

mgr inż. Oliwia Duszyńska-Stolarska

„Analiza wpływu polimorfizmu genów osi somatotropowej w odniesieniu do wybranych cech użytkowości mlecznej krów.”

Streszczenie

Celem pracy było ustalenie czy polimorfizm genów *PIT-1/HinfI*, *GHRH/BsuRI*, *GH/AluI*, *IGF-1/Eco105I* wpływają na wartości cech mleczności. Analizie podlegały takie cechy jak : średnia dobową wydajność, procentowa zawartość tłuszczu, białka, laktozy, suchej masy oraz zawartość mocznika i liczba komórek somatycznych. Powyższe cechy były analizowane w zależności od następujących czynników : kolejności laktacji oraz systemu utrzymania.

Analizą objęto 295 krów rasy holsztyńsko-fryzyjskiej odmiany czarno-białej. Zwierzęta pochodziły z dwóch stad o różnym systemie utrzymania. Pierwsze stado utrzymywane było w systemie z dostępem do wybiegu, drugie stado utrzymywane było alkierzowo. Dane analizowane dotyczące użytkowości badanych zwierząt pochodziły z dokumentacji hodowlanej prowadzonej przez gospodarstwa. Do badań molekularnych wykorzystano krew z której wyizolowano DNA. Następnie wykorzystując metodę PCR materiał genetyczny został zamplifikowany. Polimorfizm genetyczny został zanalizowany dzięki metodzie RFLP dla poszczególnych genów.

Stwierdzono iż wysoką średnią dobową wydajnością w obu systemach utrzymania charakteryzowały się osobniki heterozygotyczne w przypadku genu *PIT-1/HinfI*. W pierwszym systemie utrzymania mleko pozyskane od osobników heterozygotycznych charakteryzowało się niskim procentowym poziomem tłuszczu oraz wysoką zawartością laktozy. Natomiast w drugim systemie utrzymania krowy homozygotyczne AA wytwarzały mleko o wysokiej zawartości białka, tłuszczu i laktozy.

Wykazano iż w przypadku genu *GHRH/BsuRI* wysoka średnia dobową wydajność mleczna charakteryzowała osobniki o genotypie *BB* w pierwszym stadzie i *AB* w drugim. Natomiast w przypadku systemu utrzymania alkierzowego osobniki o genotypie *AA* wytwarzały mleko o wysokiej

zawartości białka, laktozy oraz niskiej zawartości tłuszczu. Podobnie w drugim systemie utrzymania osobniki o genotypie *AA* produkowały mleko o wysokiej zawartości : białka, tłuszczu i laktozy.

Stwierdzono iż najkorzystniejszym wariantem genetycznym związanym z wysoką średnią dobową wydajnością w przypadku genu *GH/AluI* były osobniki homozygotyczne *BB* w obu stadach. Natomiast mleko o wysokiej zawartości tłuszczu i białka pozyskiwano od osobników heterozygotycznych.

Wykazano iż w przypadku genu *IGF-1/Eco105I* najwyższą średnią dobową wydajność osiągnęły krowy heterozygotyczne. Natomiast wysoką zawartość tłuszczu i białka zaobserwowano w mleku osobników o genotypie *BB* w pierwszym stadzie. W drugim systemie utrzymania krowy o genotypie *AA* wytwarzały mleko o wysokiej zawartości tłuszczu i białka.

W przypadku różnych systemów utrzymania odmienne genotypy kształtują korzystne wartości analizowanych cech. Dalsze prace pozwalające na lepsze poznanie genetycznych uwarunkowań cech związanych z mlecznością pozwolą przypieszyć postęp hodowlany. Konsekwencją tych działań jest możliwość produkcji znacznych ilości mleka o najbardziej porządanym składzie chemicznym.

8. Summary

The aim of the study was to determine whether *PIT-1/HinfI*, *GHRH/BsuRI*, *GH/AluI*, *IGF-1/Eco105I* gene polymorphism influences the value of milk traits. The analyzes were as follows: mean daily yield, percentage of fat, protein, lactose, dry matter and urea content and number of somatic cells. The above characteristics were analyzed according to the following factors: lactation order and maintenance system.

The analysis covered 295 Holstein-Friesian black-and-white cows. Animals came from two herds with different maintenance systems. The first herd was kept in a system with access to the runway, the second herd was kept aloof. Data on the performance of the examined animals came from the farm documentation available on the farms. Molecular studies used blood from which DNA was isolated. Then, using the PCR method, the genetic material was amplified. Genetic polymorphism was analyzed by RFLP for individual genes.

It was found that the high average daily yield in both maintenance systems was marked by heterozygous individuals in the *PIT-1/HinfI* gene. In the first maintenance system, the milk obtained from heterozygous individuals was

characterized by a low percentage of fat and a high content of lactose. In the second system of maintenance of *AA* homozygous cows produced milk with high protein content, fat and lactose.

GHRH / BsuRI gene has been shown to have high average daily milk yields in *BB* in the first flock and *AB* in the second flock. In the case of the maintenance system, individuals with *AA* genotype produced high-protein, and low-fat milk. Similarly, in the second maintenance system, individuals with *AA* genotype produced high milk content: protein, fat and lactose.

It was found that the most preferred genetic variant associated with high average daily yields for the *GH/AluI* gene was the *BB* homozygous in both herds. On the other hand, milk with high fat content and protein was obtained from heterozygous cows.

It was shown that for the *IGF-1/Eco105I* gene, heterozygous cows had the highest average daily yield. In contrast, the high fat and protein content was observed in the milk of the *BB* genotype in the first herd. In the second maintenance system, cows with *AA* genotype produced high fat and protein milk.

For different maintenance systems, different genotypes trend the beneficial values of the analyzed features. Further research to better understand the genetic determinants of conditions trials will help to advance the breeding progress. The consequence of these research is the ability to produce large quantities of milk with the best quality.