

## STRESZCZENIE

Jednym z ważniejszych i najbardziej rozpowszechnionych problemów, z którym borykają się hodowcy bydła mlecznego, są infekcje wymienia. *Mastitis*, definiowane jako zapalenie gruczołu mlekowego, jest jednostką chorobową, której zróżnicowane podłoże, nasilenie i wpływ na stan fizjologiczny zwierzęcia zależą od środowiska, czynnika chorobotwórczego i organizmu gospodarza. Mleko z zainfekowanych ćwiartek wymienia jest niezdatne do konsumpcji, co niejednokrotnie prowadzi do dużych strat finansowych ponoszonych przez przemysł mleczarski. Jedną z dróg ograniczenia występowania *mastitis* jest wykorzystanie w pracy hodowlanej różnic w genetycznych skłonnościach do tego schorzenia. Cały czas trwają badania nad poszukiwaniem genów markerowych powiązanych z występowaniem *mastitis*. Polimorfizmy pojedynczego nukleotydu (SNP) w genach związanych z odpowiedzią immunologiczną, mogą być takim użytecznym markerem we wczesnym wykrywaniu przypadków *mastitis* u bydła mlecznego.

Celem niniejszej pracy było odnalezienie związków pomiędzy odpornością/podatnością na *mastitis* (wyrażoną jako liczba komórek somatycznych SCC w mleku), dobową wydajnością mleczną oraz procentową zawartością białka i tłuszczu w mleku a genetycznymi wariantami genów zaangażowanych w procesy immunologiczne – *microRNA2467*, *microRNA2313*, *microRNA2489*, *microRNA29b-2* i *microRNA29e*.

Badaniami objęto stado liczące 644 krowy rasy polskiej holsztyńsko-fryzyjskiej odmiany czarno-białej. W pracy zostały zebrane wyniki z 22 292 próbnych udojów, pochodzące z dokumentacji hodowlanej i dotyczące dobowej wydajności mlecznej, procentowej zawartości białka i tłuszczu oraz liczby komórek somatycznych SCC. Od wszystkich badanych zwierząt została pobrana krew obwodowa, następnie wyizolowano genomowe DNA. Polimorfizm badanych genów *microRNA* – *microRNA2467*, *microRNA2313*, *microRNA2489*, *microRNA29b-2* i *microRNA29e* – identyfikowany był metodą PCR – RFLP. Badane krowy były w laktacji od pierwszej do ósmej. Analizy przeprowadzono osobno dla każdej laktacji, jedynie ze względu na stosunkową małą liczebność w późniejszych laktacjach połączono laktacje 6., 7. i 8. w jedną klasę. Efekty wybranych genów były badane także w trzech kolejnych stadiach laktacji. Ponadto, w badanych próbkach mleka przyjęto trzy klasy wartości poziomu komórek somatycznych: krowy zdrowe  $SCC \leq 200$  tys/ml, stan podkliniczny  $200 < SCC \leq 400$  tys/ml i krowy chore  $SCC > 400$  tys/ml. Podział ten zastosowano ze względu na możliwość występowania odmiennych efektów badanych genów w różnych stanach fizjologicznych.

Uzyskane wyniki zostały opracowane i poddane analizie statystycznej. Określona została struktura genetyczna badanej populacji, tj. frekwencje alleli i genotypów analizowanych genów. Analiza statystyczna uzyskanych wyników objęła także poszukiwania asocjacji pomiędzy klinicznymi przypadkami infekcji a polimorfizmem wytypowanych genów. Modelowanie cech, przeprowadzone z zastosowaniem efektów dominacyjnych oraz efektów epistazy pomiędzy genami, obejmowało 4 kombinacje interakcji (addytywny – addytywny, addytywny – dominujący, dominujący – addytywny, dominujący – dominujący). Efekty były badane w zależności od czynników takich jak kolejna laktacja, stadium laktacji i liczba komórek somatycznych SCC.

W wyniku przeprowadzonej analizy w badanej grupie krów zidentyfikowano polimorficzne warianty genów *microRNA2313* i *microRNA2467* oraz stwierdzono monomorfizm w *microRNA2489*, *microRNA29b-2* i *microRNA29e*. W pracy dowiedziono, że istnieją statystycznie istotne związki pomiędzy polimorfizmem wybranych genów *microRNA2313* i *microRNA2467* a odpornością/podatnością na *mastitis* wyrażoną jako liczba komórek somatycznych w mleku. Co ważne, przeprowadzona analiza wykazała istnienie efektów dominacyjnych oraz interakcji pomiędzy genetycznymi wariantami wytypowanych genów w kształtowaniu zmienności liczby komórek somatycznych w mleku w badanej populacji krów oraz wykazała, że efekty dominacyjne i interakcyjne badanych alleli stanowią ważny element pozwalający kompleksowo ocenić całkowity efekt allelu.

Dokonano szczegółowej analizy asocjacji pomiędzy allelami wybranych genów a liczbą komórek somatycznych w mleku w kolejnych laktacjach, w wybranych stadiach laktacji oraz klasach SCC, jednak na tym etapie badań trudno jednoznacznie, na podstawie uzyskanych wyników, wytypować geny markerowe, których polimorfizm mógłby stanowić podstawę do prowadzenia selekcji mającej na celu ograniczenie występowania *mastitis*, nie zmniejszając jednocześnie wydajności mlecznej i koncentracji zawartych w mleku składników takich jak tłuszcz czy białko. Nadzieje budzi jednak dominacyjny efekt allelu T genu *microRNA2467*, który w każdej laktacji związany był z niższą zawartością SCC w mleku. Wydaje się więc, że selekcja skoncentrowana na zwiększeniu frekwencji allelu T *microRNA2467* mogłaby przynieść zadawalające rezultaty pod kątem obniżenia zawartości SCC w mleku u krów rasy holsztyńsko- fryzyjskiej.

12.04.2023.

Kaja Prüffer