

## Streszczenie/Abstract

**Wprowadzenie:** *Mastitis* to stan zapalny gruczołu mlekowego, który może występować w formie łatwo dostrzegalnych „gołym” okiem objawów klinicznych, jak i subklinicznej postaci diagnozowanej za pomocą pośrednich wskaźników, np. liczby komórek somatycznych w mleku. Choroba jest wywoływana przez drobnoustroje (bakterie, wirusy, grzyby), których obecność w tkankach wymienia krwi wywołuje stan zapalny. Zaobserwowano genetyczne różnice w podatności/odporności na chorobę wśród bydła. Podatność czy odporność na *mastitis* jest cechą wielogenową, której sposób dziedziczenia jest skomplikowany do prześledzenia ze względu na istnienie nieaddytywnych oddziaływań między genami oraz interakcji pomiędzy środowiskiem a genami. Programy hodowlane, mające na celu ograniczenie zachorowalności na *mastitis*, wykorzystuje genetyczne różnice w podatności/odporności na chorobę do poszukiwania markerów genetycznych związanych z zapaleniem gruczołu mlecznego.

W niniejszej pracy zostały przeanalizowane polimorfizmy genów, których produkty związane są z procesem autofagii (*CTSD*, *PRKCQ*, *SH3GLB1*, *BCL2* i *ATG14*). Autofagia jest ważnym procesem, niezbędnym do regulacji odpowiedzi immunologicznej (swoistej i nieswoistej) na infekcje i dlatego można przypuszczać, że polimorfizmy zlokalizowane w genach, których produkty uczestniczą w tym procesie, mogą być związane z odpornością czy podatnością na *mastitis*. Ponadto, w pracy zostały oszacowane efekty nieaddytywne badanych genów, a także prześledzono efekty poszczególnych genów, w zależności od których poziom ekspresji może być zależny od stanu fizjologicznego zwierzęcia.

**Cel:** Celem pracy było poszukiwanie asocjacji pomiędzy polimorficznymi wariantami genów *CTSD*, *PRKCQ*, *SH3GLB1*, *BCL2* i *ATG14* a odpornością na *mastitis* u krów mlecznych rasy holsztyńsko-fryzyjskiej odmiany czarno-białej. oraz oszacowanie ewentualnych efektów nieaddytywnych między badanymi genami oraz zmienności efektów genów w zależności od czynników środowiskowych.

**Materiał i metody:** Materiał do badań stanowiła krew obwodowa pobrana od 745 krów, z której wyizolowano DNA i analizowano za pomocą PCR. Zwierzęta były hodowane w identycznych warunkach środowiska. Badane krowy podlegały kontroli użyteczności mlecznej metodą A4. Analiza statystyczna wyników badań została przeprowadzona dla poszczególnych stadiów laktacji (I, II, III), kolejnych laktacji (I, II, III, IV, V i VI) i