

Zmienność w sekwencji kodującej genu Kinazy Janusowej 2 (*JAK2*) w powiązaniu z cechami użytkowości mięsnej i parametrami rozrodu wybranych ras bydła i owiec

Streszczenie

Postęp hodowlany zwierząt gospodarskich opiera się o doskonalenie osobników w kolejno następujących po sobie pokoleniach. Ważnym elementem hodowli jest selekcja prowadząca do utrwalenia i udoskonalenia cech o wartości użytkowej. Obok doboru opartego na fenotypach, odkrycia genetyki molekularnej pozwoliły na udoskonalenie hodowli pod względem pożądaných genotypów. Dlatego też istnieje potrzeba poszukiwania i identyfikacji genów, których zmienność może mieć bezpośredni lub pośredni związek z cechami użytkowymi owiec i bydła utrzymywanych w kierunku mięsnym.

Kinaza Janusowa zalicza się do grupy białkowych kinaz tyrozynowych (PTK), biorących udział w katalizowaniu fosforylacji białek oraz determinujących szlaki sygnałowe pochodzące z różnych cytokin (m.in. hormon wzrostu, erytropoetyna, interleukina, interferon). Wraz z innymi genami tworzy oś somatotropową, w której to polimorfizmy są bezpośrednio i pośrednio związane z fenotypem, głównie w odniesieniu do składu i syntezy mleka, właściwości prozdrowotnych mięsa i tuszy oraz czynności rozrodczych.

Celem badań była walidacja i poszukiwanie nowych miejsc polimorficznych w genie *JAK2* u bydła i owiec, następnie określenie częstości występowania alleli i genotypów zidentyfikowanych miejsc polimorficznych w *JAK2*, oraz oszacowanie ewentualnego związku pomiędzy wybranymi wariantami genetycznymi, a cechami użytkowości mięsnej oraz niektórymi parametrami kształtującymi użytkowość rozrodczą bydła i owiec.

Za pomocą metod biologii molekularnej (PCR, sekwencjonowanie Sangera, PCR-RFLP, PCR-ACRS), analizowano łącznie 6 miejsc polimorficznych, tj. 3 u bydła (eksony 16, 20 i 23) i 3 u owiec (dwa w eksonie 6 i jedno w 24). Następnie dokonano analiz asocjacyjnych z wybranymi cechami użytkowości mięsnej i rozrodczej.

W pierwszej pracy [D-1], analizowano polimorfizm w eksonie 20 (rs110298451) genu *JAK2* u trzech ras bydła mięsnego: angus, hereford i limousin w zależności od cech związanych z mięsnością. W przypadku rasy limousin najkorzystniejsze cechy odnotowano u osobników z genotypem *AA*, tj. większą masę urodzeniową, większe średnie przyrosty dobowe oraz

większą masą ciała w 210 dniu odchowu w porównaniu z osobnikami o genotypie *GG*. Odmienne wyniki uzyskano dla rasy hereford, u której genotyp *GG* decydował o największej masie urodzeniowej, przyrostach dziennych i masie ciała przy odsadzeniu w porównaniu z osobnikami o genotypie *AA*. U krów rasy angus heterozygoty charakteryzowały się największymi masami ciała i przyrostami dobowymi.

Zsekwencjonowanie prób PCR w pracy **D-2** pozwoliło na walidację istniejących miejsc polimorficznych w owczym genie *JAK2*. W przypadku pierwszego miejsca polimorficznego (rs160146162) zlokalizowanego w eksonie 6, genotyp *AA* występował rzadko u rasy pomorskiej (15%), natomiast u rasy suffolk nie został zidentyfikowany. Genotyp *GG* identyfikowano najczęściej u rasy suffolk, natomiast u rasy pomorskiej najczęściej występowały osobniki heterozygotyczne. W drugim miejscu polimorficznym (rs160146160), również zlokalizowanym w eksonie 6 u obu ras najczęściej identyfikowano genotyp *AG*, a najrzadziej *GG*. W przypadku trzeciego miejsca polimorficznego (rs429445187), zlokalizowanego w intronie 24 odnotowano największy udział heterozygot.

Trzecia publikacja [**D-3**] była rozszerzeniem oraz podsumowaniem wcześniejszych prac. Krowy rasy hereford i limousin o genotypie *AA* (e16/*RsaI*) i *AA* (e23/*HaeIII*) cechowały się najwyższą masą ciała i lepszymi przyrostami dobowymi ($P \leq 0,05$). W przypadku owiec, niezależnie od rasy, w badanych okresach największe masy ciała i przyrosty dobowe charakteryzowały osobniki o genotypach *AA* (e6/*EarI*), *GG* (e6/*seq*) i *AA* (e24/*Hpy188III*) ($P \leq 0,01$). Te same osobniki rasy pomorskiej cechowały się również lepszą płodnością oraz przeżywalnością jagniąt ($P \leq 0,01$).

Przeprowadzone badania w pracy doktorskiej są pierwszymi analizami asocjacyjnymi dla wszystkich miejsc polimorficznych zidentyfikowanych w części kodującej genu *JAK2*. Polimorfizmy pojedynczych nukleotydów w genie *JAK2* mogą służyć jako markery genetyczne cech wzrostu i rozwoju oraz wybranych cech rozrodczych u przeżuwaczy, pod warunkiem, że w przyszłości badanie te zostaną rozszerzone o inne stada, jak również rasy i zostaną przeprowadzone dodatkowo analizy w układach haplotypów i/lub genotypów kombinowanych.

Nicda Oster 5.10.2023r.