

## STRESZCZENIE

Niski poziom cech rozrodczych oraz inne zaburzenia reprodukcyjne krów są jednym z najistotniejszych problemów hodowców bydła mlecznego. Przyczyny powyższego zjawiska, stanowiącego jedną z cech funkcjonalnych bydła, mają charakter wieloczynnikowy i obejmują zarówno aspekty środowiskowe, jak i genetyczne. Ich poznanie pod kątem związku z potencjałem rozrodczym może w przyszłości poprawić rentowność systemu produkcyjnego, dlatego też celowe jest poszukiwanie genów, których produkty białkowe mogą warunkować zmienność omawianych cech, a także molekularnych mechanizmów, mogących tę zmienność tłumaczyć. W tym kontekście analiza wariantów polimorficznych genów *IGF-1* (*Insulin-like growth factor-1*), *JY-1* (*Oocyte-specific gene*) i *ER-1* (*Estrogen receptor 1*) w powiązaniu z cechami reprodukcyjnymi krów należy uznać za w pełni uzasadnione po pierwsze z powodu ich biologicznej roli w regulacji procesów rozrodczych u samic, a po drugie z uwagi na charakter molekularnego mechanizmu, hipotetycznie wskazującego na determinację ilości i zmienności kodowanych białek.

**Cel pracy.** Celem prowadzonych badań u krów ras jersey i Hf odmiany czarno – białej jest analiza ewentualnego związku między wariantami polimorficznymi w regionach regulatorowych genów *IGF-1*, *JY-1* i *ER-1* a wybranymi cechami rozrodczymi, takimi jak wiek pierwszego wycielenia, okres między wycieleniem a pierwszym zabiegiem inseminacji, okres międzywycieleniowy, okres międzyciążowy, długość ciąży, skuteczność zapłodnienia, masa cielęcia.

### Hipotezy badawcze:

1. Występowanie zmienności w obszarze regulatorowym genu *IGF-1* (GenBank: AF017143) może kreować lub znosić potencjalne miejsca wiązania dla czynników transkrypcyjnych, przekładające się na poziom ekspresji *IGF-1*. Zważywszy na biologiczną rolę tego białka w regulacji funkcji rozrodczych, uzasadniona wydaje się hipoteza, że będzie to miało związek z poziomem cech reprodukcyjnych krów.
2. Zmienność sekwencyjna w obszarze 3'UTR genu *JY-1* (GenBank: JF262042.2) może potencjalnie wpływać na stabilność mRNA *JY-1*, wiązanie z białkami wspomagającymi jego transport do cytoplazmy oraz wydajność translacji. Można zatem założyć, iż



powyższe procesy mogą mieć związek z ekspresją białka JY-1 oraz funkcjami rozrodczymi krów.

3. Zmiany sekwencyjne w regionie promotorowym genu *ERI* (GenBank: AY340597) mogą mieć związek z poziomem ekspresji receptora dla estrogenów, a tym samym kształtować poziom cech rozrodczych krów.

**Material i metody.** Badaniami objęto łącznie 991 osobników, w tym: 758 krów rasy polskiej holsztyńsko-fryzyjskiej odmiany czarno-białej (woj. zachodniopomorskie) oraz 233 krowy rasy jersey (woj. wielkopolskie). Do izolacji genomowego DNA z krwi obwodowej wykorzystano komercyjny zestaw MasterPure™ DNA Purification Kit for Blood. Do genotypowania wybranych genów zastosowano techniki PCR-RFLP i ACRS-RFLP. Analiza statystyczna otrzymanych wyników przeprowadzana została przy użyciu oprogramowania Statistica 10.0 (StatSoft) na licencji akademickiej. Cechy rozrodcze dla poszczególnych ras analizowane były według określonego modelu liniowego.

**Wyniki.** Uzyskane frekwencje wariantów polimorficznych analizowanych genów pokazują, iż występuje zmienność *IGF-1/SnaBI*, *ER-1/BglII* oraz w mniejszym stopniu *JY-1/BsrI*, bowiem w odniesieniu do badanego polimorfizmu krowy rasy jersey wykazały monomorfizm.

**Wnioski.** Wykazanie zmienności w obrębie analizowanych genów pozwoliło poznać przyczyny międzyrasowych różnic w kontekście występowania określonego poziomu cech rozrodczych, jak również poszerzyć wiedzę dotyczącą genetycznych mechanizmów kontroli cech reprodukcyjnych bydła

17.09.2019r., Sara Tabor - Osińska