomanjkanje selena dovodi do abnormalne sperme i smanjene pokretljivosti spermija. Dugoročni nedostatak Se dovodi do promjena u broju spermija i smanjene sposobnosti za oplodnju. Relativno se malo zna o mehanizmima kojima Se ispoljava svoje fiziološke učinke u reproduktivnom tkivu (Brennan, 2012b.). Dai i sur. (2015.) istražili su mogućnost unapređenja zdravlja kokoši nesilica smanjenjem gustoće naseljenosti i dodatkom taurina u hranu. Dodatkom taurina u hrani za nesilice, povećana je proizvodnja jaja (Wang i sur., 2010.). S obzirom da je zdravlje jajovoda usko povezano s proizvodnjom jaja, Dai i sur. (2015.) su pretpostavili da je povećana proizvodnja jaja povezana s dodatkom taurina u hrani i to preko poboljšane funkcije jajovoda. Prema tome, jajovod kokoši nesilica koje su uzgojene u okruženju visoke gustoće može biti zaštićen od ozljeda, dodavanjem taurina u hranu. Smanjena oštećenja jajovoda bila su povezana s manje oksidativnog stresa, manje upalnih infiltracija stanica, i niže razine upalnih medijatora u jajovodu kokoši nesilica.

ZAKLJUČAK

Nutrigenomika je dvosmjerna interakcija pojedinih genetskih i specifičnih hranjivih tvari koje mogu izmijeniti ekspresiju gena i, u konačnici, transkripciju enzima ili drugog proteina. Stoga, pruža priliku za korektivne intervencije putem specifičnih hranjivih tvari i drugih komponenti. Poznato je da se geni nasljeđuju i da se ne mogu mijenjati, ali pomoću nutrigenomike se može promijeniti njihov odgovor na njihovo okruženje u svrhu postizanja željenih rezultata. U proizvodnji mesa i jaja peradi nutrigenomička istraživanja dovest će do uvođenja preciznije i poboljšane hranidbene strategije, te na taj način povećati samu proizvodnju i kvalitetu mesa i jaja peradi. Istraživanja u nutrigenomici bit će vrlo korisna, iako je malo vjerojatno da će svakodnevno praćenje genskog profila u peradarstvu ikada biti uobičajeno ili jeftino.

LITERATURA

1. Ashwell, C. M. (2010.): Nutrigenomics for poultry – New tools for maximizing performance, Semantic Scholar,
2. Banerjee, G., Pal, R., Kumar Ray, A. (2015.): Applications of Nutrigenomics in Animal Sectors: A Review, *Asian Journal of Animal and Veterinary Advances*, 10 (9): 489-499.
3. Bar A., Shinder, D., Yosefi, S., Vax, E., Plavnik, I. (2003.): Metabolism and requirements for calcium and phosphorus in the fast-growing chicken as affected by age. *Br. J. Nutr.* 89: 51-60.
4. Bašić, M., Zrnec, D., Butorac, A., Landeka Jurčević, I., Đikić, D., Bačun-Družina, V. (2011.): Što je nutrigenomika?, *Hrvatski časopis za prehrambenu tehnologiju, biotehnologiju i nutricionizam* 6 (1-2): 37-44.
5. Blanchard, R. K., Cousins, R. J. (1996.): Differential display of intestinal mRNAs regulated by dietary zinc. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 93: 6863-6868.
6. Blanchard, R. K., Cousins, R. J. (2000.): Upregulation of rat intestinal uroguanylin mRNA by dietary zinc restriction. *Am. J. Physiol.* 272 (5 Pt 1): G972-978.
7. Brennan, K. M., Pierce, J. L., Cantor, A. H., Pescatore A. J., Power, R. F. (2012a.): Source of selenium supplementation influences testis selenium content and gene expression profiles in Single Comb White Leghorn roosters. *Biol. Trace Elem. Res.*, 145: 330-337.
8. Brennan, K. M. (2012b.): Nutrition and gene expression, production potential and animal health, Gut health and gene expression in poultry, <http://en.engormix.com/MA-poultry-industry/genetic/articles/nutrition-gene-expression> - 28.11.2016
9. Brennan, K. M. (2015.): Practical Applications of Nutrigenomics in Poultry Nutrition, 26th Annual Australian Poultry Science Symposium 2015, Sydney, 61-64.
10. Brennan, K. M., Graugnard, D. E., Xiao, R., Spry, M. L., Pierce, J. L., Lumpkins, B., Mathis, G. F. (2013.): Comparison of gene expression profiles of the jejunum of broilers supplemented with a yeast cell wall-derived mannan oligosaccharide versus bacitracin methylene disalicylate, *British Poultry Science* 54: 238-246.
11. Chadwick, R. (2004.): Nutrigenomics, individualism and public health. *Proceedings of the Nutrition Society*, 63 (1): 161-166.
12. Clarke, S. D. (1999.): Nutrient regulation of gene and protein expression. *Current Opinion in Clinical Nutrition & Metabolic Care*, 2 (4), 287-289.
13. Corzo A., Kidd, M. T., Dozier, W. A., Shack, L. A., Burgess, S. C. (2006.): Protein expression of pectoralis major muscle in chickens in response to dietary methionine status, *Brit. J. Nutr.* 95, 703-708.
14. Crooijmans, R. P., Fife, M. S., Fitzgerald, T. W., Strickland, S., Cheng, H. H., Kaiser, P., ... & Groenen, M. A. (2013.): Large scale variation in DNA copy number in chicken breeds. *BMC genomics*, 14 (1), 398.
15. Dai, B., Zhang, Y. S., Ma, Z. L., Zheng, L. H., Li, S. J., Dou, X. H., ... & Miao, J. F. (2015). Influence of dietary taurine and housing density on oviduct function in laying hens. *Journal of Zhejiang University SCIENCE B*, 16(6), 456-464.
16. Dauncey, M. J. (2014.): Overview of nutrigenomics and epigenomics: mechanisms and relevance. *Proceedings of FACTA Avian Nutrigenomics Course*, Campinas SP, Brazil.
17. Dauncey, M. J., White, P., Burton, K. A., Katsumata, M. (2001.): Nutrition-hormone receptor-gene interactions: implications for development and disease, *Proc. Nutr. Soc.* 60: 63-72.
18. Fan, W. L., Ng, C. S., Chen, C. F., Lu, M. Y. J., Chen, Y. H., Liu, C. J., ... & Lai, Y. T. (2013.): Genome-wide patterns of genetic variation in two domestic chickens, *Genome biology and evolution*, 5 (7), 1376-1392.
19. Gautron, J., Nau, F., Mann, K., Guerin-Dubiard, C., Rehault, S., Hincke, M. T., & Nys, Y. (2007). Molecular approaches for the identification of novel egg components. *World's Poultry Science Journal*, 63 (01), 82-90.

20. Gonzales, E., Kondo, N., Saldanha, E. S., Loddy, M. M., Careghi, C., & Decuyper, E. (2003). Performance and physiological parameters of broiler chickens subjected to fasting on the neonatal period. *Poultry Science*, 82 (8), 1250-1256.
21. Halevy, O., Geyra, A., Barak, M., Uni, Z., & Sklan, D. (2000.): Early posthatch starvation decreases satellite cell proliferation and skeletal muscle growth in chicks. *The Journal of Nutrition*, 130 (4), 858-864. https://www.semanticscholar.org/paper/Nutrigenomics-for-Poultry-new-Tools-for_MaximizingAshwell/8bdcbbf437860b8920565d29ade79b71a0a4fac6-15.01.2017.
22. Innes, J. (2006.): Diet and disease: exploring the link through nutrigenomics. *The Canadian Veterinary Journal*, 47 (1), 68.
23. Jacobs, M. N., & Lewis, D. F. (2002.): Steroid hormone receptors and dietary ligands: a selected review. *Proceedings of the Nutrition Society*, 61 (01), 105-122.
24. Jašić, M., Šbarić, D., Miličević, R. (2015). NUTRIGENOMIC, NUTRIGENETIC AND NEEDS FOR NUTRITION INDIVIDUALIZATION. *Hrana u zdravlju i bolesti : znanstveno-stručni časopis za nutricionizam i dijetetiku, Specijalno izdanje(Štamparovi dani)*, 39-43
25. Kaput, J., Rodriguez, R. L. (2004.) Nutritional genomics: the next frontier in the postgenomic era. *Physiological Genomics*, 16 (2): 166 - 177.
26. Kelly, E. J., Sanderson, I. R. (1999.): Nutrient regulation of intestinal gene expression. *Current Opinion in Clinical Nutrition & Metabolic Care*, 2 (4), 303-306.
27. Kussmann, M., Affolter, M. (2009.): Proteomics at the center of nutrigenomics: comprehensive molecular understanding of dietary health effects. *Nutrition*, 25 (11), 1085-1093.
28. Kussmann, M., Raymond, F., Affolter, M. (2006.): OMICS-driven biomarker discovery in nutrition and health. *Journal of biotechnology*, 124(4), 758-787.
29. Kussmann, M., Rezzi, S., Daniel, H. (2008.): Profiling techniques in nutrition and health research. *Current opinion in biotechnology*, 19 (2), 83-99.
30. Li, C. (2011.): Personalized medicine—the promised land: are we there yet?. *Clinical genetics*, 79 (5), 403-412.
31. Lundeen, T. (2008.): Nutrigenomics speeds, *Nutrition & Health: Dairy, Feedstuffs*, 10.
32. Müller, M., Kersten, S. (2003.): Nutrigenomics: goals and strategies. *Nature Reviews Genetics*, 4 (4), 315-322.
33. Naji, T. A., Amadou, I., Zhao, R. Y., Tang, X., Shi, Y. H., & Le, G. W. (2014.): Effects of phytosterol in feed on growth and related gene expression in muscles of broiler chickens. *Tropical Journal of Pharmaceutical Research*, 13 (1), 9-16.
34. Nie, C. X., Zhang, W. J., Wang, Y. Q., Liu, Y. F., Ge, W. X., & Liu, J. C. (2015.): Tissue lipid metabolism and hepatic metabolomic profiling in response to supplementation of fermented cottonseed meal in the diets of broiler chickens. *Journal of Zhejiang University Science B*, 16 (6), 447-455.
35. Sertić, J. (2008): Nutrigenomika - geni, proteini i metaboliti (Nutrigenomics - genes, proteins and metabolites), 3. hrvatski kongres o debljini s međunarodnim sudjelovanjem, Opatija, Hrvatska.
36. Spielbauer, B., & Stahl, F. (2005). Impact of microarray technology in nutrition and food research. *Molecular nutrition & food research*, 49 (10), 908-917.
37. Wang, F. R., Dong, X. F., Zhang, X. M., Tong, J. M., Xie, Z. G., & Zhang, Q. (2010.): Effects of dietary taurine on egg production, egg quality and cholesterol levels in Japanese quail. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 90 (15), 2660-2663.
38. Wu, J. Y., Reaves, S. K., Wang, Y. R., Wu, Y., Lei, P. P., & Lei, K. Y. (1998.): Zinc deficiency decreases plasma level and hepatic mRNA abundance of apolipoprotein AI in rats and hamsters. *American Journal of Physiology-Cell Physiology*, 275 (6), C1516-C1525.
39. Yan, X. H. (2015.): Molecular nutrition: basic understanding of the digestion, absorption, and metabolism of nutrients. *Journal of Zhejiang University SCIENCE B*, 16 (6), 413-416.
40. Zduńczyk, Z., Jankowski, J., Juśkiewicz, J., Mikulski, D. and Slominski, B. A. (2013.): Effect of different dietary levels of low-glucosinolate rapeseed (canola) meal and non-starch polysaccharide-degrading enzymes on growth performance and gut physiology of growing turkeys. *Can. J. Anim. Sci.* 93: 353–362.
41. Zduńczyk, Z., Pareek, Ch. S. (2009.): Application of nutrigenomics tools in animal feeding and nutritional research, *Journal of Animal and Feed Sciences*, 18, 3–16.

SUMMARY

By development of molecular biology, biotechnology, bioinformatics and mapping of poultry genome, it is possible to research on the influence of feed on poultry organism on molecular level. Also, it is possible that research on one gene and its products expands on all genes, proteins and metabolites, with the purpose of getting data which could be connected with other biological elements present in particular organism. The aim of this paper was to show how nutrigenomics can influence more efficiently the quality of meat and eggs in poultry production. Nutrigenomics is a two-way interaction of certain genes and specific nutrients which can change gene expression, and finally enzyme transcription or some other protein. In genetics gene expression is the basic level where genotype has an impact on phenotype, whereas nutrition represents key point which influences health condition and reproduction capability in poultry. Nutrigenomics provides an insight in to basic metabolic mechanisms which control poultry metabolism. Progress of nutrigenomics is important for various meaningful aspects in poultry as swich production, health and welfare. The aim of nutrigenomics is to determine the effects of regular feed compounds on poultry genome and connect various phenotypes with differences on cellular and genetic level.

Keywords: nutrigenomics, nutrition, production, quality in poultry meat and eggs