

STRESZCZENIE

Wśród grupy peptydów kationowych można wyróżnić katelicydyny, które należą do peptydów przeciwdrobnoustrojowych (AMP). Występują one u wielu kręgowców, u których odgrywają znaczącą rolę w układzie odpornościowym. U bydła wyróżnia się 7 katelicydyn, które są kodowane przez 7 różnych genów. Katelicydyny ze względu na swoje właściwości przeciwbakteryjne, przeciwwirusowe i przeciwgrzybiczne oraz fakt występowania między innymi w gruczole mlekowym mogą stanowić grupę peptydów istotnych w profilaktyce jak i wspomagania układu odpornościowego organizmu podczas zapalenia wymienia. Występowanie różnic już na poziomie DNA określane jest mianem polimorfizmu, a zmiany te są wynikiem procesów molekularnych, w tym mutacji, które w toku ewolucji jak i przystosowywania się do zmieniającego się środowiska mogą się utrzymywać lub zanikać. Poszukiwanie polimorfizmów, które mogą wpływać na kształtowanie się cech użytkowości oraz być wykorzystywane w ulepszaniu programów selekcji hodowlanej zwierząt wspomaganymi markerami jest zagadnieniem, które warto podejmować.

Głównym celem pracy była analiza polimorfizmów występujących w obrębie genów *CATHL2*, *CATHL3*, *CATHL5*, *CATHL6* i *CATHL7* u bydła mlecznego rasy polskiej holsztyńsko-fryzyjskiej odmiany czarno-białej oraz ustalenie potencjalnych zależności pomiędzy genotypami analizowanych fragmentów genów a cechami użytkowości bydła mlecznego.

Badaniami objęto krowy rasy holsztyńsko-fryzyjskiej odmiany czarno-białej, od których pobierano krew obwodową w celu izolacji DNA. Zaprojektowano eksperymenty dla 13 miejsc polimorficznych, a w przypadku oznaczenia 12 polimorfizmów, podczas projektowania starterów wykorzystano metodę ACSRS w celu wykreowania miejsca cięcia dla enzymu restrykcyjnego. Przeprowadzono badania wykorzystując metodę PCR-RFLP, dzięki której poddano analizie polimorfizmy znajdujące się w obrębie genów kodujących katelicydyny. Uzyskane produkty trawiono enzymami restrykcyjnymi. Uzyskane rezultaty badań poddano analizie statystycznej, dzięki której zaobserwowano występujące zależności pomiędzy uzyskanymi genotypami a wybranymi parametrami użytkowości mlecznej, takimi jak: wydajność mleczna, zawartości: białka, tłuszczu i laktozy w mleku oraz liczbę komórek somatycznych. Ponadto dla polimorfizmu *CATHL2/MseI* przeprowadzono porównanie pomiędzy uzyskanymi genotypami a wybranymi wskaźnikami rozrodu: okres

międzywycieleniowy, okres międzyciążowy, długość ciąży, długość okresu zasuszania, okres spoczynku poporodowego, okres usługi inseminacyjnej oraz indeks inseminacyjny.

W przeprowadzonych badaniach uzyskano wyniki, które we wszystkich badanych polimorfizmach potwierdziły występowanie trzech genotypów. Uzyskano wyniki badań, które potwierdziły występowanie statystycznie istotnych różnic pomiędzy polimorfizmami a wybranymi parametrami ($P \leq 0,01$, $P \leq 0,05$).

Najwyższa wydajność mleczna była obserwowana u krów o poszczególnych genotypach: *CATHL2/MseI* – GA, *CATHL2/HhaI* – TT, *CATHL3/HinfI* – GG, *CATHL6/TspRI* – GG, *CATHL6/RsaI* – GG, *CATHL7/HinfI* – CC.

W przypadku najwyższej zawartości białka, była obserwowana u krów o genotypach: *CATHL2/MseI* – AA, *CATHL2/DdeI* – AT, *CATHL3/TspRI* – GG, *CATHL3/NlaIII* – CC, *CATHL3/HinfI* – GC, *CATHL6/TspRI* – TT, *CATHL6/RsaI* – CC, *CATHL7/HhaI* – CC, *CATHL7/HinfI* – CC.

Na podstawie wyników uzyskanych dla zawartości tłuszczu w mleku, można było zaobserwować jego najwyższe wartości u krów o genotypach: *CATHL2/MseI* – AA, *CATHL2/DdeI* – AA, *CATHL2/RsaI* – GG, *CATHL5/TaqI* – AA, *CATHL6/TspRI* – TT, *CATHL7/HhaI* – CC.

Dla zawartości laktozy w mleku, uzyskano najwyższe wyniki u krów o genotypach: *CATHL2/HhaI* – CC, *CATHL2/DdeI* – AA, *CATHL2/RsaI* – CC, *CATHL3/TspRI* – GC, *CATHL3/NlaIII* – CC, *CATHL6/DraI* – TT, *CATHL7/HhaI* – CC, *CATHL7/HinfI* – CC.

Najniższą liczbę komórek somatycznych w mleku zaobserwowano u krów o genotypach: *CATHL2/MseI* – GA, *CATHL2/HhaI* – TC, *CATHL2/RsaI* – GC, *CATHL6/TspRI* – GT, *CATHL6/RsaI* – GG, *CATHL7/HhaI* – CC.

Podsumowując, w badaniach zaobserwowano również tendencję do uzyskiwania najniższej liczby komórek somatycznych w mleku od krów heterozygotycznych. Jednocześnie można było zaobserwować, że krowy o genotypach heterozygotycznych cechowały się wysoką wydajnością mleka o wysokiej zawartości białka, tłuszczu i laktozy.

01.06.2023

Sonia 