

UNIwersytet
Technologiczno-Przyrodniczy
Im. Jana i Jędrzeja Śniadeckich
w Bydgoszczy



Wydział Hodowli
i Biologii Zwierząt



ROZPRAWA DOKTORSKA

mgr inż. Oliwia Duszyńska-Stolarska

ANALIZA WPŁYWU POLIMORFIZMU GENÓW
OSI SOMATOTROPOWEJ W ODNIESIENIU
DO WYBRANYCH CECH
UŻYTKOWOŚCI MLECZNEJ KRÓW

PROMOTOR

DR HAB. INŻ. MARIA BOGDZIŃSKA, PROF. NADZW. UTP

PROMOTOR POMOCNICZY

DR INŻ. BEATA SITKOWSKA

BYDGOSZCZ
2017

Praca powstała przy wsparciu projektu
„Realizacja II etapu Regionalnego Centrum Innowacyjności”
współfinansowanego ze środków Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego
w ramach Regionalnego Programu Operacyjnego
Województwa Kujawsko-Pomorskiego na lata 2007-2013

Składam serdeczne podziękowania:

- ☞ Promotorowi Pani *Dr hab. inż. Marii Bogdzińskiej, prof. UTP*
- ☞ Promotorowi pomocniczemu Pani *dr inż. Beacie Sitkowskiej*

za cenne uwagi merytoryczne, sugestie, poświęcony czas,
cierpliwość, zaangażowanie,
a przede wszystkim za wiarę w młodych naukowców.

Wyrazy wdzięczności składam również na ręce Mileny
Kilichowskiej oraz Artura Mazurowskiego, których nieoceniona
pomoc pozwoliła na powstanie niniejszej pracy.

Spis treści

1. Wprowadzenie	9
2. Przegląd literatury	11
2.1. Wpływ czynników środowiskowych na kształtowanie wydajności mlecznej i składu chemicznego mleka	11
2.1.1. Rasa.....	11
2.1.2. System utrzymania	12
2.1.3. Kolejna laktacja	12
2.1.4. Żywnienie	13
2.2. Wpływ czynników genetycznych na kształtowanie wydajności mlecznej i składu chemicznego mleka	14
2.2.1. Polimorfizm DNA	14
2.2.2. Wpływ genów osi somatotropowej na kształtowanie wydajności mlecznej oraz kształtowanie składu chemicznego	14
2.2.3. Wpływ hormonu wzrostu na wydajność mleczną oraz skład chemiczny mleka.....	16
2.2.3.1. Wpływ polimorfizmu genu hormonu wzrostu na wydajność mleczną oraz skład chemiczny mleka	18
2.2.4. Wpływ somatoliberyny (GHRH) na wydajność mleczną oraz skład chemiczny mleka	22
2.2.4.1. Wpływ polimorfizmu genu somatoliberyny na wydajność mleczną oraz skład chemiczny mleka	22
2.2.5. Wpływ przysadkowego czynnika transkrypcyjnego (PIT-1) na wydajność mleczną skład chemiczny mleka	25
2.2.5.1. Wpływ polimorfizmu genu <i>PIT-1</i> na wydajność mleczną oraz skład chemiczny mleka.....	25
2.2.6. Wpływ insulinopodobnego czynnika hormonu wzrostu IGF-1 (somatomedyny) na wydajność mleczną oraz skład chemiczny mleka	27
2.2.6.1. Wpływ polimorfizmu genu <i>IGF-1</i> na wydajność mleczną oraz skład chemiczny mleka	29
2.3. Cel pracy.....	31
3. Materiał i metody	32
3.1. Materiał zwierzęcy	32
3.2. Badania molekularne	33
3.2.1. Izolacja DNA	33
3.2.2. Analiza ilościowa i jakościowa	33
3.3. Reakcja Łańcuchowa Polimerazy	33
3.3.1. Identyfikacja polimorfizmu genu <i>PIT-1/Hinfl</i>	34
3.3.2. Identyfikacja polimorfizmu genu <i>GHRH/BsuRI</i>	34
3.3.3. Identyfikacja polimorfizmu genu <i>GH/AluI</i>	35

3.3.4. Identyfikacja polimorfizmu genu <i>IGF-1/Eco105I</i>	35
3.4. Analiza polimorfizmu genetycznego	36
3.5. Analiza statystyczna	36
4. Wyniki.....	37
4.1. Charakterystyka stad pod względem analizowanych cech z uwzględnieniem kolejnych laktacji	37
4.2. Charakterystyka genetyczna analizowanych stad	40
4.2.1. Polimorfizm <i>PIT-1/HinfI</i>	42
4.2.2. Polimorfizm <i>GHRH/BsuRI</i>	43
4.2.3. Polimorfizm <i>GH/AluI</i>	44
4.2.4. Polimorfizm <i>IGF-1/Eco105I</i>	45
4.3. Polimorfizm genetyczny <i>PIT-1/HinfI</i> , <i>GHRH/BsuRI</i> , <i>GH/AluI</i> , <i>IGF-1/Eco105I</i> a średnia dobowa wydajność mleka	46
4.3.1. Polimorfizm <i>PIT-1/HinfI</i>	46
4.3.2. Polimorfizm <i>GHRH/BsuRI</i>	47
4.3.3. Polimorfizm <i>GH/AluI</i>	51
4.3.4. Polimorfizm <i>IGF-1/Eco105I</i>	52
4.4. Polimorfizm genetyczny <i>PIT-1/HinfI</i> , <i>GHRH/BsuRI</i> , <i>GH/AluI</i> , <i>IGF-1/Eco105I</i> a zawartość tłuszczu w mleku	53
4.4.1. Polimorfizm <i>PIT-1/HinfI</i> , a zawartość tłuszczu w mleku..	53
4.4.2. Polimorfizm <i>GHRH/BsuRI</i> , a zawartość tłuszczu w mleku	56
4.4.3. Polimorfizm <i>GH/AluI</i> , a zawartość tłuszczu w mleku	57
4.4.4. Polimorfizm <i>IGF-1/Eco105I</i> , a zawartość tłuszczu w mleku	58
4.5. Polimorfizm genetyczny <i>PIT-1/HinfI</i> , <i>GHRH/BsuRI</i> , <i>GH/AluI</i> , <i>IGF-1/Eco105I</i> , a zawartość białka w mleku	59
4.5.1. Polimorfizm <i>PIT-1/HinfI</i> a zawartość białka w mleku	59
4.5.2. Polimorfizm <i>GHRH/BsuRI</i> , a zawartość białka w mleku..	61
4.5.3. Polimorfizm <i>GH/AluI</i> , a zawartość białka w mleku	63
4.5.4. Polimorfizm <i>IGF-1/Eco105I</i> , a zawartość białka w mleku	64
4.6. Polimorfizm <i>PIT-1/HinfI</i> , <i>GHRH/BsuRI</i> , <i>GH/AluI</i> , <i>IGF1/Eco105I</i> , a zawartość laktozy w mleku	65
4.6.1. Polimorfizm <i>PIT-1/HinfI</i> , a zawartość laktozy w mleku ...	65
4.6.2. Polimorfizm <i>GHRH/BsuRI</i> , a zawartość laktozy w mleku	67
4.6.3. Polimorfizm <i>GH/AluI</i> , a zawartość laktozy w mleku	69
4.6.4. Polimorfizm <i>IGF-1/Eco105I</i> , a zawartość laktozy w mleku	69
4.7. Polimorfizm genetyczny <i>PIT-1/HinfI</i> , <i>GHRH/BsuRI</i> , <i>GH/AluI</i> , <i>IGF-1/Eco105I</i> , a pozostałe składniki mleka	70
4.7.1. Sucha masa	70
4.7.2. Zawartość mocznika	75
4.7.3. Liczba komórek somatycznych	81

5. Dyskusja	87
5.1. Polimorfizm <i>PIT-1/Hinf</i>	87
5.2. Polimorfizm <i>GHRH/BsuRI</i>	88
5.3. Polimorfizm <i>GH/AluI</i>	89
5.4. Polimorfizm <i>IGF-1/Eco105I</i>	90
5.5. Polimorfizm genetyczny <i>PIT-1/Hinfl</i> , <i>GHRH/BsuRI</i> , <i>GH/AluI</i> , <i>IGF1/Eco105I</i> , a średnia dobowa wydajność mleczna	91
5.5.1. Polimorfizm <i>PIT-1/Hinfl</i> , a średnia dobowa wydajność mleczna	91
5.5.2. Polimorfizm <i>GHRH/BsuRI</i> , a średnia dobowa wydajność mleczna	92
5.5.3. Polimorfizm <i>GH/AluI</i> , a średnia dobowa wydajność mleczna	93
5.5.4. Polimorfizm <i>IGF-1/Eco105I</i> , a średnia dobowa wydajność mleczna	94
5.6. Polimorfizm genetyczny <i>PIT-1/Hinfl</i> , <i>GHRH/BsuRI</i> , <i>GH/AluI</i> , <i>IGF1/Eco105I</i> , a zawartość tłuszczu w mleku	96
5.6.1. Polimorfizm <i>PIT-1/Hinfl</i> , a zawartość tłuszczu w mleku..	96
5.6.2. Polimorfizm <i>GHRH/BsuRI</i> , a zawartość tłuszczu w mleku	97
5.6.3. Polimorfizm <i>GH/AluI</i> , a zawartość tłuszczu w mleku	98
5.6.4. Polimorfizm <i>IGF-1/Eco105I</i> , a zawartość tłuszczu w mleku	99
5.7. Polimorfizm <i>PIT-1/Hinfl</i> , <i>GHRH/BsuRI</i> , <i>GH/AluI</i> , <i>IGF1/Eco105I</i> , a zawartość białka w mleku.....	100
5.7.1. Polimorfizm <i>PIT-1/Hinfl</i> , a zawartość białka w mleku	100
5.7.2. Polimorfizm <i>GHRH/BsuRI</i> , a zawartość białka w mleku..	101
5.7.3. Polimorfizm <i>GH/AluI</i> a zawartość białka w mleku	102
5.7.4. Polimorfizm <i>IGF-1/Eco105I</i> a zawartość białka w mleku	102
5.8. Polimorfizm genetyczny <i>GH/AluI</i> <i>GHRH/ BsuRI</i> <i>PIT-1/Hinfl</i> , <i>IGF-1/Eco 105I</i> , a pozostałe składniki mleka	103
6. Podsumowanie	105
7. Wnioski	107
Literatura	109
Streszczenia	126

1. Wprowadzenie

Produkcja mleka należy do wiodących gałęzi rolnictwa w Polsce [Rudziński 2010]. Stanowi ona około 18 % w strukturze towarowej produkcji zwierzęcej [Olkowska 2010]. Korzystne warunki przyrodnicze oraz długa tradycja chowu bydła predysponuje Polskę do rozwoju tej gałęzi gospodarki.

Bydło mleczne stanowi 96% pogłowia bydła w Polsce [Rudziński 2010]. Dlatego też doskonalenie produkcji mlecznej stanowi główny nurt hodowli bydła. W kręgu zainteresowania hodowców leży nie tylko pozyskiwanie najwyższych wydajności dobowych mleka. Ważnym aspektem jest również kształtowanie wysokiej jakości pozyskiwanego surowca odpowiadającej oczekiwaniom oraz trendom konsumenckim. Ogromne zapotrzebowanie na surowiec o pożądanym składzie skłania do prowadzenia wzmożonej pracy hodowlanej.

Wydajność mleczna oraz poziom składników pokarmowych w mleku należą do kategorii cech ilościowych kontrolowanych wielogenowo. Wartości fenotypowe w przypadku tych cech nie zawsze odzwierciedlają wartości genotypu zwierząt. Nasilenie danej cechy jest warunkowane sumą poszczególnych efektów poligenów. Ich liczba nie jest znana, a w obrębie każdego z nich można wyróżnić allele pomiędzy, którymi zachodzi dziedziczenie pośrednie. Przyjmuje się, iż jeden allel zwiększa wartość cechy natomiast drugi wpływa na cechę neutralnie. Zakłada się również, że pozytywne efekty alleli położone w różnych *loci* sumują się w kształtowaniu fenotypu [Charon, Świtoński 2011]. Ponadto na kształtowanie się wartości danej cechy mają również wpływ czynniki środowiskowe [Krzyżewski i wsp. 1997, Felańczak i wsp. 2002].

Poziom osiąganą wydajności mlecznej jest również konsekwencją dostępności składników pokarmowych oraz interakcji pomiędzy układem hormonalnym oraz czynnikami środowiskowymi. Wysoka wydajność mleczna jest możliwa do uzyskania przez osobniki mające możliwość metabolizowania dużych ilości paszy. Procesy te nie byłyby możliwe gdyby nie działalność układu hormonalnego [Lucy 2008, Berry i wsp. 2015].

Badania licznych autorów podkreślają kluczową rolę hormonu wzrostu w kontrolowaniu procesów metabolicznych powiązanych z wydajnością mleczną. Hormon wzrostu stanowi kluczową część szlaku metabolicznego zwanego osią somatotropową składającą się z m.in : hormonu wzrostu, insulinopodobnego czynnika hormonu wzrostu (IGF-1), przysadkowego czynnika transkrypcyjnego (PIT-1) oraz somatoliberyny (GHRH). Liczne badania wskazują iż poszczególne elementy osi somatotropowej wpływają na wydajność oraz skład chemiczny mleka. Wzmoczone prace badawcze koncentrują się wokół identyfikacji polimorfizmu genów osi somatotropowej

które mogą być skorelowane z pożądanymi wartościami cech wydajności mlecznej oraz poziomu składników pokarmowych w mleku.

Geny osi somatotropowej wpływają osobno oraz wspólnie na kształtowanie badanych cech. Informacje uzyskane w wyniku tych analiz mogą zwiększyć dokładność selekcji oraz zmniejszyć odstęp między pokoleniami, gdyż oznaczenia można wykonać we wczesnym wieku zwierzęcia niezależnie od płci [Kmieć 1998].

Dotychczas wartość hodowlana była oceniana na podstawie wartości fenotypowej zwierzęcia. Fenotyp cechy ilościowej stanowi wartość liczbową w jednostkach pomiaru cechy. Wyniki przeprowadzonych analiz polimorfizmu genów osi somatotropowej mogą wzbogacić programy hodowlane. Niewątpliwie korzystnym aspektem jest również niższy koszt genotypowania w porównaniu z prowadzeniem oceny za pomocą tradycyjnych metod [Żuk i wsp. 2011].

Selekcja genetyczna jest ukierunkowana na wyłonienie osobników o najwyższych wydajnościach mlecznych [Berry i wsp. 2015, Lucy 2008]. Analiza związku procesów biologicznych z ich genetycznymi podstawami może stanowić słuszny kierunek prowadzenia badań [Zhu i Zhao 2007]. Badania genetyczne mają za zadanie wykazać, które z wariantów polimorficznych genów są powiązane z wysokimi wartościami wydajności oraz pożądanymi wartościami składników w mleku [Żuk i wsp. 2011].

Potencjał jaki niesie rozwój genetyki związany z analizą polimorfizmu genów kształtujących cechy produkcyjne stwarza ogromne możliwości wykorzystywania w nowoczesnej hodowli [Blott i wsp. 1998]. Wzbogacenie tradycyjnych metod markerami genetycznymi stanowi innowację będącą narzędziem postępu hodowlanego. Identyfikacja genów, które leżą u podstaw zwiększenia efektywności programów hodowlanych może stanowić skuteczne narzędzie do poprawy produktywności zwierząt. Dzięki analizie markerów genetycznych można prowadzić selekcję tych osobników, które przekażą potomstwu najlepszy zestaw genów mający odzwierciedlenia w pożądanym wartościach cech. Wynikiem takich zabiegów jest powstanie populacji o korzystnych wariantach genotypowych [Blott i wsp. 1998].

W krajowym programie hodowlanym rasy polskiej holsztyńsko-fryzyjskiej głównym celem jest uzyskanie postępu genetycznego w oparciu o selekcję oraz zachowanie zmienności genetycznej w populacji. Zabiegi te powinny gwarantować hodowcom możliwie najwyższą rentowność produkcji [Krajowy program hodowlany].

2. Przegląd literatury

2.1 Wpływ rasy i czynników środowiskowych na kształtowanie wydajności mlecznej i składu chemicznego mleka

2.1.1. Rasa

Rasa jest jednym z czynników wpływających na wydajność mleczną oraz skład chemiczny mleka. W Polsce najpopularniejszą rasą bydła jest rasa holsztyńsko-fryzyjska. Stanowi ona niemalże 90% pogłowia bydła hodowanego w naszym kraju [Rudziński 2010].

Do rasy polskiej holsztyńsko-fryzyjskiej zalicza się zarówno bydło czarno-białe i czerwono-białe pochodzenia krajowego i zagranicznego. Ponadto do rasy wliczamy również potomstwo pochodzące z kojarzenia pomiędzy odmianami barwnymi bydła polskiego holsztyńsko-fryzyjskiego i zagranicznego [Krajowy program hodowlany].

Krowy odmiany czarno-białej (kod HO) charakteryzują się wysoką, na tle innych ras, wydajnością mleczną. Średnia wydajność mleczna oscyluje w granicach 7 950 kg rocznie. Średnia wydajność białka wynosi około 266 kg stanowiąc 3,35 %. Natomiast wydajność tłuszczu stanowi około 324 kg oraz zawartość 4,07% [Krajowy program hodowlany].

Krowy odmiany czerwono-białej charakteryzują się niższą wydajnością mleczną (7183 kg mleka) w porównaniu z odmianą czarno-białą. Podobnie mleko pozyskane od krów tej odmiany charakteryzuje się niższymi zawartościami białka (234 kg) i tłuszczu (300 kg). Natomiast procentowe wartości wykazują nieco wyższe noty w przypadku białka 3,28% oraz tłuszczu 4,17% [Krajowy program hodowlany].

Liczne badania wskazują iż porównując rasy: holsztyńsko-fryzyjską, simentalską oraz jersey, najwyższą mlecznością odznaczały się krowy holsztyńsko-fryzyjskie. Zdecydowanie najmniejszą wydajność mleczną wykazywały osobniki rasy jersey. Krowy tej rasy produkowały mleko o znacznie wyższym procentowym udziale tłuszczu i białka w porównaniu do osobników z pozostałych ras. Mleko krów holsztyńsko-fryzyjskich charakteryzowało się niższą procentową zawartością białka i tłuszczu. Natomiast w przypadku rasy simentalskiej krowy charakteryzowały się pośrednią wydajnością mleczną oraz wyższą koncentracją białka i niższą tłuszczu w stosunku do rasy holsztyńsko-fryzyjskiej [Brodziak i wsp. 2012].

Podobne doniesienia prezentują Chabuz i Stanek [2016]. Badania autorów potwierdzają wyższą wydajność mleczną krów holsztyńsko-fryzyjskich w porównaniu z osobnikami rasy simentalskiej. Podobnie jak we wcześniejszych doniesieniach wyższą zawartość białka charakteryzowało

mleko krów rasy simentalskiej. Natomiast wysoką zawartość tłuszczu zaobserwowano w mleku krów holsztyńsko-fryzyjskich [Chabuz i Stanek 2016].

W badaniach Januś i Borowskiej [2011] porównano rasę holsztyńsko-fryzyjską z krowami montbeliarde. Badania wskazują iż korzystniejszą pod względem wydajności mlecznej jest rasa montbeliarde. Krowy rasy holsztyńsko-fryzyjskiej charakteryzowały się niższą wydajnością mleka, tłuszczu i białka. Istotnym parametrem jest również stan higieniczny mleka mierzony liczbą komórek somatycznych. W obrębie analizowanych ras autorki wykazały istotne różnice. Mleko krów holsztyńsko-fryzyjskich charakteryzowało się znacznie wyższą ilością komórek somatycznych w porównaniu do mleka krów montbeliarde [Januś i Borowska 2011].

2.1.2. System utrzymania

System utrzymania stanowi czynnik środowiskowy kształtujący ilość oraz jakość pozyskiwanego mleka. Dwoma podstawowymi systemami utrzymania bydła są : system wolnowybiegowy oraz alkierzowy.

Badania Czerniawskiej-Piątkowskiej i wsp. [2008] wykazały istotnie wyższą wydajność mleczną krów utrzymywanych wolnowybiegowo. Mleko pozyskane od tych osobników charakteryzowało się wyższym udziałem tłuszczu i białka. Krowy utrzymywane alkierzowo wykazywały niższą mleczność. Dodatkowo mleko otrzymane od tych krów wykazywało niski udział tłuszczu i białka [Czerniawska-Piątkowska i wsp. 2008].

Wyniki te korespondują z doniesieniami Gaworskiego i Wójcika [2013]. Jednakże autorzy odnotowali niższy udział białka i tłuszczu w mleku krów utrzymywanych wolnowybiegowo. Produkcyjność zwierząt utrzymywanych w tym systemie była istotnie wyższa o 11% w porównaniu z osobnikami z chowu alkierzowego [Gaworski i Wójcik 2013].

Jednakże nie wszystkie badania jednoznacznie wskazują na system wolnowybiegowy jako najkorzystniejszy pod względem wydajności mlecznej. Analizy Micińskiego i Pogorzelskiej [2011] wskazują natomiast, iż wyższą wydajność mleczną uzyskały osobniki utrzymywane na uwięzi. Mleko pozyskane od tych krów wykazywało wyższą procentową zawartość tłuszczu i niższą procentową koncentrację białka w porównaniu do krów z dostępem do wybiegów. Podobne doniesienia prezentują Dorynek i wsp. [2002].

2.1.3. Kolejna laktacja

Wydajność mleczna krów rasy holsztyńsko-fryzyjskiej oraz skład chemiczny mleka wyraźnie różnią się w kolejnych następujących po sobie laktacjach. Najniższą wydajność mleczną obserwuje się w pierwszej laktacji wzrastając osiąga ona szczyt w trzeciej laktacji. Wydajność mleczna spada w czwartej laktacji. Koncentracja białka i tłuszczu również ulega wzrostowi w pierwszych trzech laktacjach [Gnyp i wsp. 2006].

Pilarska [2014] w swych badaniach również potwierdza iż wydajność mleczna krów rasy holsztyńsko-fryzyjskiej wzrasta do trzeciej laktacji. Autorka zaobserwowała również wzrost procentowej zawartości białka w obrębie trzech laktacji [Pilarska 2014].

2.1.4. Żywnienie

Żywnienie stanowi jeden z najistotniejszych czynników wpływających zarówno na ilość jak i jakość mleka. Skład paszy oraz odpowiednio zbilansowana dawka pokarmowa wywiera znaczący wpływ na efektywność produkcji. Skład mleka również uzależniony jest od składu diety [Teter 2011]. W praktyce produkcyjnej gospodarstwa korzystają z dwóch systemów żywienia: tradycyjnego oraz pełnodawkowego (Total Mixed Ration) [Rutkowska i wsp. 2012].

Skład chemiczny mleka ulega modyfikacjom w wyniku odpowiedniego żywienia. Niewątpliwie istotny wpływ na skład chemiczny mleka ma stosunek węglowodanów łatwostrawnych do węglowodanów strukturalnych. Wysoki udział węglowodanów łatwostrawnych wpływa korzystnie na zawartość białka w mleku. Związki te zwiększają powstanie kwasu propionowego, który jest prekursorem glukozy w syntezie wątrobowej. Ponadto powstały kwas propionowy pobudza sekrecję insuliny wpływającej na pobór aminokwasów przez gruczoł mlekowy [Szczutek i Pisulewski 1995]. Pasze treściwe bogate w cukry łatwostrawne wpływają na wysoki udział białka w mleku. Podobnie jak dodatek białka w dawce pokarmowej. Jednakże ważnym aspektem jest niedopuszczenie degradacji białka w żwaczu [Murphy i O'Mara 1993].

Dodatek tłuszczu w dawce pokarmowej wpływa ujemnie na poziom białka. Autorzy badań tłumaczą ten proces niewystarczającym dopływem aminokwasów do gruczołu mlekowego [Wu i wsp. 1994]. Ponadto poziom tłuszczu obniża aktywność insuliny, przez co transport aminokwasów ulega spowolnieniu [Palmquist i Moser 1981].

Strusińska i wsp. [2002] w swych badaniach dowiedli iż na wzrost poziomu białka ma dodatek biokompleksu z : magnezem, miedzią, cynkiem, selenem, witaminą E, PP oraz betakarotenem [Strusińska i wsp. 2002]. Węglowodany łatwostrawne są również kreatorami laktozy wpływając na jej ilość [Mikołajczak 2006].

Przewaga pasz treściwych w dawce pokarmowej wpływa na podwyższenie poziomu tłuszczu w mleku. W wyniku rozkładu węglowodanów strukturalnych powstały kwas octowy zostaje wykorzystany w syntezie kwasów tłuszczowych w gruczole mlekowym [Mikołajczak 2006]. Na zawartość tłuszczu w mleku wpływ ma również ilość białka w dawce pokarmowej. Zbyt wysoki jego udział może wpływać na koncentrację amoniaku zmieniając pH żwacza co w konsekwencji ogranicza procesy fermentacji oraz powstawanie kwasu octowego. Podobnie zbyt duży dodatek tłuszczu działa ujemnie na jego poziom w mleku. Dotyczy to zwłaszcza

niechronionych olejów roślinnych oraz tłuszczów zwierzęcych. Wpływają one na biouwodornienie kwasów nasyconych oraz powstanie kwasów typu trans co w konsekwencji działa ograniczająco na mikroflorę żwacza, a tym samym zmniejsza produkcję kwasu octowego [Mikołajczak 2006].

Poziom tłuszczu może również ulec zmianie na skutek suplementacji substancjami mineralnymi. Dodatek magnezu, manganu, miedzi, cynku i seleny wpływa korzystnie na zawartość tłuszczu [Strusińska i wsp. 2002].

2.2. Wpływ czynników genetycznych na kształtowanie wydajności mlecznej i składu chemicznego mleka

2.2.1. Polimorfizm DNA

Nowoczesne metody pozwalające na poznawanie sekwencji całych genomów umożliwiły zobrazowanie na ogromną skalę zmienności sekwencji nukleotydowych w przypadku poszczególnych osobników danej populacji. Różnice te będące pochodną mutacji nagromadzone przez wiele pokoleń noszą nazwę polimorfizmu. Powstałe zmiany mogą dotyczyć pojedynczych nukleotydów lub całych sekwencji. Zmiany w obrębie danego genu prowadzą do powstania poszczególnych alleli. Natomiast by zmianę uznać za polimorficzną wariant alleliczny musi ujawnić się z częstością powyżej 1%. Ponadto nie każda mutacja musi ujawnić się fenotypowo zwłaszcza jeśli w wyniku jej działania zmutowany kodon odpowiada temu samemu aminokwasowi co kodon przed mutacją. Dodatkowo jeśli mutacja wystąpi poza częściami kodującymi czyli eksonami również nie wywoła to efektu zmiany fenotypu [Charon i Świtoński 2012].

Najczęstszą formą polimorfizmu są podstawienia jednonukleotydowe (SNP). Są one powszechnie wykorzystywane jako narzędzia do analizy genetycznej. Niektóre z podstawień jednonukleotydowych mogą wywołać skutki fenotypowe. Metodą pozwalającą na zbadanie polimorfizmu jest metoda reakcji łańcuchowej polimerazy (PCR). Reakcja ta oparta jest na procesie replikacji DNA z użyciem odpowiedniej puli reagentów [Charon i Świtoński 2012].

2.2.2 Wpływ genów osi somatotropowej na kształtowanie wydajności mlecznej oraz składu chemicznego mleka

Wydajność mleczna oraz skład chemiczny mleka należą do cech ilościowych determinowanych poligenowo. Brak niestety wiedzy, które z nich znacząco wpływają na ich kształtowanie, dlatego wytypowanie odpowiednich genów kandydatów stanowi skomplikowane zadanie.

Natomiast na szczególną uwagę zasługują geny osi somatotropowej. Poszczególne substancje budujące oś somatotropową wykazują znaczny wpływ

zarówno na procesy mammogenezy jak i laktogenezy [Wood i wsp. 2000, Zwierzchowski i Świtoński 2009]. Wzrost i różnicowanie gruczołu mlecznego oraz jego funkcjonowanie podczas laktogenezy jest kontrolowane przez mechanizmy hormonalne. Na procesy te niewątpliwie wpływają substancje budujące oś somatotropową o czym świadczy obecność mRNA receptora hormonu wzrostu w komórkach nabłonkowych tkanki gruczołu mlekowego [Zwierzchowski i Świtoński 2009].

Do elementów osi soamtotropowej należą : hormony, czynniki wzrostowe oraz czynniki transkrypcyjne biorące udział w regulacji licznych procesów. Oś somatotropową budują m.in. hormon wzrostu (GH), somatoliberyna (GHRH), przysadkowy czynnik transkrypcyjny (PIT-1) oraz insulinopodobny czynnik hormonu wzrostu (IGF-1) [Zwierzchowski 2006]. Każda z substancji budujących oś somatotropową wykazuje indywidualny wpływ na kształtowanie wydajności mlecznej. Ponadto elementy tej osi oddziałują na siebie wzajemnie w wyniku sprzężeń zwrotnych [Zwierzchowski i Świtoński 2009]. Należy jednak zwrócić uwagę, iż liczne procesy leżące u podstaw wydajności mlecznej oraz koncentracji składników chemicznych w mleku są konsekwencją wspólnego oddziaływanie owych elementów. Polimorfizm genów kodujących poszczególne elementy osi somatotropowej może mieć decydujący wpływ na kształtowanie cech produkcyjnych [Zwierzchowski 2006].

Wydzielanie hormonu wzrostu następuje w odpowiedzi na wytworzenie m.in. białkowego hormonu uwalniającego (GHRH) [Lapierre i wsp. 1987, Pombo i wsp. 2001]. Na powstanie hormonu wzrostu wpływa również czynnik transkrypcyjny PIT-1. Ekspresja genu *PIT-1* następuje bezpośrednio przed ekspresją genu *GH* [Supowit i wsp. 1992]. Natomiast inhibicja czynnika PIT-1 znacząco zmniejsza ekspresją hormonu wzrostu [Beigi i wsp. 2010, Heidari i wsp. 2012]. Somatotropina wpływając bezpośrednio na wątrobę przyczynia się do uwolnienia z niej insulinopodobnego czynnika hormonu wzrostu (IGF-1), który wpływa bezpośrednio na rozrost gruczołu mlekowego u krów [Martin i Stoica 2002, Juszczak i Michalska 2006].

Zarówno hormon wzrostu jak i insulinopodobny czynnik hormonu wzrostu mają zdolność stymulowania proliferacji komórek nabłonkowych gruczołu sutkowego u bydła [Evan i wsp. 2001, Akers i wsp. 2005]. Proces produkcji mleka jest syntetyczną oraz wydzielniczą aktywnością gruczołu mlekowego [Blum 1992.] Wysoka wydajność mleczna jest uzależniona od dostępności substratów do syntezy mleka oraz odpowiedniego rozwoju gruczołu mlekowego [Neville i Watters 1983]. Oba te czynniki są kontrolowane przez elementy osi somatotropowej.

Oś GH-IGF prawdopodobnie wpływa na transport aminokwasów oraz syntezę białka w tkankach [Pohl i wsp. 2005]. Badania przeprowadzone na

szczurach dowiodły, iż osobniki otrzymujące pożywkę zawierającą hormon wzrostu wykazywały wyższe stężenie wewnątrzkomórkowe aminokwasów : treoniny, proliny, seryny, glicyny, alaniny, lizyny oraz argininy [Jefferson i wsp. 1975].

Insulinopodobny czynnik hormonu wzrostu bierze udział w regulacji ekspresji genów zaangażowanych w transport aminokwasów oraz biosyntezę białka [Verrey i wsp. 2004]. Ponadto insulinopodobny czynnik hormonu wzrostu zwiększa ekspresję czynników biorących udział w biosyntezie syntetazy asparaginowej oraz syntetazy argininobursztynianowej. Enzymy te są zaangażowane w syntezę asparaginy oraz argininy [Berg i wsp. 2002].

Oś GH-IGF kontroluje transport oraz metabolizm kwasów tłuszczowych [Louveau i Gondret 2004]. W badaniach *in vitro* wykazano, iż lipolityczne działanie hormonu wzrostu jest związane z stymulacją ekspresji genu następującą po związaniu genu z receptorem somatotropiny. Konsekwencją tych procesów jest aktywacja wewnątrzkomórkowa oraz aktywacja cykazy adenylowej wytwarzającej cAMP, które wyzwala lipazy [Yip i Goodman 1999]. Ponadto GH może wiązać się z kwasem nikotynowym, a pochodna tego kwasu może hamować lipolizę oraz obniżać czułość organizmu na insulinę [Nielsen i wsp. 2001].

W przypadku insulinowego czynnika wzrostu obserwuje się jedynie oddziaływanie na poziom lipidów w postaci zmniejszenia stężenia insuliny w surowicy [Flint i wsp. 2000]. Ponadto insulinopodobny czynnik hormonu wzrostu współdziała wraz z somatotropiną w zwiększeniu przepływu krwi do gruczołu sutkowego [Prosser i wsp. 1990, Prosser i wsp. 1996].

Polimorfizm genów potencjalnie związanych z procesami mammogenezy oraz laktogenezy stanowią przedmiot licznych badań. Niewątpliwie elementy osi somatotropowej kształtują oba te procesy. Ponadto przeprowadzone analizy dowodzą iż hormon wzrostu wraz z insulinopodobnym czynnikiem hormonu wzrostu mogą wpływać również na skład chemiczny mleka [Loevendahl 2004]. Dlatego elementy osi somatotropowej stanowią zbiór obiecujących kandydatów na markery genetyczne cech użytkowych bydła mlecznego [Sørensen i wsp. 2002, Świtoński 2004, Oprządek i wsp. 2005, Oprządek i wsp. 2006 a].

2.2.3. Wpływ hormonu wzrostu na wydajność mleczną oraz skład chemiczny mleka

Hormon wzrostu (somatotropina) produkowany jest przez przedni płat przysadki mózgowej [Mertani i Morel 1995]. Uwolnienie hormonu wzrostu następuje w wyniku wydzielania z podwzgórza somatoliberyny (GHRH) [Lovendahl 2004]. Hormon wzrostu u bydła jest jednołańcuchowym polipeptydem występuje w postaci czterech wariantów : leucynę może

zastępować walina lub fenyloalaninę alanina [Wray-Cahen i wsp. 1995]. Za wiązanie GH z receptorem są odpowiedzialne wszystkie reszty aminokwasowe w konkretnych pozycjach [Sami 2007].

Hormon wzrostu bierze udział w procesach wzrostu organizmu [Oprządek i wsp. 2006, Thomas i wsp. 2007]. Działalność somatotropiny jest bardzo szeroka, wpływa ona m.in. na inicjację glukoneogenezy i utlenianie białka [Grochowska 2002]. Działanie fizjologiczne obejmuje również proces rozwoju wymienia (mammogeneza) i syntezy mleka (laktogeneza). Hormon wzrostu wpływa ponadto na rozwój oraz różnicowanie się komórek gruczołu mlekowego [Divisova i wsp. 2006].

Dodatkowo somatotropina hamuje przyrost tkanki tłuszczowej wzmagając aktywację lipolizy [Burton i wsp. 1994, Loevendahl 2004]. Działanie anaboliczne somatotropiny jest związane ze zwiększaniem dostępności substratów do syntezy mleka [Grochowska 2002].

Hormon wzrostu wpływa na zwiększenie produkcji mleka. Zwierzęta, którym podana została syntetyczna somatotropina charakteryzowały się szybszym tempem wzrostu co również dotyczy rozrostu gruczołu sutkowego u bydła [Sejrsen i wsp. 1986]. Badania dowodzą, iż podawanie oczyszczonej somatotropiny bydłęcej zwiększa wydajność mleczną od 10% do 40% [McBride i wsp. 1988]. Podobne doniesienia przedstawiają Bauman i Veron [1993] gdzie w wyniku stymulowania gruczołu mlekowego endogenną somatotropiną wydajność mleczna wzrosła o 20%. Powyższe analizy korespondują również z wynikami uzyskanymi przez Zhou i wsp. [2000].

Dodatkowo badania dowiodły, że wysoka wydajność mleczna u krów wiązała się również z wysokim poziomem endogenego GH w organizmie [Bauman i Currie 1980, Klemetsdal i wsp. 1992]. Doniesienia te potwierdzają Woolliams i wsp. [1993] wskazując, iż cielęta pochodzące z linii wysokomlecznych charakteryzowały się wyższym poziomem hormonu wzrostu w ustroju w porównaniu do osobników o niskiej wydajności mlecznej.

Badania Akersa i wsp. [2005] dowiodły, iż podawanie hormonu wzrostu jałówkom w okresie dojrzewania stymuluje wzrost gruczołu mlekowego.

Hormon wzrostu zwiększa wychwytywanie glukozy będącej podstawowym substratem do produkcji laktozy w gruczole mlecznym [Davis i wsp. 1988]. Ponadto wpływa na zwiększoną dostępność glukozy dzięki wzmożonemu przepływowi krwi lub zmniejszonemu jej wykorzystaniu w innych tkankach [McDowell i wsp. 1987].

Poziom hormonu wzrostu wzrasta po wycieleniu wpływając pobudzająco na proces glukoneogenezy w wątrobie. Proces produkcji glukozy

w wątrobie dostosowuje organizm do szybkiego wzrostu produkcji mlecznej po wycieleniu. Jednocześnie hormon wzrostu stwarza stan oporności na glukozę by nie została wykorzystana do tworzenia glikogenu lub tkanki tłuszczowej. Glukoza kierowana jest w większym stopniu do gruczołu mlekowego zamiast do rezerw tłuszczowych. Wynikiem takiej cyrkulacji jest zwiększona synteza mleka [Lucy 2016].

Ponadto hormon wzrostu pobudza lipolizę. Pozyskany w tym procesie tłuszcz może być wykorzystany do tworzenia tłuszczu mleka lub jako źródło energii. W konsekwencji znaczna ilość glukozy oraz kwasów tłuszczowych kierowana jest do produkcji mleka [Lucy 2016].

Hormon wzrostu wpływa również na wzrost efektywnego wykorzystania aminokwasów. Badania dowiodły iż dodatek GH u bydła zwiększył wykorzystanie aminokwasów od 25% do 50% [Houseknecht i wsp. 1996].

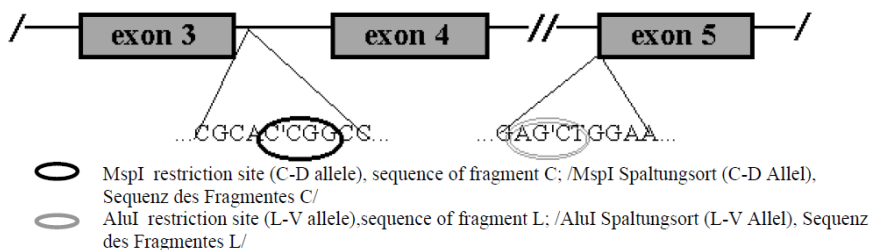
2.2.3.1 Wpływ polimorfizmu genu hormonu wzrostu na wydajność mleczną oraz skład chemiczny mleka

Bydłęcy hormon wzrostu kodowany jest przez pojedynczy gen położony w 19 chromosomie [Hediger i wsp. 1990]. W budowie genu można wyróżnić pięć eksonów rozdzielonych czterema intronami.

Regulacja ekspresji genu przebiega na trzech poziomach. Pierwszym z nich jest podstawowa regulacja ekspresji czynnikami kontrolującymi. Drugim poziomem ekspresji jest regulacja tkankowo-specyficzna za co odpowiada czynnik PIT-1, który ponadto wpływa na ekspresję *GHRH* (hormonu uwalniającego hormonu wzrostu) [Castrillo i wsp. 1991]. Trzecim poziomem ekspresji GH jest regulacja hormonalna polegająca na zmianie wewnętrznego stężenia cAMP. Po związaniu *GHRH* z receptorem stężenie wewnątrzkomórkowego cAMP wzrasta co w konsekwencji aktywuje białkową kinazę A, podwyższając poziom jonów wapnia w komórce. Efektem tych procesów jest uwolnienie GH. Ponadto wzrost cAMP wpływa na zwiększoną proliferację komórek somatotropowych w przednim płacie przysadki mózgowej [Rawlings i wsp. 1991, Mayo 1992].

Na przestrzeni lat gen hormonu wzrostu został bardzo szczegółowo zanalizowany. Liczne badania dowiodły, iż charakteryzuje się wysoką polimorficznością [Cowan i wsp. 1989, Reis i wsp. 2001, Lovendahl 2004]. Jednakże wraz z zaawansowaniem badań wyniki otrzymywane przez badaczy są często sprzeczne [Świtoński 2004]. Natomiast ze względu na swój ogromny wpływ na kształtowanie wydajności mlecznej prowadzenie dalszych analiz jest uzasadnione.

Pierwszym z potwierdzonych polimorfizmów była insercja tyminy w pozycji +837 oraz transwersja C→G w pozycji +838 [Hoj i wsp. 1993]. Badanie Pawar i wsp. [2007] potwierdzają pozytywny wpływ allelu A na wydajność mleczną w pierwszej laktacji. Podobne doniesienia prezentują badania Lagziel'a i wsp [1996] i Sabour i wsp. [1997].



Ryc 1. Dwa najczęściej badane polimorfizmy w genie bydlęcego hormonu wzrostu [Kovács i wsp. 2006]

Najczęściej badanym polimorfizmem *GH/AluI* jest substytucja nukleotydu C→G w piątym eksonie w 427 pz. w wyniku czego powstają dwa warianty hormonu. Pierwszy z nich posiada w pozycji 127 łańcucha polipeptydowego leucynę drugi natomiast walinę [Świtoński 2004]. Badania Eppard i wsp. [1992] wykazują, iż osobniki homozygotyczne *LL* charakteryzują się wyższą wydajnością mleczną niż heterozygotyczne krowy. Podobne wyniki prezentowała Lucy i wsp. [1993]. Natomiast badania Sabour i wsp. [1997] wskazały na heterozygotę jako genotyp charakteryzujący osobniki o najkorzystniejszych parametrach wydajności mlecznej. Ponadto autorzy podkreślają, iż allel *V* wpływa pozytywnie na cechy związane z mlecznością. Podobne wyniki badań uzyskał Zwierzchowski i wsp. [2002] stwierdzając pozytywny wpływ allelu *V* na wydajność mleczną oraz skład chemiczny mleka.

Badania Zwierzchowskiego i wsp. [1995] traktują natomiast allel *L* jako wskaźnik wysokiej mleczności. Kovács i wsp. [2006] w swoich badaniach podkreślają znaczący wpływ genotypu *LV* na wydajność mleczną krow. Heterozygotyczne osobniki charakteryzowały się znacznie wyższą wydajnością mleczną niż osobniki o genotypie *VV*. Heterozygotyczne krowy wykazywały niższą procentową zawartość tłuszczu oraz białka w mleku. Najwyższy udział białka i tłuszczu odnotowano w mleku zwierząt o genotypie homozygot *VV*. Podobne doniesienia prezentowane są w badaniach Shariflou i wsp. [2000], którzy wskazują na korzystny wpływ allelu *L* na wydajność mleczną w porównaniu z osobnikami o genotypie *VV*.

Badania Moravčikova i wsp. [2012] analizujące polimorfizm w 428 parze zasad (substytucja nukleotydu C→G) w piątym eksonie dowodzą, iż najwyższą wydajność mleczną osiągają krowy o genotypie *LL* podczas gdy

najniższą wydajnością charakteryzują się homozygotyczne zwierzęta *VV*. Najwyższy udział białka oraz tłuszczu odnotowano w mleku osobników heterozygotycznych. Najniższą procentową koncentracją białka i tłuszczu charakteryzowało się mleko pozyskane od krów o genotypie *VV*. Badania te korespondują z wynikami Ruprehter i wsp. [2011] gdzie również osobniki o genotypie *LL* charakteryzowały się wyższą wydajnością mleka. Ponadto krowy o genotypie *LL* wykazywały wyższą koncentrację insulinopodobnego czynnika hormonu wzrostu I we krwi. Wyniki te korespondują z uzyskanymi przez Haid i wsp. [2015] gdzie najwyższą wydajność mleczną uzyskały osobniki o genotypie *LL*.

Badania nad polimorfizmem *GH /AluI* badany w 223 parze zasad (substytucja C→G) w eksonie piątym wskazuje, iż najkorzystniejszym genotypem jest *VV*, gdyż w drugiej i trzeciej laktacji krowy o tej konformacji genetycznej charakteryzowały się najwyższą mlecznością. Mleko pozyskane od tych osobników wskazywało również najwyższy udział tłuszczu w trzech kolejnych laktacjach. Ponadto w drugiej laktacji mleko pozyskane od osobników heterozygotycznych charakteryzowało się najwyższym procentowym udziałem białka. W pierwszej i trzeciej laktacji mleko homozygotycznych osobników *VV* stanowiło najwyższe źródło białka. Najmniejszą wydajność mleczną wykazywały krowy heterozygotyczne w przypadku wszystkich analizowanych laktacji. Natomiast najniższe procentowe wartości białka i tłuszczu obserwowano w mleku homozygot *LL* [Dybus 2002]. Badania te potwierdziły wcześniej uzyskane wyniki dotyczące mleczności krów [Lucy i wsp. 1993, Pawar i wsp. 2007].

Badania Hradecka i wsp. [2008] wskazują na heterozygoty jako osobniki o najwyższej wydajności mlecznej. Mleko pozyskane od tych krów charakteryzuje się najwyższym procentowym udziałem białka. Najwyższy udział tłuszczu odnotowano w mleku zwierząt homozygotycznych *LL*. Jednakże brak wystąpienia w badanej populacji genotypu *VV* nie daje możliwości porównania. Podobne analizy prezentuje Nam i wsp. [2014]. Osobniki o genotypie *LL* wykazywały wyższą wydajność mleczną niż heterozygoty. Mleko krów o genotypie *LL* charakteryzuje się niższą koncentracją tłuszczu oraz nieznacznie mniejszą ilością białka w porównaniu do osobników heterozygotycznych.

Kolejnym zbadanym polimorfizmem *GH /AluI* jest polimorfizm w 282 parze zasad w eksonie 5 (substytucja nukleotydyowa C→G). Badania Krasnopiorova i wsp. [2012] wskazują, iż najkorzystniejszą konformacją genetyczną jest homozygota *BB*. Osobniki o tym genotypie wykazywały najwyższą wydajność mleczną. Najniższą wydajnością mleczną charakteryzowały się heterozygotyczne zwierzęta. Różnice w obrębie wydajności mlecznych uzyskanych przez osobniki o poszczególnych genotypach były wysoce istotne statystycznie. Najwyższy procentowy udział

tłuszczu oraz białka odnotowano w mleku krów o genotypie AA. Najniższy procentowy udział tłuszczu wykazywało mleko pozyskane od osobników homozygotycznych BB. Badania Heidari i wsp. [2012] również wskazują na homozygotę BB jako najkorzystniejszy genotyp odnośnie wydajności mlecznej. Zdecydowanie najmniej mleka pozyskano od heterozygot. Różnice w wydajnościach mlecznych pomiędzy osobnikami o genotypie BB a heterozygotycznymi krowami były wysoko istotne statystycznie [Heidari i wsp. 2012]. Pozytywny wpływ allelu B na wydajność mleczną stwierdzono również w przypadku badań innych autorów [Khatami i wsp. 2005].

Fizjologiczne podłoże różnic pomiędzy osobnikami o różnych genotypach jak dotąd nie zostało zdefiniowane. Jednakże miejsce wystąpienia polimorfizmu jest ściśle powiązane z rejonem odpowiedzialnym za wiązanie hormonu z receptorem. Prawdopodobnie obie polimorficzne formy mogą wykazywać różne powinowactwo w stosunku do receptora. Inne przeprowadzenia wskazują iż obecność waliny w cząsteczce GH może decydować o tempie sekrecji hormonu w przysadce mózgowej. Sekrecja hormonu wzrostu została sztucznie wymuszona poprzez iniekcję hormonu uwalniającego tyreotropinę. Na podstawie analizowanych parametrów : poziomu GH przed podaniem, 15 minut po iniekcji oraz 30 minut po podaniu TSH obliczono ilość wytworzonego hormonu wzrostu. Badania Grochowskiej i wsp. [2001] dowiodły, że osobniki rasy czarno białej i genotypie VV charakteryzowały się najwyższą koncentracją hormonu wzrostu w czasie pomiaru. U homozygot LL oraz heterozygot rejestrowano zbliżone aczkolwiek niższe wartości produkowanej somatotropiny. Badania Sørensen i wsp. [2002] prowadzone u rasy jersey wskazują jednoznacznie iż najwyższy poziom hormonu wzrostu obserwowano u homozygot LL, a najniższy u homozygot VV. Brak zbieżnych danych może świadczyć iż rasa również ma wpływ na poziom hormonu wzrostu.

Polimorfizm *GH/MspI* badany w 329 parze zasad w trzecim intronie (insercja T i substytucja C→G) jednoznacznie określa korzystny wpływ allelu A na wydajność mleczną. Tendencja ta była widoczna w trzech następujących po sobie laktacjach. W przypadku procentowej zawartości tłuszczu najniższy jego udział odnotowano w mleku krów o genotypie AA. Najwyższy udział białka w mleku stwierdzono u osobników homozygotycznych AA w drugiej i trzeciej laktacji. W pierwszej laktacji mleko pozyskane od heterozygotycznych krów wykazywało najwyższy udział białka. Najniższymi wartościami wydajności mlecznej charakteryzowały się osobniki o genotypie AB. Ponadto mleko pozyskane od krów o genotypie AB wykazywało wyższą procentową zawartość tłuszczu [Zhou i wsp. 2005]. Badania potwierdzają wcześniej uzyskane wyniki przez Hoj i wsp. [1993].

Najnowsze badania wskazują, iż genotyp BB stanowi najkorzystniejszy wariant pod względem wydajności mlecznej. Jednakże pod względem ilości białka i tłuszczu mleko pozyskane od homozygotycznych krów BB wykazywało

najmniejszą ich koncentrację. Najniższą wydajnością mleczną charakteryzowały się heterozygotyczne zwierzęta. Jednakże mleko pozyskane od tych osobników odznaczało się najwyższą procentową koncentracją tłuszczu. Natomiast najwyższą koncentracją białka charakteryzowało się mleko osobników o genotypie AA. Autorzy badań wskazują iż allel A korzystnie wpływa na poziom białka w mleku [Rincón i wsp. 2013].

Polimorfizm hormonu wzrostu wykazuje wpływ w odniesieniu do cech związanych zarówno z mlecznością oraz z cechami rzeźnymi. Wykonane analizy wskazują na szerokie spektrum wykorzystania go jako markera genetycznego. Ponadto badania dowodzą, iż określone warianty genotypu wpływają na uzyskanie większych przyrostów masy ciała związane z lepszym wykorzystaniem paszy oraz uzyskaniem szybszego wzrostu [Zwierzchowski i wsp. 1997, Zwierzchowski i wsp. 1998]. Szerokie spektrum oddziaływania hormonu wzrostu na organizm zwierząt pozwala na prowadzenie wielokierunkowych badań powalających na bardzo szczegółową selekcję.

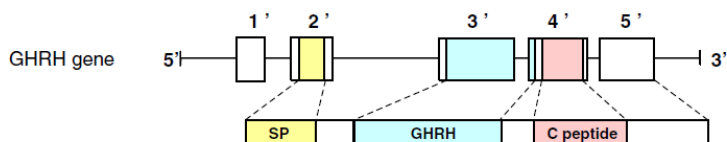
2.2.4. Wpływ somatoliberyny (GHRH) na wydajność mleczną oraz skład chemiczny mleka

Powstająca w podwzgórzu somatoliberyna wpływa pobudzająco na przysadkę mózgową, która produkuje hormonu wzrostu. Cząsteczka somatoliberyny u bydła składa się z 44 aminokwasów [Zhou i wsp. 2000]. GHRH wiąże się z receptorami hormonu wzrostu pobudza syntezę oraz wydzielanie somatotropiny [Frohman i wsp. 1992].

Somatoliberyna nie tylko pobudza syntezę hormonu wzrostu ale również zwiększa jego wydzielanie [Szatkowska i wsp. 2009]. Suplementacja diety somatoliberyną powoduje wzrost stężenia hormonu wzrostu w surowicy krwi bydła [Loevendhal i wsp. 1991]. Zwiększone pulsacyjne uwalnianie hormonu wzrostu wpływa na wzrost produkcji mlecznej krów [Enright i wsp. 1986, Dahl i wsp. 1993].

2.2.4.1. Wpływ polimorfizmu genu somatoliberyny na wydajność mleczną oraz skład chemiczny mleka

Gen somatoliberyny stanowi kolejny element osi somatotropowej [Dybus i wsp 2003, Dybus i wsp. 2005]. Bydlęcy gen *GHRH* buduje pięć eksonów oddzielonych czterema intronami [Zhou i wsp 2000].



Ryc 2. Schemat genu somatoliberyny [Montero i wsp. 2000]

Badania nad wpływem polimorfizmu genu *GHRH/BsuRI* nie należą do tak częstych jak w przypadku genu hormonu wzrostu. Najczęściej badaniu podlega polimorfizm *GHRH/BsuRI* w 297 parze zasad (substytucja A→C) w intronie 2. Jednoznacznie wskazuje to konieczność uzupełnienia literatury o badania dotyczące tego genu. Ze względu na swój związek z hormonem wzrostu gen *GHRH* jest kandydatem na marker wydajności mlecznej.

Badania prowadzone przez Dybus i Grzesiak [2006] wykazały, iż w pierwszej laktacji najwyższą wydajnością mleczną charakteryzowały się osobniki o genotypie *BB*. Różnice pomiędzy osiągniętymi wydajnościami nie były istotne statystycznie. Najwyższy udział tłuszczu oraz białka odnotowano w mleku krów o genotypie *AA*. W przypadku drugiej oraz trzeciej laktacji genotyp *AA* był związany z najwyższą wydajnością mleczną. Ponadto osobniki odznaczały się również najwyższą koncentracją tłuszczu w mleku. Natomiast najwyższy udział białka charakteryzował mleko pozyskane od krów o genotypie *BB* jednakże był również związany z najniższym udziałem tłuszczu w mleku [Dybus i Grzesiak 2006]. Doniesienia te są zbliżone z wynikami uzyskanymi przez Czerniawską-Piątkowską i wsp. [2011]. Autorzy potwierdzają, iż najkorzystniejszym genotypem pod względem wydajności mlecznej jest osobnik homozygotyczny *AA*. Ponadto mleko pozyskane od krów o genotypie *AA* charakteryzowało się najwyższym udziałem białka i tłuszczu [Czerniawska-Piątkowska i wsp. 2011].

Szatkowska i wsp. [2009] również wskazują na genotyp *BB* jako najkorzystniejszy wariant pod względem wydajności mlecznej zarówno w pierwszej jak i w drugiej laktacji. W przypadku trzeciej laktacji osobniki o genotypie *AB* charakteryzowały się najwyższą wydajnością mleczną. Pomimo wysokich wydajności mleko krów o genotypie *BB* charakteryzowało się niskim procentowym udziałem tłuszczu oraz białka w pierwszej laktacji. Najmniej mleka w pierwszej laktacji pozyskano od krów o genotypie *AA*. Ponadto mleko osobników homozygotycznych *AA* charakteryzowało się z najwyższym procentowym udziałem tłuszczu w mleku we wszystkich analizowanych przez autorów laktacjach. Dodatkowo mleko krów o genotypie *AA* wykazywało najniższy procentowy udział białka w trzech kolejnych laktacjach. Najwyższy poziom białka był charakterystyczny dla mleka osobników heterozygotycznych w trzech kolejnych laktacjach. Natomiast najmniejszą wydajnością mleczną w drugiej laktacji charakteryzowały się osobniki o genotypie *AB* [Szatkowska i wsp. 2009].

Autorzy powyższych badań poddali analizie również krowy rasy jersey, u których uzyskano odmienne wyniki. Najwyższe wydajności we wszystkich analizowanych laktacjach uzyskały osobniki homozygotyczne *BB*. Podobnie jak w przypadku rasy holsztyńsko-fryzyjskiej homozygotyczne krowy *AA* wytwarzały mleko o najwyższym udziale tłuszczu natomiast mleko pozyskane od osobników o genotypie *BB* charakteryzowało się najmniejszą

koncentracją tłuszczu. W przypadku białka najwyższy jego udział odnotowano w mleku krów o genotypie *AA* natomiast najniższy u osobników homozygotycznych *BB*. W przypadku koncentracji tłuszczu w obu rasach krowy o genotypie *AA* związane są z najwyższym poziomem tej cechy. Natomiast w poziomie białka w obrębie dwóch ras występuje tendencja odwrotna. Mleko od krów z obecnym allelem *A* zawiera więcej tłuszczu daje to możliwość wytypowania tego allelu jako markera genetycznego koncentracji tłuszczu w mleku [Szatkowska i wsp. 2009].

Klauzińska [2002] w swych badaniach dowiodła, iż sekrecja hormonu wzrostu jest związana z polimorficznymi wariantami *GHRH*. Osobniki homozygotyczne *BB* charakteryzowały się największym poziomem podstawowym hormonu wzrostu w surowicy krwi [Klauzińska i wsp. 2002].

Z kolei Szewczuk i wsp. [2008] stwierdzili, iż osobniki homozygotyczne *AA* charakteryzowały się najwyższą wydajnością mleczną oraz najniższą koncentracją tłuszczu w mleku. Dodatkowo mleko pozyskane od krów homozygotycznych *AA* wykazywało najwyższy udział białka. Najniższy poziom białka odnotowano w mleku krów heterozygotycznych. Najmniej mleka pozyskiwano od osobników homozygotycznych *BB*. Ponadto charakteryzowało się ono najwyższym udziałem tłuszczu. Różnice w poziomie tłuszczu w mleku były wysoce istotne statystycznie [Szewczuk i wsp. 2008].

Badania przeprowadzone przez Kmiecia i wsp. [2007] nie wskazują jednoznacznie najkorzystniejszego genotypu pod względem wydajności mlecznej. W pierwszej laktacji osobniki o genotypie *BB* charakteryzowały się najwyższą mlecznością. W drugiej heterozygotyczne zwierzęta uzyskiwały najwyższą wydajność mleczną. Natomiast w trzeciej najwyższą wydajność mleczną osiągnęły osobniki homozygotyczne *AA*. Najmniej korzystnym wariantem genetycznym w odniesieniu do wydajności mlecznej była homozygota *AA* w pierwszej laktacji oraz homozygota *BB* w drugiej i trzeciej laktacji. Jednakże w przypadku koncentracji tłuszczu w mleku wyniki badań jednoznacznie wskazują, iż najwyższy poziom tłuszczu obserwowany jest w mleku krów o genotypie *AA* we wszystkich laktacjach. Różnice w poziomie tłuszczu w mleku pomiędzy krowami o różnych genotypach były istotne statystycznie. W pierwszej oraz trzeciej laktacji osobniki o genotypie *AB* wykazywały najniższy poziom tłuszczu w mleku. Natomiast w drugiej laktacji najniższy udział tłuszczu odnotowano w mleku krów o genotypie *BB*. Podobną tendencję obserwuje się w przypadku poziomu białka tu również osobniki homozygotyczne *AA* osiągnęły najwyższy poziom [Kmieć i wsp. 2007].

2.2.5. Wpływ przysadkowego czynnika transkrypcyjnego (PIT-1) na wydajność mleczną oraz skład chemiczny mleka

Przysadkowy czynnik transkrypcyjny 1 należy do rodziny białek z domeną POU [Świtoński 2004]. Bydlęcy czynnik transkrypcyjny PIT-1 jest białkiem liczącym 291 aminokwasów [Pfaffle i wsp. 1992]. PIT-1 reguluje ekspresję somatotropiny w miejscu jej wytwarzania. Głównym zadaniem przysadkowego czynnika transkrypcyjnego jest stymulacja komórek produkujących hormon wzrostu podczas transkrypcji [Ayetkin i Boztepe 2013].

Hormon wzrostu oraz prolaktyna są niezbędne podczas rozwoju gruczołu sutkowego [Trakovická i wsp. 2014]. Inhibicja czynnika transkrypcyjnego znacznie zmniejsza ekspresję hormonu wzrostu oraz prolaktyny co wiąże się dramatycznym zmniejszeniem proliferacji linii komórkowych produkujących owe substancje [Beigi i wsp. 2010, Heidari i wsp. 2012, Selvaggi i Dario 2011].

W związku z wpływem genu czynnika transkrypcyjnego na ekspresję genu hormonu wzrostu jest on kolejnym kandydatem na marker genetyczny wydajności mlecznej bydła [De Mattos i wsp. 2004]. Ponadto wielu autorów wskazuje, iż jest on również potencjalnym kandydatem na marker cech związanych z ilością mięsa co zwiększa możliwości wykorzystania oznaczeń z nim związanych [Renaville i wsp. 1997].

2.2.5.1. Wpływ polimorfizmu genu *PIT-1* na wydajność mleczną oraz skład chemiczny mleka

Ekspresja genu *PIT-1* poprzedza ekspresję genu hormonu wzrostu oraz prolaktyny pobudzając produkcję tych związków [Supowit i wsp. 1992, Renaville i wsp. 1997, Miyai i wsp. 2005]. *PIT-1* posiada dwie domeny będące podstawą jego wysokiego powinowactwa do promotorów genów hormonu wzrostu i prolaktyny [Doosti i wsp. 2011].

Badania nad polimorfizmem genu *PIT-1/HinfI* w szóstym eksonie (substytucja G→A) w odniesieniu do wydajności mlecznej stanowi podstawę wielu rozpraw naukowych. Pierwsze sekwencjonowanie genu *PIT-1* uzyskał Moody i wsp. [1995]. Potwierdzając, iż polimorfizm w genie *PIT-1* wpływa na wydajność mleka oraz jego skład.

Podobnie polimorfizm *PIT-1/HinfI* został wykazany przez Dybus i wsp. [2003]. Badania Renaville i wsp. [1997] oraz Zwierzchowskiego i wsp. [2002] potwierdziły korzystny wpływ allelu A na wydajność mleczną. Ponadto w badaniach Renaville i wsp. [1997] allel A wpływał korzystnie na niektóre cechy pokroju ciała.

Wyniki te korespondują z badaniami Khaizaran i Al. Razem [2014] wskazujące na homozygotę *AA* jako najkorzystniejszy wariant genetyczny pod względem wydajności mlecznej. Najmniej korzystne pod względem wydajności mlecznej okazały się osobniki o genotypie *BB*. Heterozygotyczne krowy uzyskały pośrednie wydajności mleczne [Khaizaran i Al. Razem 2014].

Podobne wnioski kreują w swych badaniach Ayetkin i Boztepe [2013] wskazując osobniki homozygotyczne *AA* jako najbardziej wydajne pod względem mleczności. Mleko od nich pozyskane osiąga pośrednie wartości procentowej zawartości tłuszczu. Najwyższą procentową zawartość tłuszczu odnotowano w mleku krów o genotypie *BB*. Ponadto osobniki te charakteryzowały się najniższą wydajnością mleczną [Ayetkin i Boztepe 2013].

Wielu autorów podkreśla, iż polimorfizm w genie *PIT-1/Hinf I* w 451 parze zasad w szóstym eksonie (substytucja G→A) wpływa znacząco na wydajność mleczną oraz poziom tłuszczu w mleku. W szczególności korzystnym jest obecność allelu *A* co wskazują doniesienia wielu autorów [Zwierzchowski i wsp. 2002, De Mattos i wsp. 2004, Edriss i wsp. 2009, Selvaggi i Dario 2011].

Niestety nie wszystkie rozprawy naukowe jednoznacznie wskazują genotyp *AA* jako najkorzystniejszy wariant w odniesieniu do wydajności mlecznej. W doniesieniach naukowych można również znaleźć dane dotyczące pozytywnego wpływu genotypu *AB* na wydajność mleczną. Edriss i wsp. [2009] typuje genotyp *AB* jako najkorzystniejszy pod względem wydajności mlecznej. Mleko pozyskane od krów holsztyńsko-fryzyjskich o tym genotypie charakteryzowało się również najwyższą procentową koncentracją tłuszczu i białka. Najniższą procentową zawartość tłuszczu i białka odnotowano w mleku pozyskanym od homozygotycznych osobników *BB*. Zdecydowanie najmniej korzystnym genotypem odnośnie wydajności mlecznej okazała się homozygota *AA*.

W literaturze dostępne są również opracowania, które pozwalają na określenie najkorzystniejszego genotypu w obrębie trzech kolejno następujących po sobie laktacjach. Badania Dybusa i wsp. [2004] dowodzą iż w pierwszej laktacji krowy o genotypie *BB* wykazywały najwyższą wydajność mleczną oraz najwyższy poziom tłuszczu i białka. Najniższa wydajność mleczna była udziałem krów o genotypie *AA*. Najniższy poziom tłuszczu i białka przy stosunkowo wysokiej wydajności charakteryzowało mleko pozyskane od heterozygotycznych zwierząt. Natomiast w drugiej laktacji najkorzystniejszym wariantem genetycznym pod względem mleczności był genotyp *AA*. Dodatkowo mleko pozyskiwane od krów o tym genotypie wykazywało najwyższy udział tłuszczu oraz białka. Tendencja ta była również widoczna w trzeciej laktacji z wyjątkiem zawartości białka. Najwyższą koncentrację białka odnotowano w mleku osobników o genotypie *BB*.

Najniższą mlecznością w drugiej laktacji charakteryzowały się osobniki o genotypie *BB*. Najniższy udział tłuszczu w obrębie wszystkich laktacji odnotowano u osobników heterozygotycznych, które ponadto w trzeciej laktacji wykazywały najniższą mleczność [Dybus i wsp. 2004].

Kolejnym zbadanym polimorfizmem genu *PIT-1/HinfI* jest polimorfizm zlokalizowany w szóstym eksonie (substytucja G→A). Badania Trakovická i wsp. [2014] dowiodły, iż osobniki o genotypie *AA* charakteryzowały się najwyższą mlecznością oraz najwyższą koncentracją tłuszczu i białka w mleku w porównaniu do pozostałych genotypów. Najniższą wydajność mleczną osiągnęły heterozygotyczne krowy. Ponadto mleko pozyskane od tych osobników charakteryzowało się najniższym udziałem tłuszczu i białka [Trakovická i wsp. 2014].

Następnym analizowanym polimorfizmem jest polimorfizm w 1335 parze zasad (substytucja A→G) w 6 eksonie. Badania Coşier i Croitoriu [2012] dowodzą iż ponownie najkorzystniejszym wariantem genetycznym jest homozygota *AA*. Krowy o tej konformacji genetycznej odznaczają się najwyższą wydajnością mleka oraz zawartością tłuszczu w mleku. Wyniki odnotowane u tych osobników znacznie przewyższały noty osiągnięte przez krowy o pozostałych genotypach. Najniższa wydajność mleczna oraz udział tłuszczu w mleku charakteryzowała osobniki homozygotyczne *BB* [Coşier i Croitoriu 2012]. Podobne wyniki uzyskał Heidari i wsp. [2012].

Wybór odpowiedniego genotypu *PIT-1* może wpływać na korzystne kształtowanie cech produkcyjnych. Identyfikacja allelu *A* jako cennego markera genetycznego może doprowadzić do poprawy wydajności mlecznej u bydła rasy holsztyńsko-fryzyjskiej [De Mattos i wsp. 2004, Edriss i wsp. 2009, Selvaggi i Dario 2011].

2.2.6. Wpływ insulinopodobnego czynnika hormonu wzrostu IGF-1 (somatomedyny) na wydajność mleczną oraz skład chemiczny mleka

Insulinopodobny czynnik hormonu wzrostu typu pierwszego został pierwotnie odkryty jako mediator działań hormonu wzrostu [Werner i wsp. 1994]. Ponadto na wydzielanie IGF-1 wpływa również insulina [Zwierzchowski i Świtoński 2009].

Insulinopodobny czynnik hormonu wzrostu jest białkiem zbudowanym z 70 aminokwasów o masie cząsteczkowej 7,5 kDa [Daughaday i Rotwein 1989]. IGF-1 jest syntetyzowany w postaci nieaktywnej, który w wyniku trawienia enzymami proteolitycznymi ulega aktywacji [Rinderknecht i Humbel 1978].

IGF-1 jest hormonem polipeptydowym produkowanym głównie w wątrobie [Combes i wsp. 1997]. Jest on również wytwarzany przez liczne

tkanki stymulując wzrost komórek [Yee 1994]. Somatomedyna we krwi krąży w postaci kompleksu z białkiem wiążącym. Białka spełniają funkcje modulatorów aktywności somatomedyny oraz kontrolują jej biodostępność. Ponadto białka te biorą udział w magazynowaniu, transportowaniu go z przestrzeni naczyniowej oraz ochronie przed dezaktywacją IGF-1 [Yamane i wsp. 2002]. Działalność mitogenna IGF-1 wymaga połączenia ze swoistym receptorem, następstwem czego jest proliferacja komórek gruczołu mlekowego [Mourkoiti i Rosenthal 2005, Monaco i wsp. 2005].

Insulinopodobny czynnik hormonu wzrostu może zwiększać proliferację komórek nabłonka gruczołu mlekowego [Richert i Wood 1999]. Działanie mitogenne jest wynikiem wspólnej pracy hormonu wzrostu oraz somatomedyny.

Ponadto IGF-1 wraz z IGF-2 tworzą kompleks stymulujący namnażanie się komórek (multiplication-stimulating activity MSA). Czynniki MSA wykazują funkcjonalne podobieństwo do insuliny [Zwierzchowski i Światoński 2009].

Insulinopodobny czynnik hormonu wzrostu wykazuje podwójną rolę w rozwoju komórek mięśniowych. Krótkotrwałe działanie wywołuje skutek mitogeny natomiast długotrwała działalność stymuluje proces różnicowania się mioblastów [Adams 2002]. Jednocześnie IGF-1 opóźnia działanie apoptyczne zwiększając przeżywalność komórek w pierwszych stadiach różnicowania [Zwierzchowski i Światoński 2009].

Wpływ insulinowego czynnika wzrostu na wydajność mleczną u bydła nie został jednoznacznie zdefiniowany. Jednakże opierając się na modelach innych zwierząt ekspresja genu *IGF-1* była związana u kóz z większym przepływem krwi do gruczołu sutkowego co kształtowało korzystnie mleczność tych zwierząt [Prosser i wsp. 1994].

Ponadto insulinopodobny czynnik hormonu wzrostu pobudza syntezę oraz transport glukozy w komórkach nabłonka gruczołu sutkowego [Baumrucker i Stemberger 1989]. Związek ten stymuluje proliferację komórek poprzez regulację cyklu komórkowego [Evan i Vousden 2001].

Nadekspresja w genie *IGF-1* może doprowadzić do przedwczesnego rozwoju gruczołu mlekowego [Su i Cheng 2004]. Ponadto IGF-1 może zapobiegać apoptozie komórek gruczołu sutkowego [Forsyth 1996]. Dodatkowo czynnik ten jest odpowiedzialny za partycypowanie składników odżywczych w laktogenezie [Monaco i wsp. 2005].

2.2.6.1. Wpływ polimorfizmu genu *IGF-1* na wydajność mleczną oraz skład chemiczny mleka

Gen insulinopodobnego czynnika hormonu wzrostu bydła został zlokalizowany w piątym chromosomie, a jego ekspresja jest regulowana na poziomie transkrypcji i translacji [Miller i wsp. 1991, Kirkpatrick 1992, Ge i wsp. 2001].

Somatomedyna bierze udział w proliferacji komórek czego konsekwencją jest wzrost zwierząt dlatego też gen *IGF-1* jest kandydatem jako marker tempa wzrostu u zwierząt [Schlee i wsp. 1994, Sirotkin i wsp. 2000].

Do poznanych polimorfizmów należą : transwersja A/T w 977 parze zasad pierwszego eksonu [Zych i wsp. 2007], tranzycja C/T w 512 parze zasad [Ge i wsp.2001] oraz delecja TTTG w czwartym intronie [Lien i wsp. 2000].

Wielu autorów łączy polimorfizm genu *IGF-1* z cechami mleczności u bydła [Hines i wsp. 1998, Ge i wsp. 2001, Curi i wsp. 2005, Siadkowska i wsp. 2006, Akis i wsp. 2010, Mehmannaavaz i wsp. 2010, Szewczuk i wsp. 2011].

Badania Polasik i wsp. [2010] nad polimorfizmem w 249 parze zasad (tranzycja C/T) w eksonie 1 dowodzi iż wpływa on na wydajność mleczną oraz skład chemiczny mleka. Według badań autorów w pierwszej laktacji krowy o genotypie *CT* charakteryzowały się najwyższą wydajnością mleczną. W drugiej oraz trzeciej laktacji osobniki o genotypie *TT* odznaczały się najwyższą wydajnością mleczną. Natomiast najmniej pozyskanego mleka w pierwszej laktacji przypisywano krowom o genotypie *TT*. W przypadku dwóch kolejnych laktacji heterozygotyczne osobniki uzyskały najniższe wydajności mleczne. Najwyższa procentowa zawartość tłuszczu charakteryzowała mleko pozyskane od osobników o genotypie *CC* w trzech laktacjach. Podczas gdy najmniej tłuszczu również w trzech kolejnych laktacjach odnotowano w mleku osobników o genotypie *TT*. W przypadku białka brak widocznej tendencji. W pierwszej i trzeciej laktacji mleko o najwyższej procentowej zawartości białka pozyskano od osobników homozygotycznych *TT* w drugiej natomiast od heterozygot [Polasik i wsp. 2010].

Siadkowska i wsp. [2006] wskazali, iż osobniki homozygotyczne *AA* wykazują najwyższą wartość wydajności mlecznej. Różnice pomiędzy wydajnościami mlecznymi osobników homozygotycznych *AA* oraz heterozygotycznych nie były istotne statystycznie. Najwyższą koncentrację białka i tłuszczu odnotowano w mleku heterozygotycznych krow. Najniższa wydajność mleczna została wskazana w przypadku osobników o genotypie *BB*. Natomiast najwyższy poziom tłuszczu określono w mleku pozyskanym od osobników heterozygotycznych. Mleko pochodzące od zwierząt o genotypie *AA*

charakteryzowało się najniższym procentowym udziałem tłuszczu i białka. W przypadku białka oraz tłuszczu różnice były wysoce istotne statystycznie [Siadkowska i wsp. 2006]

Podobne wyniki uzyskał Bonakdar i wsp. [2010], którzy stwierdzili najwyższą wydajność mleczną u osobników homozygotycznych *AA*. Najniższą wydajnością mleczną charakteryzowały się homozygotyczne krowy *BB*. Najwyższy udział tłuszczu oraz białka obserwowano w mleku osobników o genotypie *AB*. Najniższe procentowe wartości tłuszczu i białka charakteryzowało osobniki o genotypie *AA*. Oszacowane zawartości były wysoce istotne statystycznie [Bonakdar i wsp. 2010].

Szewczuk i wsp. [2012] dowiedli natomiast, że osobniki heterozygotyczne osiągnęły najwyższą wydajność mleczną przy najniższym poziomie tłuszczu i białka. Najniższa wydajność mleczna charakteryzowała homozygoty *BB*. Mleko pozyskane od tych osobników odznaczało się najwyższą koncentracją tłuszczu oraz białka. Podobne wyniki uzyskali Mehmannaavaz i wsp. [2010]. Jednakże w przypadku koncentracji białka najwyższa wartość odnotowano w mleku osobników heterozygotycznych.

Ruprechter i wsp. [2011] również wskazują na osobniki heterozygotyczne związane z najwyższą wydajnością mleczną. Tendencja ta była widoczna zarówno u krów pierwiastek jak i wieloródek.

Szewczuk i wsp. [2013] potwierdzili również w późniejszych badaniach, iż najwyższą wydajność mleczną uzyskały osobniki homozygotyczne *CC*. Krowy o tym genotypie charakteryzowały się również najniższym procentowym udziałem tłuszczu i białka w mleku. Najniższą wydajność mleczną wykazywały osobniki heterozygotyczne *CT*. Natomiast procentowy udział tłuszczu oraz białka osobników o tym genotypie był zdecydowanie najwyższy. Różnice w obrębie wszystkich wartości badanych cech były wysoce istotne statystycznie [Szewczuk i wsp. 2013].

Badania Nicolini i wsp. [2013] wskazują iż najkorzystniejszym wariantem genetycznym w odniesieniu do wydajności mlecznej jest heterozygota. Natomiast osobniki o genotypie *AA* charakteryzowały się najniższą wydajnością mleczną [Nicolini i wsp. 2013].

Badania nad polimorfizmem genu *IGF-1* mają uniwersalne przełożenie na cechy użytkowe bydła [Ge i wsp. 2001, Curi i wsp. 2005, Siadkowska i wsp. 2006, Reyna i wsp. 2010]. Polimorfizm *IGF-1* jest również analizowany w odniesieniu do cech mięsnych bydła. Allel *C* korzystnie wpływa na niektóre cechy związane ze wzrostem oraz tuszą. Insulinowy czynnik wzrostu jest związany z wzrostem pęcherzyków jajnikowych [Spicer i Echterkamp 1995, Fenwick i wsp. 2008]. Gen *IGF-1* jest również kandydatem na marker zdolności rozrodczych bydła [Nicolini i wsp. 2013].

2.3. Cel pracy

Doskonalenie wydajności mlecznej oraz poziomu składników pokarmowych w mleku wiąże się z poznaniem wpływu genotypu na ich kształtowanie.

W pracy została postawiona hipoteza iż polimorfizm wybranych genów wpływa na kształtowanie się wydajności mlecznej oraz składu chemicznego mleka.

Celem pracy jest:

- identyfikacja polimorfizmu genów *PIT-1*, *GHRH*, *GH*, *IGF-1*, oraz określenie ich związku z wydajnością mleczną oraz składem chemicznym mleka krów rasy holsztyńsko-fryzyjskiej w odniesieniu do różnych systemów utrzymania.
- określenie częstotliwości występowania genotypów i alleli

Celem pracy jest ustalenie czy polimorfizm wybranych genów wpływa istotnie na wartości analizowanych cech. Ponadto analiza wpływu polimorfizmu na wybrane cechy została wzbogacona o zbadanie czy te same wersje alleliczne będą wpływały na poziom cechy w różnych systemach utrzymania. Następnym prowadzonych badań jest ustalenie czy wybrane geny mogą być kandydatami na markery genetyczne analizowanych cech mleczności u bydła holsztyńsko-fryzyjskiego.

3. Materiał i metody

3.1. Materiał zwierzęcy

Badaniami objęto 295 krów rasy holsztyńsko-fryzyjskiej odmiany czarno-białej. Krowy w obu stadach podlegały ocenie Polskiej Federacji Hodowców Bydła i Producentów Mleka. Badane osobniki pochodziły z dwóch stad o różnym systemie utrzymania zlokalizowanych na terenie województwa kujawsko-pomorskiego. Stado utrzymywane z dostępem do wybiegu (stado 1) liczyło 149 krowy. Natomiast stado utrzymywane alkiezowo (stado 2) liczyło 146 osobników. Dane analizowane dotyczące użytkowości badanych krów uzyskano z dokumentacji hodowlanej prowadzonej przez gospodarstwa.

Zgromadzone dane stanowiły zbiór informacji o dojach wykonanych dziecięciokrotnie w okresie roku.

W badaniach uwzględniono następujące cechy :

- średnia dobowa wydajność mleka [kg]
- zawartość laktozy [%]
- zawartość mocznika [mg/l]
- zawartość suchej masy [%]
- liczba komórek somatycznych [$1000 \cdot \text{ml}^{-1}$]
- zawartość tłuszczu w mleku [%]
- zawartości białka w mleku [%]

Cechy były analizowane z uwzględnieniem :

- kolejności laktacji,
- systemu utrzymania

3.2. Badania molekularne

Praca powstała z wykorzystaniem aparatury zakupionej w ramach projektu „Realizacja II etapu Regionalnego Centrum Innowacyjności” współfinansowanego ze środków Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego w ramach Regionalnego Programu Operacyjnego Województwa Kujawsko-Pomorskiego w latach 2007-2013.

3.2.1. Izolacja DNA

Do badań molekularnych wykorzystano krew pobraną z żyły jarzmowej do próbek zawierających antykoagulant K₃EDTA. Do izolowania DNA użyto zestawu Master PureTM Genomic DNA Purification Kit for Blood.

Do próbki przeniesiono 80 µl krwi i następnie dodano 600 µl Red Cell Solution. Zawiesinę została wymieszana oraz inkubowana przez 5 min w temperaturze pokojowej po czym wirowana przez 2 minuty z szybkością 12000 rpm. Powstały supernatant został usunięty natomiast do pozostałej zawiesiny dodano 300 µl Tissue and Cell Solution. Zawiesinę i reagent połączono wielokrotnie mieszając. Kolejnym etapem było dodanie 1 µl RNAzy i pozostawienie przez 30 minut w temperaturze 37 °C. Po upływie 30 minut dodano 175 µl MPC Protein Precipitation Reagent. Zawiesina została wymieszana oraz zwirowana w czasie 10 minut. W wyniku wirowania wytrąceniu uległ supernatant który przeniesiono do nowej próbki. Następnie dodany został izopropanol w objętości 300 µl. Mieszanina została pozostawiona w temperaturze pokojowej przez pół godziny. Kolejnym etapem było dwukrotne przemycie wytrąconego DNA 70 % etanolem, który został następnie całkowicie usunięty. Ostatnim etapem było dodanie 50 µl buforu TE.

3.2.2. Analiza ilościowa i jakościowa

Analizę ilościową wykonano przy użyciu spektrofotometru NanoDrop firmy Thermo Scientific. Uzyskane DNA posiadało koncentrację 100 µg/ml. Analizę jakościową wykonano w żelu agarozowym 2% z użyciem barwnika Midori Green DNA Stain firmy Nippon Genetic. Następnie dokonano rozdzielania elektroforetycznego w jednokrotnym buforze TBE przez 60 minut pod napięciem 110 V. Po wykonaniu elektroforezy żele zostały poddane wizualizacji w świetle UV.

3.3. Reakcja łańcuchowa polimerazy (PCR)

Amplifikacja materiału genetycznego została poczyniona w oparciu o metodę PCR. Pierwszym etapem procesu było stworzenie mieszaniny reakcyjnej składającej się z : 1 µl DNA, wody, buforu, odpowiednich dla każdego genu starterów, dNTP oraz polimerazy. Profil termiczny został

wyznaczony dla każdego genu osobno. Powstały produkt PCR w celu sprawdzenia jego jakości został rozdzielony elektroforetycznie pod napięciem 120 V przez 60 minut. Po wykonaniu elektroforezy żele zostały poddane wizualizacji w świetle UV.

3.3.1. Identyfikacja polimorfizmu genu *PIT-1/HinfI*

Analizowano polimorfizm w odcinku o długości 451 par zasad z użyciem starterów według Dybus i wsp. [2004] F 5'-AAACCATCATCTCCCTTCTT-3' i R -5'-AATGTACAATGTGCCTTCTGAG-3'.

Reakcje PCR prowadzono wykorzystując profil termiczny : 94,5° C przez 5 min, 30 cykle 94° C 40 s, 51,7° C 40 s, 72 °C 40s, zakończenie syntezy 72 °C przez 4 min.

Produkt PCR został poddany działaniu enzymu restrykcyjnego *HinfI* przez 3 godziny w temperaturze 37°C. Fragmenty restrykcyjne rozdzielono w żelu agarozowym 2% (Prona) z użyciem Medori Green. Następnie zostały poddane wizualizacji w świetle UV.

Otrzymano następujące fragmenty restrykcyjne: 451 pz - genotyp AA; 451 pz, 244 pz, 207 pz - genotyp AB; 244 pz, 207 pz – genotyp BB. Identyfikowano długość fragmentów z użyciem markera długości pUC19/*MspI* [Dybus i wsp. 2004].

3.3.2. Identyfikacja polimorfizmu genu *GHRH/BsuRI*

Analizowano polimorfizm w odcinku o długości 297 par zasad z użyciem starterów według Dybus i wsp. [2006] F 5'-TTCCCAAGCCTCTCAGGTAA -3' i R -5'-GCGTACCGTGGAATCCTAGT -3'.

Reakcje PCR prowadzono wykorzystując profil termiczny : 94,5° C przez 5 min, 30 cykle 94° C 40 s, 57,6° C 40 s, 72 °C 40s, zakończenie syntezy 72 °C przez 5 min.

Produkt PCR został poddany działaniu enzymu restrykcyjnego *BsuRI* przez 4 godziny w temperaturze 37°C. Fragmenty restrykcyjne rozdzielono w żelu agarozowym 2% (Prona) z użyciem Medori Green. Następnie zostały poddane wizualizacji w świetle UV.

Otrzymano następujące fragmenty restrykcyjne: 242 pz, 55 pz - genotyp AA; 242 pz, 194 pz, 55 pz, 48 pz - genotyp AB; 194 pz, 55 pz, 48 pz – genotyp BB. Identyfikowano długość fragmentów z użyciem markera długości pUC19/*MspI* [Dybus i wsp. 2006].

3.3.3. Identyfikacja polimorfizmu genu *GH/AluI*

Analizowano polimorfizm odcinka o długości 427 par zasad z użyciem starterów według Dybus i wsp. [2002] F 5' CGGACCGTGTCTATGAGAAGC TGAAG-3' i R 5' GTTCTTGAGCAGCGCGTCGTCA -3'.

Reakcje PCR prowadzono wykorzystując profil termiczny : 94° C przez 5 min, 32 cykle 94° C 30 s, 63° C 35 s, 72 °C 60s, zakończenie syntezy 72 °C przez 5 min.

Produkt PCR został poddany działaniu enzymu restrykcyjnego *AluI* przez 4 godziny w temperaturze 37°C. Fragmenty restrykcyjne rozdzielono w 2% żelu agarozowym (Prona) z użyciem Medori Green. Następnie zostały poddane wizualizacji w świetle UV.

Otrzymano następujące fragmenty restrykcyjne: 265 pz, 96 pz, 51pz - genotyp AA; 265 pz, 147 pz, 96 pz, 51 pz - genotyp AB; 265 pz, 147 pz - genotyp BB. Identyfikowano długość fragmentów z użyciem markera długości DNA pUC19/*MspI* [Dybus i wsp. 2002]

3.3.4. Identyfikacja polimorfizmu genu *IGF-1/Eco105I*

Analizowano polimorfizm w odcinku o długości 249 par zasad z użyciem starterów według Szewczuk i wsp. [2012] F 5' ATTACAAAGCTGC CTGCCCC 3' i R 5' ACCTTACCCGTATGAAAGGAATATACGT-3'.

Reakcje PCR prowadzono wykorzystując profil termiczny : 95° C przez 5 min, 32 cykle 95° C 30 s, 62° C 30 s, 72 °C 30 s, zakończenie syntezy 72 °C przez 5 min.

Produkt PCR został poddany działaniu enzymu restrykcyjnego *Eco105I* przez 6 godzin w temperaturze 37°C. Fragmenty restrykcyjne rozdzielono w 2% żelu agarozowym (Prona) z użyciem Medori Green. Następnie zostały poddane wizualizacji w świetle UV.

Otrzymano następujące fragmenty restrykcyjne : 223 pz, 26 pz - genotyp AA; 249 pz, 223pz, 26 pz - genotyp AB; 249 pz - genotyp BB Identyfikowano długość fragmentów z użyciem markera długości pUC19/*MspI* [Szewczuk i wsp. 2012].

3.4. Analiza polimorfizmu genetycznego

W oparciu o zidentyfikowany polimorfizm fragmentów genów *PIT-1*, *GHRH*, *GH*, *IGF-1* określono częstość występowania genotypów i alleli. Określono także czy badane stada charakteryzują się równowagą genetyczną zgodnie z regułą Hardy'ego-Wainberga.

3.5. Analiza statystyczna

Uzyskane wyniki dotyczące wydajności mlecznej oraz ilości składników chemicznych w mleku opracowano statystycznie za pomocą programu SAS w oparciu o procedurę MEAN (SAS program), wykorzystując analizę wariancji wieloczynnikowej metodą najmniejszych kwadratów. Wykorzystano procedurę GML programu SAS.

Do analizy cech produkcyjnych z uwzględnieniem : systemu utrzymania, kolejnych laktacji i genotypu wykorzystano następujący model

$$Y = \mu + a_i + b_j + c_k + d_l + f_m + g_n + e_{ijklmno}$$

μ - średnia ogólna

a_i - efekt systemu utrzymania (1,2)

b_j - efekt kolejnej laktacji (I,II,III)

c_k - efekt genotypu *PIT-1* (1-AA, 2-AB- 3-BB)

d_l - efekt genotypu *GH* (1-AA, 2-AB- 3-BB)

f_m - efekt genotypu *GHRH* (1-AA, 2-AB- 3-BB)

g_n - efekt genotypu *IGF-1* (1-AA, 2-AB- 3-BB)

e_{ijklmn} - błąd losowy

Średnie wartości obliczono metodą najmniejszych kwadratów (LSM). Różnice istotne statystycznie zostały zweryfikowane za pomocą testu Scheffé na poziomie istotności $p \leq 0,05$.

4. Wyniki

4.1. Charakterystyka stad pod względem analizowanych cech z uwzględnieniem kolejnych laktacji

Osobniki utrzymywane w stadzie wolnowybiegowym w pierwszej laktacji wykazywały wyższe średnie dobowe udoje w porównaniu z krowami utrzymywanymi na uwięzi. Natomiast w dwóch kolejnych laktacjach krowy ze stada pierwszego charakteryzowały się niższą średnią dobową wydajnością mleczną w porównaniu z osobnikami utrzymywanymi alkierzowo. W przypadku obu stad wartości średnich wydajności wzrastały w kolejnych laktacjach.

Procentowa zawartość tłuszczu w przypadku stada utrzymywanego wolnowybiegowego charakteryzowały się wzrostem wartości w kolejnych laktacjach. W pierwszej laktacji procentowy udział tłuszczu odnotowano na poziomie 3,79% w drugiej 3,78% natomiast w trzeciej 4,00%. W przypadku drugiego systemu utrzymania procentowa zawartość tłuszczu w mleku w kolejnych laktacjach ulegała zmniejszeniu. Najwyższą wartość odnotowano w pierwszej laktacji (4,19%) ponadto była to również najwyższa wartość osiągnięta w obu stadach. Kolejne laktacje charakteryzowały się niższymi wartościami tłuszczu w mleku (3,9% i 3,89%) (tabela 1).

Procentowa zawartość białka w mleku krów z dostępem do wybiegu w pierwszej i trzeciej laktacji osiągnęły identyczną wartość (3,25%). Mleko pozyskane w drugiej laktacji charakteryzowało się wyższą procentową zawartością białka (3,28%). W stadzie utrzymywanym alkierzowo zaobserwowano widoczny spadek zawartości białka w kolejnych laktacjach. W pierwszej laktacji mleko charakteryzowało się najwyższą procentową zawartością białka (3,53%). Ponadto wartość 3,53% była najwyższą odnotowaną procentową zawartością białka w mleku w obu analizowanych stadach. W kolejnych laktacjach zaobserwowano niższe wartości cechy 3,49% i 3,39% (tabela 1).

Procentowa zawartość laktozy w przypadku obu stad wykazywała systematyczny spadek w kolejnych laktacjach. Porównując oba stada wyższe wartości odnotowane były w mleku krów utrzymywanych z dostępem do wybiegu. W pierwszej laktacji odnotowano zawartość na poziomie 4,93% co stanowi najwyższą uzyskaną w obu stadach. W kolejnych laktacjach widoczny był spadek zawartości laktozy w mleku. W drugiej laktacji procentowa zawartość laktozy wyniosła 4,82% natomiast w trzeciej 4,74%. W przypadku stada utrzymywanego alkierzowo w pierwszej laktacji zaobserwowano najwyższą zawartość laktozy w mleku (4,84%). W kolejnych laktacjach odnotowano jednakową wartość (4,71%) (tabela 1).

Procentowa zawartość suchej masy również charakteryzuje się spadkiem w kolejnych laktacjach w mleku pozyskanym w obu stadach. Wyższe wartości odnotowano w przypadku mleka pochodzącego ze stada utrzymywanego z dostępem do wybiegu. Wartość osiągnięta w pierwszej laktacji wyniosła (15,42%) jest równocześnie najwyższą notą dla obu stad. W kolejnych laktacjach mleko krów ze tego stada charakteryzowało się spadkiem zawartości suchej masy (13,24 % i 12,68%). Mleko pozyskane ze stada utrzymywanego alkiejzowo również w pierwszej laktacji wykazało najwyższą zawartość suchej masy (13,18%). W kolejnych laktacjach procentowy udział suchej masy w mleku wykazywał nieznaczny spadek (12,74% i 12,70%) (tabela 1).

Wyższą zawartością mocznika charakteryzowało się mleko krów z dostępem do wybiegu. W przypadku tego stada najniższą wartość odnotowano w pierwszej laktacji. W kolejnych laktacjach poziom cechy ulega wzrostowi. Wartość odnotowana w trzeciej laktacji (279,93 mg/l) jest jednocześnie najwyższym zaobserwowanym wynikiem. Przeciwnie cecha ta kształtowała się w mleku krów utrzymywanych alkiejzowo. Najwyższą koncentrację mocznika obserwowano w pierwszej laktacji (235,36 mg/l). W kolejnych ulegała ona zmniejszeniu. Wartość odnotowana w trzeciej laktacji stanowi najniższą notę w przypadku obu stad (tabela 1).

Wyższą liczbę komórek somatycznych stwierdzono w mleku krów utrzymywanych alkiejzowo. W stadzie utrzymywanym z dostępem do wybiegu liczba komórek somatycznych była niższa. W obu badanych populacjach liczba komórek somatycznych wzrastała w kolejnych laktacjach (tabela 1).

Tabela 1. Charakterystyka statystyczna wydajności oraz składu chemicznego mleka w badanych stadach

System utrzymania	Cecha															
	Laktacja		Srednia dobowa wydajność mleka [kg]		Tłuszcz [%]		Białko [%]		Laktoza [%]		Sucha masa [%]		Mocznik [mg/l]		Liczba komórek somatycznych [1000*ml ⁻¹]	
	LSM	SE	LSM	SE	LSM	SE	LSM	SE	LSM	SE	LSM	SE	LSM	SE	LSM	SE
Wolnybiegony	1	24,39	6,85	3,79	0,92	3,25	0,34	4,93	0,19	15,42	1,4	262,1	98,94	4,80	1,4	
	2	25,08	8,28	3,78	1,00	3,28	0,37	4,82	0,34	13,42	1,8	269,01	96,94	5,46	1,6	
	3	26,73	8,72	4,00	1,13	3,25	0,35	4,74	0,30	12,68	1,28	279,93	110,7	5,76	1,89	
Alfabetowy	1	23,32	7,76	4,19	0,87	3,53	0,44	4,84	0,26	13,18	1,22	235,36	69,18	5,60	1,30	
	2	26,74	10,16	3,90	1,04	3,49	0,43	4,71	0,30	12,74	1,29	225,26	71,03	5,95	1,48	
	3	29,75	10,07	3,89	0,94	3,39	0,38	4,71	0,38	12,7	1,21	220,71	73,21	6,14	1,49	

4.2. Charakterystyka genetyczna analizowanych stad

Strukturę genetyczną badanych stad krów przedstawiono w tabeli 2. Badane krowy należące do dwóch stad o odmiennym systemie utrzymania różniły się między sobą strukturą genetyczną (frekwencja genów i genotypów) w obrębie analizowanych genów : *PIT-1/HinfI*, *GHRH/BsuRI*, *GH/AluI*, *IGF-1/Eco105I*. W analizowanych stadach rozkład genotypów był bardzo zróżnicowany co przedstawia tabela 2.

Frekwencja genotypów w przypadku genu *GH/AluI* wykazuje zbliżone wartości w obu stadach. Dominują osobniki o genotypie *AA* w obu stadach. Najrzadziej wystąpiły homozygotyczne osobniki *BB* (tabela 2).

W stadzie utrzymywanym wolnowybiegowo dominowały osobniki o genotypie *AB* w przypadku genu *GHRH/BsuRI*. W drugim analizowanym stadzie również heterozygotyczne krowy odnotowano z największą częstością natomiast zbliżoną frekwencją odznaczały się osobniki o genotypie *AA*. W pierwszym stadzie najrzadziej odnotowano osobniki o genotypie *AA* w drugim stadzie z najmniejszą częstością odnotowano osobniki o genotypie *BB* (tabela 2).

Najczęściej pojawiającym się genotypem w przypadku genu *PIT-1/HinfI* były krowy heterozygotyczne, najrzadziej natomiast odnotowano osobniki o genotypie *AA* w obu stadach (tabela 2).

Podobnie najczęściej odnotowanym genotypem pod względem genu *IGF-1/Eco105I* były osobniki o genotypie *AB*, natomiast najrzadziej krowy o genotypie *BB* w obu stadach (tabela 2).

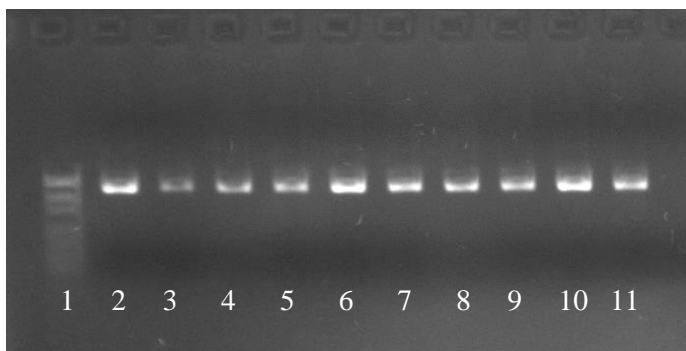
Tabela 2. Struktura genetyczna badanych stad

Gen	Genotyp	System utrzymywania									
		Wolnowybiegowy (1)					Alkierzowy (2)				
		n = 146					n = 149				
		n		Frekwencja		Chi ²	n		Frekwencja		Chi ²
obszerniowa	oczekiwana	obszerniowa	oczekiwana		obszerniowa	oczekiwana	obszerniowa	oczekiwana			
PIT-I-HinII	AA	6	0,04	0,16		25	0,17	0,25		3,045	
	AB	101	0,72	0,115		105	0,70	0,115			
	BB	34	0,24	0,36		19	0,13	0,23			
	A	-	0,40	-		-	0,50	-			
	B	-	0,60	-		-	0,48	-			
CHRI- EcoRI	AA	10	0,07	0,148		50	0,34	0,319		0,899	
	AB	90	0,63	0,112		67	0,45	0,121			
	BB	42	0,30	0,378		32	0,21	0,189			
CH-Alu I	A	-	0,385	-		-	0,365	-			
	B	-	0,615	-		-	0,435	-			
	AA	119	0,83	0,82		123	0,83	0,792		0,828	
	AB	22	0,15	0,011		20	0,13	0,017			
	BB	1	0,02	0,007		6	0,04	0,011			
IGF-I- Eco10SI	A	-	0,91	-		-	0,89	-			
	B	-	0,082	-		-	0,105	-			
	AA	51	0,36	0,202		43	0,29	0,202		3,119	
	AB	65	0,46	0,078		81	0,54	0,078			
	BB	26	0,18	0,194		25	0,17	0,194			
	A	-	0,59	-		-	0,45	-			
	B	-	0,41	-		-	0,44	-			

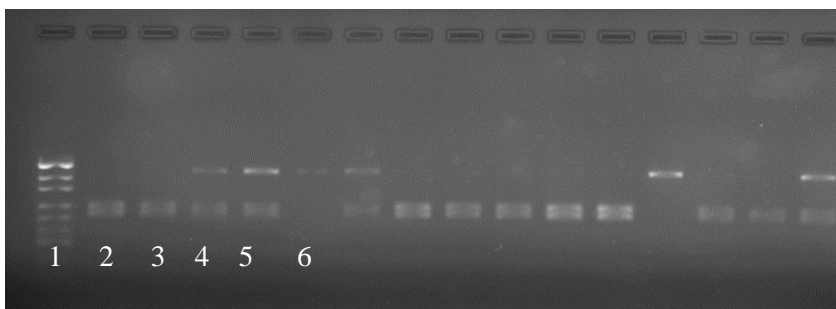
Chi > 5,9 nieistotne Chi < 5,9 w równowadze genetycznej

4.2.1 Polimorfizm *PIT-1/HinfI*

W obu stadach zostały zidentyfikowane wszystkie genotypy *AA*, *AB* i *BB* w locus *PIT-1/HinfI* (fot. 1). W analizowanych populacjach najczęstszym genotypem były heterozygoty. W stadzie utrzymywanym alkiezowo występowały w częstotliwości 0,7 natomiast w wolnowybiegowym 0,72 (tabela 2).



Fot. 1 Produktu PCR dla genu *PIT-1* 1 – marker długości fragmentów pUC 19-*MspI*-1, 2 – 11 produkt PCR o długości 451 pz.

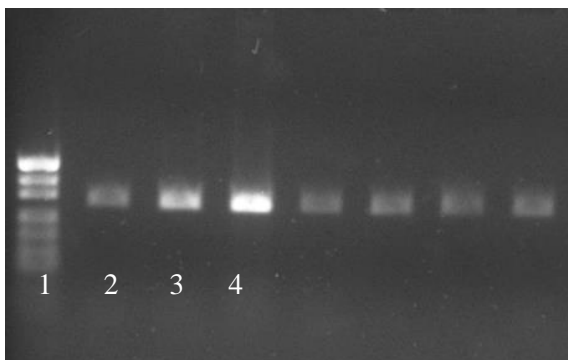


Fot. 2 Identyfikacja genotypów *PIT-1/HinfI* genotyp : *AA*-6, *AB*-4, *BB*-2; DNA marker pUC 19-*MspI*-1.

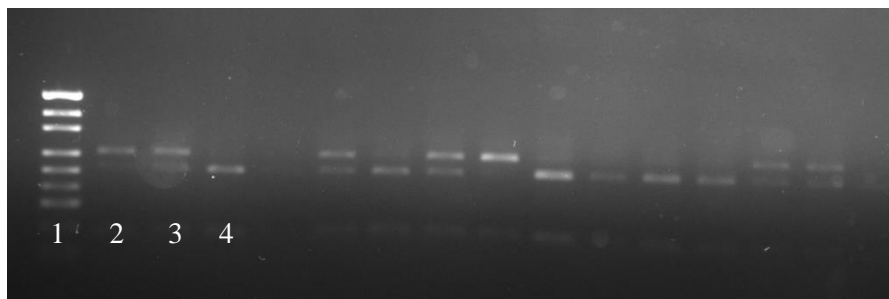
Najrzadziej odnotowanym genotypem również w przypadku pierwszego stada była homozygota *AA*. Genotyp ten pojawił się w tym stadzie z częstotliwością 0,04. W drugim stadzie najrzadziej odnotowano osobniki o genotypie *BB* (0,13). Frekwencja genu *A* w pierwszym stadzie wyniosła 0,40 w drugim natomiast 0,50. W przypadku genu *B* częstość jego wystąpienia odnotowano w pierwszym stadzie na poziomie 0,60 w drugim 0,48 (tabela 2). Badane populacje były w stanie równowagi genetycznej w odniesieniu do prawa Hardyego-Weinberga (tabela 2).

4.2.2. Polimorfizm *GHRH/BsuRI*

W obu stadach odnotowano występowanie wszystkich genotypów w locu *GHRH/BsuRI* (*AA*, *AB*, *BB*) (fot. 4). W stadzie z dostępem do wybiegu najczęściej obserwowano występowanie heterozygotycznych krów (0,63). Homozygotyczne osobniki *BB* pojawiały się z częstotliwością 0,3. Zdecydowanie najrzadziej odnotowano zwierzęta o genotypie homozygot *AA* (0,07). Frekwencja genu *A* wyniosła 0,39 natomiast genu *B* 0,62 (tabela 2).



Fot. 3 Produktu PCR dla genu *GHRH 1* - marker długości fragmentów pUC 19-*MspI*-1, 2 – 4 produkt PCR o długości 297 pz.

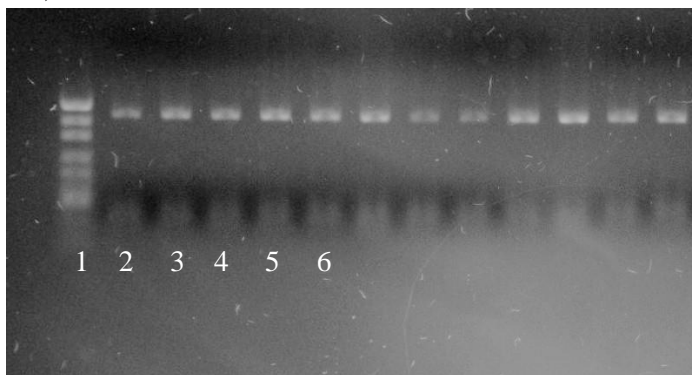


Fot. 4 Identyfikacja genotypów *GHRH/BsuRI* genotyp : *AA*-2, *AB*-3, *BB*-4; DNA marker pUC 19-*MspI*-1

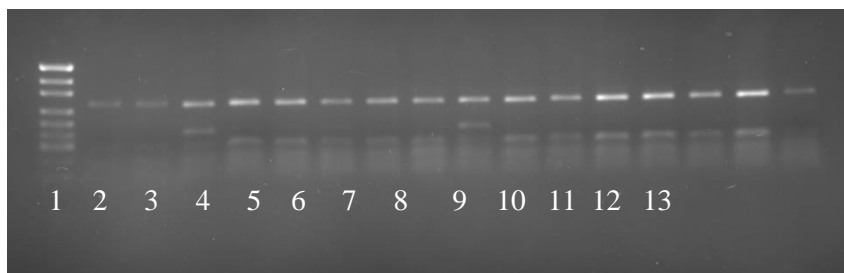
W drugim analizowanym stadzie rozkład częstotliwości genotypów charakteryzuje się większą równomiernością. Podobnie jak w przypadku pierwszego stada w drugim heterozygotyczne osobniki wystąpiły z największą częstością (0,45). Homozygotyczne krowy *AA* pojawiły się z częstością 0,34. Natomiast genotyp *BB* charakteryzował się frekwencją 0,21. Frekwencja genu *A* wyniosła 0,57 a genu *B* 0,43 czyli odmiennie niż w przypadku pierwszego stada (tabela 2). Badane populacje były w stanie równowagi genetycznej w odniesieniu do prawa Hardyego-Weinberga (tabela 2).

4.2.3. Polimorfizm *GH/AluI*

Stwierdzono występowanie trzech genotypów *AA*, *AB* i *BB* w locus *GH/AluI* w obu stadach co przedstawia fotografia nr 6. W obu stadach najczęściej obserwowany był genotyp homozygotyczny *AA GH-AluI*. Częstotliwości pojawienia się tego genotypu w obu stadach wynosiły 0,83 (tabela 2).



Fot. 5 Produktu PCR dla genu *GH* 1 – marker długości fragmentów pUC 19-*MspI*-1, 2 – 13 produkt PCR o długości 428 pz.

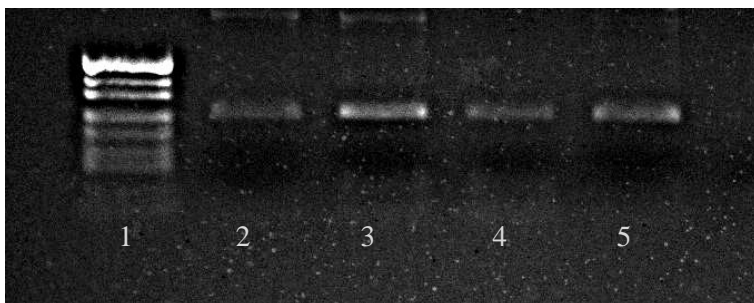


Fot. 6 Identyfikacja genotypów *GH/AluI* genotyp : *AA*-2, *AB*-4; DNA marker pUC 19-*MspI*-1.

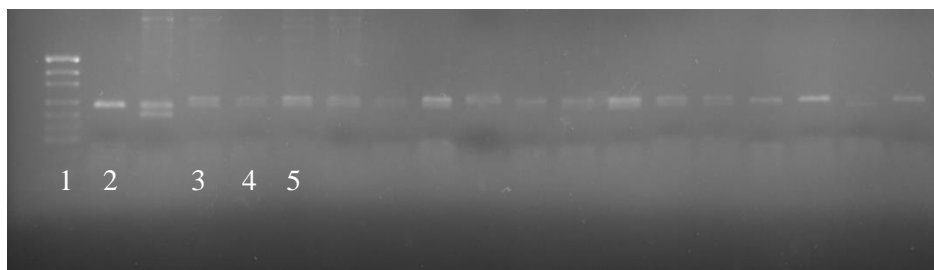
Najrzadziej pojawiły się osobniki o genotypie *BB*. W stadzie utrzymywanym alkiezowo stwierdzono sześć osobników, a w stadzie z dostępem do wolnych wybiegów odnotowano jednego osobnika. Frekwencja heterozygotycznych krów była zbliżona w obrębie analizowanych stad. W stadzie z dostępem do wybiegu występowały z częstością 0,15 natomiast w przypadku drugiego stada 0,13. W pierwszym stadzie frekwencja genu *A* wyniosła 0,91 a genu *B* 0,09. W drugim stadzie frekwencja genu *A* wyniosła 0,89 a genu *B* 0,11 (tabela 2). Badane populacje były w stanie równowagi genetycznej w odniesieniu do prawa Hardyego-Weinberga (tabela 2)

4.2.4. Polimorfizm *IGF-1/Eco 105I*

W obu stadach odnotowano występowanie wszystkich genotypów w locus *IGF-1/Eco 105I* (AA, AB, BB) (fot. 8). W obu stadach najczęściej odnotowanym genotypem były heterozygoty uzyskując odpowiednio frekwencję w pierwszym stadzie 0,46 w drugim 0,54 (tabela 2).



Fot. 7 Produktu PCR dla genu *IGF-1* 1 – marker długości fragmentów pUC 19-*MspI*-1, 2 – 5 produkt PCR o długości 249 pz.



Fot. 8 Identyfikacja genotypów *IGF-1/Eco 105I* genotyp : AA-2, AB- 3,4,5 BB-6
DNA marker pUC 19-*MspI*-1-1

Homozygotyczne osobniki AA w stadzie pierwszym charakteryzowały się częstością 0,36 w drugim 0,29. Najrzadziej odnotowano krowy o genotypie BB które w obu stadach uzyskały zbliżona wartość w pierwszym 0,18 w drugim natomiast 0,17. W pierwszym stadzie frekwencja genu A wyniosła 0,56 natomiast genu B 0,44. W drugim stadzie frekwencja genu A wyniosła 0,54 genu B 0,46 (tabela 2). Badane populacje były w stanie równowagi genetycznej w odniesieniu do prawa Hardyego-Weinberga (tabela 2).

4.3 Polimorfizm genetyczny *PIT-1/HinfI*, *GHRH/BsuRI*, *GH/AluI*, *IGF-1/Eco 105I a*, średnia dobowa wydajność mleka

4.3.1. Polimorfizm *PIT-1/HinfI*

Średnia dobowa wydajność mleka była analizowana w odniesieniu do trzech następujących po sobie laktacjach.

W stadzie utrzymywanym wolnowybiegowo w pierwszej laktacji najwyższą wartość średniej dobowej wydajności odnotowano u krów o genotypie *AA* (28,52 kg) niższą natomiast zaobserwowano u krów o genotypie *BB* (27,42 kg). Różnice wartości średniej dobowej wydajności między genotypami w pierwszej laktacji nie były istotne statystycznie (tabela 3). Średnie dobowe wydajności w drugiej laktacji charakteryzowały się niższymi wartościami w porównaniu z pierwszą. W drugiej laktacji najwyższą średnią dobową wydajnością charakteryzowały się osobniki heterozygotyczne (28,60 kg), najniższą natomiast krowy o genotypie *BB* (24,84 kg). Różnice pomiędzy wartościami prezentowanymi przez te zwierzęta były istotne statystycznie. Najkorzystniejszym genotypem w odniesieniu do średniej dobowej wydajności mlecznej okazał się genotyp *AB*. Najmniej korzystnym wariantem genetycznym był genotyp *BB* (tabela 3). W trzeciej laktacji to osobniki o genotypie *AA* charakteryzowały się najwyższą średnią dobową wydajnością (28,54 kg), heterozygotyczne osobniki natomiast najniższą (25,5 kg). Wyniki odnotowane w trzeciej laktacji nie były istotne statystycznie. Zestawiając trzy laktacje najkorzystniejszymi pod względem średniej dobowej wydajności mlecznej okazały się osobniki heterozygotyczne (27,4 kg). Najniższą mlecznością charakteryzowały się osobniki o genotypie *BB* (26,35 kg). Różnice między zaobserwowanymi wartościami nie okazały się istotne (tabela 4).

W stadzie utrzymywanym alkierzowo był widoczny wzrost średnich dobowych wydajności wraz z kolejną laktacją. Ponadto osobniki z tego stada osiągały wyższą średnią dobową wydajność niż w przypadku krów ze stada pierwszego. W dwóch pierwszych laktacjach najwyższą średnią wydajność zaobserwowano u osobników o genotypie *AB* (26,48 kg i 27,08 kg) najniższą u krów homozygotycznych *BB* (22,97 kg i 25,87 kg) (tabela 3). W trzeciej laktacji osobniki o genotypie *AA* wykazywały najwyższą średnią dobową wydajność mleka (30,02 kg) natomiast heterozygotyczne zwierzęta najniższą (28,92 kg). Istotności odnotowano w pierwszej laktacji. Najkorzystniejszym genotypem w odniesieniu do analizowanej cechy była heterozygota. Najmniej korzystnym wariantem genetycznym była homozygota *BB*. W dwóch kolejnych laktacjach różnice nie okazały się istotne statystycznie (tabela 3). Podobnie jak w przypadku pierwszego stada, w tym systemie utrzymania łącznie dla trzech laktacji, heterozygotyczne krowy wykazywały najwyższą dobową mleczność (26,12 kg) natomiast najniższą osobniki o genotypie *AA* (24,78 kg) (tabela 4).

W obu stadach osobniki heterozygotyczne były związane z wysoką średnią dobową wydajnością mleczną. Natomiast z niską wartością cechy w dwóch systemach utrzymania wiążą się osobniki o odmiennych genotypach. W pierwszym stadzie są to homozygoty *BB* w drugim stadzie homozygoty *AA* (tabela 4)

4.3.2. Polimorfizm *GHRH/BsuRI*

Średnia dobową wydajność mleczną w stadzie utrzymywanym alkiezowo wykazywała wzrost we wszystkich analizowanych laktacjach. W pierwszych dwóch laktacjach najkorzystniejszy wariant cechy obserwowano w przypadku osobników heterozygotycznych (24,10 kg i 27,07 kg). W trzeciej laktacji najwyższa wydajność mleczna widoczna była u krów o genotypie *AA* (31,87 kg) co stanowiło również najwyższą wartość w obu stadach. Najniższą dobową wydajność mleczną w pierwszej laktacji zaobserwowano u krów o genotypie *AA* (23,32 kg). W kolejnych laktacjach najniższą wartość cechy wykazywały osobniki homozygotyczne *BB* (25,77 kg i 27,59 kg). W trzeciej laktacji różnice pomiędzy wartościami średnich dobowych wydajności w mleku osobników o genotypach *AA* i *AB* oraz *AA* i *BB* okazały się istotne. Najkorzystniejszym wariantem genetycznym w odniesieniu do wysokiej średniej dobowej wydajności mlecznej była homozygota *AA*. Najmniej korzystnym genotypem związanym z analizowaną cechą była homozygota *BB* (tabela 3).

W stadzie z dostępem do wybiegu nie obserwowano tendencji wzrostu średniej dobowej wydajności wraz z kolejną laktacją. W pierwszych dwóch laktacjach najwyższą wartość średniej dobowej wydajności mlecznej osiągnęły osobniki o genotypie *BB* (28,96 kg i 26,42 kg). Ponadto w analizowanych laktacjach różnice pomiędzy wartościami prezentowanymi przez osobniki homozygotyczne *BB* i heterozygotyczne były istotne statystycznie. Najkorzystniejszym wariantem genetycznym w pierwszej i drugiej laktacji w odniesieniu do średniej dobowej wydajności mlecznej była homozygota *BB*. Najmniej korzystnym genotypem w przypadku średniej dobowej wydajności była homozygota *AA*. W trzeciej laktacji krowy o genotypie *AB* charakteryzowały się najwyższą średnią dobową wydajnością (28,21 kg). Różnice odnotowane w przypadku tej laktacji nie były istotne statystycznie. Z kolei osobniki o genotypie *AB* w pierwszej laktacji odznaczały się najniższym poziomem średniej dobowej wydajności (26,68 kg). W kolejnych laktacjach zwierzęta homozygotyczne *AA* wykazywały najniższą średnią dobową mleczność (24,47 kg i 21,83 kg) (tabela 3).

Analizując łącznie trzy laktacje w systemie utrzymania z dostępem do wybiegu najwyższą średnią dobową wydajność była udziałem krów o genotypie *BB*. W drugim stadzie osobniki heterozygotyczne charakteryzowały się

najwyższą średnią dobową wydajnością. Niską średnią dobową wydajnością mleczną wśród krów z dostępem do wybiegu charakteryzowały się zwierzęta homozygotyczne *AA* w drugim stadzie osobniki o genotypie *BB*. Różnice pomiędzy wartościami wykazały istotność w obu analizowanych stadach. W obu stadach różne genotypy okazały się korzystne wpływając na kształtowanie wysokiej średniej dobowej wydajności mlecznej. W pierwszym stadzie najkorzystniejszym okazał się genotyp *BB* w drugim *AB*. Najmniej wartościowym genotypem w pierwszym stadzie odniesieniu do badanej cechy okazał się genotyp *AA* w drugim *BB* (tabela 4).

Tabela 3. Średnią dobową wydajność mleczną z uwzględnieniem polimorfizmu genetycznego, laktacji i systemu utrzymania

System utrzymania	Laktacja	Genotypy	Średnia dobową wydajność mleka (kg)			
			<i>PIT-1/Hinfl</i>	<i>GHRH/BsuRI</i>	<i>GH/AluI</i>	<i>IGF-1/Eco105I</i>
			LSM	LSM	LSM	LSM
Wolnowybiegowy	1	AA	28,52	28,16	27,14**	27,96
		AB	27,85	26,68**	24,68**	28,77
		BB	27,42	28,96**	31,98**	25,83
	2	AA	24,50**	24,47	28,23	24,51**
		AB	28,60	25,14**	25,37	26,75**
		BB	24,83**	26,42**	23,42	24,76**
	3	AA	28,54	21,83	28,93	25,06**
		AB	25,50	28,21	24,50	30,70**
		BB	26,35	28,03	30,73	24,74**
Alkierzowy	1	AA	23,43**	23,32	22,59**	23,66
		AB	24,68**	24,10	22,56**	23,85
		BB	22,97**	23,68	25,93**	23,57
	2	AA	25,89	26,24	26,35	25,18**
		AB	27,08	27,07	25,14	30,24**
		BB	25,87	25,77	27,33	26,79
	3	AA	30,02	31,87**	29,46**	31,44
		AB	28,92	29,00**	27,89**	30,00
		BB	29,52	27,59**	31,10**	27,01

** różnice istotne statystycznie $p \leq 0,05$

Tabela 4. Średnia dobową wydajność mleczną z uwzględnieniem polimorfizmu genetycznego, i systemu utrzymania dla trzech laktacji łącznie

<i>System utrzymania</i>	Genotyp	Średnia dobową wydajność mleczną [kg]							
Wolnowybiegowy		<i>PIT-1/HinfI</i>		<i>GHRH/ BsuRI</i>		<i>GH/AluI</i>		<i>IGF-1/Eco 105I</i>	
		LSM	SE	LSM	SE	LSM	SE	LSM	SE
Wolnowybiegowy	<i>AA</i>	27,33	6,9	26,47**	8,22	27,56**	7,71	26,65**	8,01
	<i>AB</i>	27,45	7,68	26,89**	7,73	25,76**	7,73	28,12**	7,31
	<i>BB</i>	26,77	8,04	28,25**	7,57	29,53	6,84	26,55**	7,95
Alkierzowy	<i>AA</i>	24,78**	8,81	25,89**	9,92	25,81**	9,53	25,43**	9,08
	<i>AB</i>	26,12**	9,49	26,08**	9,34	24,62**	8,99	26,02**	9,55
	<i>BB</i>	24,85	9,74	24,71**	8,73	27,73**	8,39	25,37**	9,64

** różnice istotne statystycznie $p \leq 0$

4.3.3. Polimorfizm *GH/AluI*

W stadzie użytkowanym wolnowybiegowo najwyższą wartość średniej dobowej wydajności mlecznej odnotowano w przypadku osobników o genotypie *BB*. Tendencja ta była widoczna w pierwszej (31,98 kg) i trzeciej laktacji (30,73 kg). Wartym podkreślenia jest fakt, iż w pierwszej laktacji różnice pomiędzy wartościami średniej dobowej wydajności prezentowanymi przez wszystkie genotypy były istotne. Najkorzystniejszym wariantem genetycznym w odniesieniu do analizowanej cechy była homozygota *BB*. Natomiast genotypem najmniej korzystnym pod względem średniej dobowej wydajności była heterozygota. W drugiej laktacji najwyższe średnie dobowe wydajności charakteryzowały krowy o genotypie homozygoty *AA* (28,23 kg). Osobniki o genotypie *AB* w pierwszej (24,68 kg) i trzeciej laktacji (24,50kg) wykazywały najniższą średnią dobową wydajność. Natomiast w drugiej laktacji najniższą wartość średniej dobowej wydajności prezentowały osobniki o genotypie *BB* (23,42 kg). Różnice między wartościami w kolejnych laktacjach nie były istotne statystycznie (tabela 3).

W drugim analizowanym systemie utrzymania wraz z kolejną laktacją wzrastały wartości średniej dobowej wydajności. We wszystkich laktacjach najwyższą średnią dobową wydajność zaobserwowano u osobników o genotypie *BB* natomiast najniższą u krów heterozygotycznych. W pierwszej oraz trzeciej laktacji istotnie różniły się średnie dobowe wydajności osiągnięte przez homozygoty oraz różnice między krowami o genotypie *BB* i *AB*. Najkorzystniejszym genotypem związanym z wysoką wartością średniej dobowej wydajności okazała się homozygota *BB*. Najmniej korzystny poziom średniej dobowej wydajności odnotowano w przypadku osobników o genotypie *AB* (tabela 3).

Analizując łącznie trzy laktacje w obu stadach najwyższe średnie dobowe wydajności osiągały osobniki homozygotyczne *BB*. Najniższe wartości średniej dobowej wydajności były udziałem krów heterozygotycznych (tabela 4). Różnice pomiędzy obserwowanymi wartościami w stadzie alkierzowym były istotne statystycznie. Najkorzystniejszym wariantem genetycznym w odniesieniu do wysokiej średniej dobowej wydajności w przypadku obu stad był genotyp *BB*. Najmniej korzystnym genotypem również w obu systemach utrzymania była heterozygota. W stadzie wolnowybiegowym różnice w wartościach osiągniętych przez osobniki *AA* i *AB* okazały się istotne. Korzystniejszym wariantem genetycznym okazała się homozygota *AA* w porównaniu z heterozygotą (tabela 4).

4.3.4. Polimorfizm *IGF-1/Eco 105I*

Średnia dobową wydajność mleczną różniła się w obu analizowanych stadach. Wyższą średnią dobową mlecznością charakteryzowały się krowy ze stada utrzymywanego alkiezowo. W przypadku tego stada obserwowano tendencję wzrostu średniej dobowej wydajności w kolejnych laktacjach. W pierwszych dwóch laktacjach najwyższą średnią dobową wydajność charakteryzowała osobniki o genotypie *AB* (23,85 kg i 25,18 kg). W trzeciej laktacji osobniki homozygotyczne *AA* wykazywały najwyższą średnią dobową wydajność (31,44 kg). W drugiej laktacji różnice w wykazanych wartościach były istotne statystycznie. Najkorzystniejszym wariantem genetycznym związanym z wysoką średnią dobową wydajnością mleczną okazały się krowy o genotypie *AB*. Najmniej korzystnym genotypem w odniesieniu do średniej dobowej wydajności mlecznej była homozygota *AA*. Najniższe wartości średniej dobowej wydajności odnotowano u osobników o genotypie *BB* w pierwszej (23,57 kg) i trzeciej laktacji (27,01 kg). Niska wartość średniej dobowej wydajności w drugiej laktacji była udziałem krów o genotypie *AA* (25,18 kg) (tabela 3).

Najwyższą średnią dobową wydajność mleczną w przypadku systemu utrzymania wolnowybiegowego we wszystkich analizowanych laktacjach charakteryzowała osobniki o genotypie *AB*. Najmniej mleka w ciągu doby w pierwszej oraz trzeciej laktacji pozyskano od krów o genotypie *BB*. Niskie wartości średniej dobowej wydajności w drugiej laktacji były udziałem zwierząt homozygotycznych *AA*. Różnice istotne statystycznie zostały odnotowane w wartościach prezentowanych w przypadku osobników o genotypie *AA i AB* oraz *AB i BB*, w drugiej i trzeciej laktacji. Korzystniejszym genotypem związanym z wysoką średnią dobową wydajnością mleczną była heterozygota, a najmniej korzystnym wariantem genetycznym była homozygota *AA* (tabela 3).

Analizując łącznie trzy laktacje w obu stadach najwyższą średnią wydajność dobową osiągnęły osobniki o genotypie *AB*. Najmniej mleka w ciągu doby w systemie wolnowybiegowym pozyskiwano od osobników o genotypie *AA* w drugim stadzie od homozygotycznych krów *BB*. Różnice w wartościach osiąganych przez krowy o genotypie *AA i AB* oraz *AB i BB* w pierwszym analizowanym stadzie okazały się istotne. Najkorzystniejszym genotypem w odniesieniu do średniej dobowej wydajności mlecznej okazał się genotyp *AB*. Najmniej korzystnym natomiast genotyp *BB*. Podobnie różnice istotne statystycznie w średnich dobowych wydajnościach zaobserwowano w stadzie alkiezowym pomiędzy krowami o genotypie *AA i AB* oraz *AB i BB*. Najkorzystniejszym genotypem w odniesieniu do średniej dobowej wydajności mlecznej okazał się genotyp *AB*. Najmniej korzystny natomiast genotyp *BB* (tabela 4)

4.4. Polimorfizm genetyczny *PIT-1/HinfI*, *GHRH/BsuRI*, *GH/AluI*, *IGF-1/Eco 105I*, a zawartość tłuszczu w mleku

4.4.1. Polimorfizm *PIT-1/HinfI*, a zawartość tłuszczu

Wysoką zawartością tłuszczu charakteryzowało się mleko krów z systemu utrzymania alkierzowego. W przypadku tego stada oraz pierwszej laktacji najwyższą zawartość tłuszczu (4,28%) zaobserwowano w mleku osobników o genotypie *AA*, najniższą u krów heterozygotycznych (4,16%). Różnice pomiędzy wartościami osobników o genotypach *AB* i *BB* były istotne statystycznie. Wyższą procentową zawartość tłuszczu zaobserwowano w mleku osobników o genotypie *BB* niższa była udziałem osobników heterozygotycznych. W kolejnych laktacjach procentowy udział tłuszczu wykazywał niższe wartości. W drugiej laktacji mleko osobników homozygotycznych *AA* charakteryzowało się najwyższą koncentracją tłuszczu (4,1%). Najniższą wartość zaobserwowano w mleku krów o genotypie *AB* (3,84%). Odmiennie prezentują się wartości w trzeciej laktacji gdyż najwyższą wartość cechy odnotowano w mleku osobników heterozygotycznych (3,85%) najniższą w mleku krów o genotypie *AA* (3,58%) (tabela 5).

W systemie utrzymania z dostępem do wybiegu we wszystkich analizowanych laktacjach najwyższą procentową zawartością tłuszczu charakteryzowało się mleko pozyskane od osobników o genotypie *AA* uzyskując odpowiednio wartości : 4,15%; 4,53% i 4,09%. W pierwszej laktacji różnice pomiędzy wartościami uzyskanymi przez krowy o genotypie *AA* i *AB* były istotne statystycznie. Mleko osobników o genotypie *AA* wykazało istotnie niższe wartości w porównaniu z mlekiem heterozygotycznych krów. W pierwszej i drugiej laktacji najmniejszy udział tłuszczu odnotowano w mleku osobników heterozygotycznych (3,61 % i 3,65%). Wszystkie wyniki w obrębie drugiej laktacji były statystycznie istotne. Najwyższą procentową wartość tłuszczu odnotowano w mleku homozygot *AA*, niższe wartości u homozygot *BB*. Natomiast najniższą procentową zawartość tłuszczu stwierdzono w mleku heterozygotycznych krów. W trzeciej laktacji mleko o najniższej koncentracji tłuszczu odnotowano u zwierząt homozygotycznych *BB* (3,3%). Różnice w procentowej zawartości tłuszczu zaobserwowano w przypadku mleka osobników o genotypach *AA* i *AB* w trzeciej laktacji, również okazały się istotne. Wyższe wartości cechy zaobserwowano w przypadku mleka osobników homozygotycznych *AA* niższe u heterozygotycznych (tabela 5).

Analizując łącznie trzy laktacje najwyższy udział tłuszczu był obecny w mleku zwierząt o genotypie homozygot *AA* najniższy w mleku heterozygotycznych krów. Podobne wyniki uzyskano dla drugiego analizowanego stada. W stadzie z dostępem do wybiegu różnice pomiędzy wartościami w procentowej zawartości tłuszczu w mleku osobników

o genotypie *AA* i *AB* oraz *AB* i *BB* były istotne statystycznie. Najwyższą wartość zaobserwowano w mleku krów o genotypie *AA* najniższą u heterozygotycznych krów. W przypadku drugiego stada odnotowano różnice istotne statystycznie pomiędzy zawartością tłuszczu w mleku krów o genotypie *AB* i *BB* w drugim stadzie. Wyższą procentową zawartość tłuszczu w mleku zaobserwowano w przypadku osobników o genotypie *BB* w porównaniu z wartością osiągniętą przez heterozygotyczne krowy (tabela 6).

Tabela 5. Zawartość tłuszczu w mleku (%) z uwzględnieniem polimorfizmu genetycznego, laktacji i systemu utrzymania

System utrzymania	Laktacja	Genotypy	Zawartość tłuszczu w mleku (%)			
			<i>PIT-1/Hinfl</i>	<i>GHRH/BsuRI</i>	<i>GH/AluI</i>	<i>IGF-1/Eco105I</i>
			LSM	LSM	LSM	LSM
Wolnowybiegowy	1	<i>AA</i>	4,15**	3,45**	3,80	3,71**
		<i>AB</i>	3,61**	3,96**	3,89	3,62**
		<i>BB</i>	3,71	3,85**	3,58	3,94**
	2	<i>AA</i>	4,53**	4,00**	4,01**	4,08**
		<i>AB</i>	3,65**	4,08**	4,33**	3,60**
		<i>BB</i>	3,85**	3,94	3,80	4,17**
	3	<i>AA</i>	4,09**	4,57**	4,17	3,84**
		<i>AB</i>	3,83**	3,92**	4,29	3,66**
		<i>BB</i>	3,77	3,66	3,24	4,21**
Alkierzowy	1	<i>AA</i>	4,28	4,23	4,20**	4,14
		<i>AB</i>	4,16**	4,13	4,22**	4,24
		<i>BB</i>	4,25**	4,25	4,00**	4,13
	2	<i>AA</i>	4,10	4,10**	3,92**	3,80
		<i>AB</i>	3,84	4,10**	4,09**	3,96
		<i>BB</i>	4,06	3,80**	3,99	3,95
	3	<i>AA</i>	3,58	3,65**	3,73	3,55
		<i>AB</i>	3,85	3,95**	4,10	3,79**
		<i>BB</i>	3,79	3,58**	3,37	3,84**

** różnice istotne statystycznie $p \leq 0,05$

Tabela 6. Zawartość tłuszczu (%) z uwzględnieniem polimorfizmu genetycznego i systemu utrzymania dla trzech laktacji łącznie

<i>System utrzymania</i>	Genotyp	Zawartość tłuszczu w mleku (%)							
<i>Wolnowybiegowy</i>		<i>PIT-1/HinfI</i>		<i>GHRH/BsuRI</i>		<i>GH/AluI</i>		<i>IGF-1/Eco 105I</i>	
		LSM	SE	LSM	SE	LSM	SE	LSM	SE
	<i>AA</i>	4,37**	1,04	3,62**	1,10	3,81**	0,99	3,86	0,95
	<i>AB</i>	3,76**	0,95	3,88**	0,99	3,90**	1,00	3,69	0,97
	<i>BB</i>	3,91**	1,05	3,74**	0,97	3,32**	0,7	4,06	1,06
<i>Alkierzowy</i>	<i>AA</i>	4,12	0,98	4,05	0,99	4,02**	0,95	4,01	0,90
	<i>AB</i>	4,01**	0,96	4,04	0,94	4,17**	1,01	4,05	0,97
	<i>BB</i>	4,06**	0,95	3,98	0,96	3,88**	0,86	4,01	1,03

** różnice istotne statystycznie $p \leq 0,05$

4.4.2. Polimorfizm *GHRH/BsuRI*, a zawartość tłuszczu

W stadzie z dostępem do wybiegu w dwóch pierwszych laktacjach najwyższą procentową zawartość tłuszczu odnotowano w mleku osobników o genotypie *AB* (3,96% i 4,08%), w trzeciej w mleku krów homozygot *AA* (4,57%). Najwyższy procentowy udział tłuszczu w mleku zaobserwowano u krów o genotypie *AB*, następnie u osobników o genotypie *BB*. Najniższy procentowy udział tłuszczu w mleku w pierwszej laktacji był związany z krowami o genotypie *AA* (3,45%). W kolejnych laktacjach najniższą procentową zawartość tłuszczu wykazywało mleko pozyskane od zwierząt homozygot *BB* (3,94% i 3,66%). W dwóch kolejnych laktacjach różnice istotnie statystycznie zostały odnotowane pomiędzy wartościami prezentowanymi przez osobniki o genotypach *AA* i *AB*. W drugiej laktacji to osobniki o genotypie *AB* były związane z wysoką procentową zawartością tłuszczu w mleku w porównaniu z krowami o genotypie *AA*. Natomiast w trzeciej laktacji to krowy o genotypie *AA* charakteryzowały się wyższą zawartością tłuszczu w mleku w porównaniu z osobnikami heterozygotycznymi (tabela 5).

Analizując różnice w zawartości tłuszczu w mleku krów z drugiego stada odnotowano spadek wartości cechy w kolejnych laktacjach. W pierwszej laktacji najwyższą procentową zawartość tłuszczu stwierdzono w mleku krów o genotypie *BB* (4,25%). W drugiej laktacji najwyższa procentowa zawartość tłuszczu była reprezentowana w mleku osobników homozygotycznych *AA* (4,1%). Różnice pomiędzy wartościami zaobserwowanymi w mleku osobników o genotypie *AA* i *BB* okazały się istotne. Wyższą wartość tłuszczu w mleku osiągnęły osobniki o genotypie *AA* w porównaniu z homozygotami *BB*. Również różnice pomiędzy procentowymi wartościami tłuszczu zaobserwowanymi w mleku osobników heterozygotycznych i homozygotycznych *BB* krów były istotne. Osobniki o genotypie *AB* charakteryzowały się istotnie wyższą procentową zawartością tłuszczu niż krowy o genotypie *BB*. W ostatniej analizowanej laktacji najwyższy udział tłuszczu w mleku odnotowano u heterozygotycznych krów (3,95%). W przypadku tej laktacji zaobserwowano istotne różnice pomiędzy wartościami osiągniętymi przez osobniki o genotypie *AA* i *AB* oraz *AB* i *BB*. Istotnie wyższą procentową wartością tłuszczu w mleku w przypadku osobników o genotypach *AA* i *AB* charakteryzowało się mleko krów heterozygotycznych. Podobnie w przypadku osobników o genotypach *AB* i *BB* również krowy heterozygotyczne charakteryzowały się wyższym poziomem analizowanej cechy. W pierwszej laktacji mleko o najniższej zawartości tłuszczu pozyskano od heterozygotycznych zwierząt (4,13%). Najniższą procentową koncentrację tłuszczu w mleku w dwóch ostatnich laktacjach reprezentowało mleko osobników o genotypie *BB* (3,8% i 3,58%) (tabela 5).

Łącznie dla trzech laktacji w pierwszym stadzie mleko pozyskane od osobników o genotypie *AA* charakteryzowało się niską wartością cechy. Natomiast w stadzie alkierzowym krowy o genotypie *BB* produkowały mleko o niskim udziale tłuszczu. Podobnie wysoką zawartość tłuszczu w pierwszym stadzie odnotowano u heterozygotycznych krów natomiast w drugim u homozygotycznych zwierząt *AA*. W przypadku pierwszego stada różnice pomiędzy wartościami wykazanymi w mleku osobników o genotypach *AA* i *AB* okazały się istotne. Wyższą zawartość tłuszczu charakteryzowało mleko osobników o genotypie *AB*. Podobnie istotne różnice w wartościach zaobserwowano w mleku osobników o genotypach *AB* i *BB*. Również w tym przypadku osobniki heterozygotyczne odznaczały się wyższą wartością cechy w porównaniu z krowami homozygotycznymi *BB* (tabela 6).

4.4.3. Polimorfizm *GH/AluI*, a zawartość tłuszczu

Procentowa zawartość tłuszczu odmiennie kształtuje się w przypadku obu stad. W stadzie wolnowybiegowym wartości cechy wzrastają w kolejnych laktacjach. Przeciwnie kształtują się wartości w drugim systemie utrzymania malejąc wraz z kolejną laktacją.

W pierwszym systemie utrzymania najwyższy procentowy poziom tłuszczu charakteryzował mleko pozyskane od krów o genotypie *AB*. Tendencja ta była widoczna we wszystkich analizowanych laktacjach (3,89%; 4,33% i 4,29%). Natomiast najniższą wartość tłuszczu prezentowało mleko krów o genotypie *BB* również we trzech kolejnych laktacjach (3,58% 3,8% i 3,24%). Statystycznie istotne różnice odnotowano w drugiej laktacji między wartościami osiągniętymi przez osobniki homozygotyczne *AA* oraz heterozygotyczne. Wyższe wartości odnotowano u osobników o genotypie *AB* (tabela 5).

W przypadku drugiego stada i pierwszej laktacji najwyższą zawartość tłuszczu zaobserwowano w mleku pozyskanym od heterozygotycznych zwierząt (4,22%). Tendencja ta była widoczna również w kolejnych laktacjach. Różnice w wartościach odnotowanych u osobników *AB* i *BB* oraz między osobnikami *AA* i *BB* w pierwszej laktacji okazały się istotne statystycznie. Najwyższą zawartość tłuszczu obserwowano u osobników heterozygotycznych w porównaniu z osobnikami homozygotycznymi *AA*. Natomiast w przypadku poziomu tłuszczu w mleku homozygot *BB* był on niższy niż w mleku homozygot *AA*. Podobnie istotne różnice między zawartościami tłuszczu w mleku heterozygotycznych oraz homozygotycznych osobników *BB* były widoczne w drugiej laktacji. Mleko osobników heterozygotycznych wykazywało wyższy poziom tłuszczu w porównaniu z mlekiem krów o genotypie *AA*. W pierwszej laktacji mleko o najniższej procentowej zawartości tłuszczu były udziałem krów o genotypie : *BB* (4,00%), w drugiej *AA* (3,92%) natomiast w trzeciej ponownie *BB* (3,37%) (tabela 5).

Łącznie dla trzech laktacji wysoką procentową zawartość tłuszczu odnotowano w mleku heterozygotycznych osobników w obu stadach. Niską zawartość tłuszczu wykazało mleko krów o genotypie *BB*. Różnice w procentowej zawartości tłuszczu w mleku pomiędzy osobnikami o genotypach *AA* i *BB* oraz *AB* i *BB* w obu systemach utrzymania były statystycznie istotne. W pierwszym systemie utrzymania wyższą zawartość tłuszczu odnotowano w mleku osobników o genotypie *AA* w porównaniu z mlekiem osobników o genotypie *BB*. Natomiast zestawiając wartości zaobserwowane w mleku osobników o genotypach *AB* i *BB* to osobniki heterozygotyczne wykazywały wyższą zawartość tłuszczu w mleku. W drugim systemie utrzymania widoczny jest ten sam trend (tabela 6).

4.4.4. Polimorfizm *IGF-1/Eco 105I*, a zawartość tłuszczu

Porównując procentową zawartość tłuszczu w mleku krów obu stad wyższe wartości odnotowano w stadzie utrzymywanym alkiezowo. W przypadku tego stada najwyższe procentowe zawartości tłuszczu były widoczne w pierwszej laktacji. W kolejnych laktacjach zaobserwowano spadek procentowej zawartości tłuszczu w mleku. W pierwszej i drugiej laktacji najwyższy procentowy poziom tłuszczu stwierdzono w mleku heterozygotycznych krów (4,24% i 3,96%). W trzeciej laktacji najwyższą procentową zawartość tłuszczu wykazano w mleku pochodzącym od osobników o genotypie *BB* (3,84%). Ponadto różnice w wartościach odnotowanych w trzeciej laktacji w mleku osobników heterozygotycznych oraz homozygotycznych *BB* były istotne statystycznie. Wyższe wartości odnotowano w mleku osobników homozygotycznych *BB*. Najniższa zawartość tłuszczu charakteryzowała mleko krów o genotypie *BB* w pierwszej (4,13% i 3,55%) i trzeciej laktacji. W drugiej laktacji najniższą wartość wykazało mleko pozyskane od krów homozygotycznych *BB* (3,8%) (tabela 5).

W stadzie wolnowybiegowym osobniki homozygotyczne *BB* charakteryzowały się najwyższym procentowym udziałem tłuszczu w mleku. Tendencja ta była widoczna we wszystkich laktacjach. Natomiast niskie procentowe zawartości tłuszczu odnotowano w mleku osobników heterozygotycznych również w przypadku wszystkich analizowanych laktacji. W drugiej laktacji niska procentowa zawartość tłuszczu charakteryzowała mleko krów o genotypie *AA*. We wszystkich laktacjach zaobserwowano istotne statystycznie różnice między wartościami. W pierwszej laktacji zaobserwowano różnice w zawartości tłuszczu odnotowaną w mleku osobników o genotypach *AA* i *AB*. U osobników o genotypie *AA* zaobserwowano wyższą zawartość tłuszczu w mleku. Podobnie różnice istotne statystycznie odnotowano między wartościami osiągniętymi w mleku osobników o genotypach *AB* i *BB*. Krowy homozygotyczne wykazały wyższą procentową zawartość tłuszczu w mleku. Również różnice zaobserwowano w zawartości tłuszczu w mleku zwierząt

o genotypach *AA* i *BB*. Osobniki o genotypie *BB* wykazały wyższy udział tłuszczu. W kolejnych laktacjach zaobserwowano różnice istotne statystycznie pomiędzy wartościami uzyskanymi przez zwierzęta o tych samych genotypach (tabela 5).

Łącznie dla trzech laktacji w stadzie utrzymywanym z dostępem do wybiegu najwyższy poziom tłuszczu był widoczny w mleku zwierząt o genotypie *BB*. W drugim stadzie wysoką zawartością tłuszczu charakteryzowało się mleko heterozygotycznych krów. W obu stadach niska procentowa zawartość tłuszczu została wykazana w mleku osobników o genotypie *AA* (tabela 6).

4.5. Polimorfizm genetyczny *PIT-1/Hinf*, *GHRH/BsuRI*, *GH/AluI*, *IGF-1/Eco105I*, a procentowa zawartość białka w mleku

4.5.1. Polimorfizm *PIT-1/HinfI*, a zawartość białka

W stadzie utrzymywanym z dostępem do wybiegu w pierwszej laktacji różnice pomiędzy osobnikami o różnych genotypach w procentowej zawartości białka były nieznaczne. W pierwszej laktacji najwyższą zawartość białka zaobserwowano w mleku osobników o genotypie *AA* (3,28%) najniższą natomiast w mleku krów heterozygotycznych (3,26%). W drugiej laktacji najwyższą procentową zawartością białka charakteryzowało się mleko pozyskane od zwierząt o genotypie *AB* (3,22%). Osobniki o pozostałych genotypach wykazały jednakowo niższą koncentrację białka w mleku (3,03%). W trzeciej laktacji mleko charakteryzowało się najwyższym udziałem białka w porównaniu z poprzednimi laktacjami. Zdecydowanie najwyższy jego procentowy udział zaobserwowano w mleku homozygotycznych osobników *AA* (3,44%) najniższy natomiast w mleku krów heterozygotycznych (3,28%). Statystycznie istotne różnice zostały odnotowane w trzeciej laktacji pomiędzy wartościami zaobserwowanymi w mleku osobników o genotypach *AA* i *AB*. Wyższą zawartość białka wykazano w mleku krów o genotypie *AA*. Podobnie istotne statystycznie różnice odnotowano między wartościami odnotowanymi w mleku osobników o genotypach *AA* i *BB*. Również w tym przypadku wyższe wartości odnotowano w mleku osobników o genotypie *AA* (tabela 7).

Wyższe procentowe zawartości białka w mleku obserwowano u krów utrzymywanym alkiezowo. Jednakże w przypadku tego stada zawartość białka spada w kolejnych laktacjach. Mleko pozyskane od osobników o genotypie *BB* wykazywało najwyższy udział białka we wszystkich analizowanych laktacjach uzyskując odpowiednio wartości : 3,54%; 3,53%; 3,44%. Najniższy procentowy udział białka w pierwszych dwóch laktacjach odnotowano w mleku krów heterozygotycznych. W trzeciej laktacji mleko osobników o genotypie *AA* prezentowało najniższą wartość analizowanego parametru (3,35%). Różnice odnotowane we wszystkich laktacjach nie były istotne statystycznie (tabela 7).

Analizując łącznie trzy laktacje wysokie zawartości białka w mleku w dwóch systemach utrzymania były udziałem osobników o różnych genotypach. W stadzie wolnowybiegowym osobniki homozygotyczne AA są związane z wysoką zawartością białka natomiast w stadzie alkierzowym krowy o genotypie BB. Niska zawartość białka w obu stadach była odnotowana w mleku zwierząt o genotypie AB. W stadzie utrzymywanym alkierzowo odnotowano różnice istotne statystycznie w wartościach osiągniętych w mleku osobników o genotypach AB i BB. Krowy homozygotyczne BB wytwarzały mleko o wyższej zawartości białka w porównaniu z osobnikami heterozygotycznymi (tabela 8).

Tabela 7. Zawartość białka w mleku (%) z uwzględnieniem polimorfizmu genetycznego, laktacji i systemu utrzymania

System utrzymania	Laktacja	Genotypy	Zawartość białka w mleku (%)			
			<i>PIT-1/Hinfl</i>	<i>GHRH/BsuRI</i>	<i>GH/AluI</i>	<i>IGF-1/Eco105I</i>
			LSM	LSM	LSM	LSM
Wolnowybiegowy	1	AA	3,28	3,23	3,23**	3,25**
		AB	3,26	3,32	3,36**	3,21**
		BB	3,27	3,26	3,23	3,36**
	2	AA	3,03	3,23	3,40	2,92
		AB	3,22	3,24	3,22	3,37
		BB	3,03	2,84	2,68	2,99
	3	AA	3,44**	3,31	3,27	3,34
		AB	3,28**	3,35	3,31	3,29**
		BB	3,30**	3,35	3,45	3,39**
Alkierzowy	1	AA	3,51	3,55**	3,57**	3,49
		AB	3,47	3,47**	3,56**	3,50
		BB	3,54	3,51	3,39**	3,52
	2	AA	3,53	3,54	3,49**	3,57**
		AB	3,49	3,53	3,59**	3,51**
		BB	3,53	3,49	3,47**	3,47**
	3	AA	3,35	3,37	3,41	3,35
		AB	3,38	3,43	3,48	3,36
		BB	3,44	3,37	3,28	3,45

** różnice istotne statystycznie $p \leq 0,0$

4.5.2. Polimorfizm *GHRH/BsuRI*, a zawartość białka w mleku

Procentowa zawartość białka w przypadku obu stad wykazywała podobne wartości. Nieznacznie wyższy poziom tej cechy zaobserwowano w przypadku osobników ze stada alkierzowego.

W stadzie utrzymywanym wolnowybiegowo najwięcej białka charakteryzowało mleko pozyskane od osobników heterozygotycznych. Tendencja ta była widoczna we wszystkich laktacjach. W przypadku trzeciej laktacji osobniki o genotypach *AB* i *BB* charakteryzowały się tą samą zawartością białka w mleku (3,35%). Z kolei osobniki o genotypie *BB* w drugiej laktacji produkowały mleko o najniższej procentowej zawartości białka (2,84%). W pierwszej i trzeciej laktacji najniższy poziom cechy odnotowano w mleku krów o genotypie *AA* (3,23% i 3,31%). Obserwowane różnice nie były istotne statystycznie (tabela 7).

Analizując procentową zawartość białka w mleku kolejnego stada zaobserwowano systematyczny spadek jego zawartości w kolejnych laktacjach. Najwyższy udział białka był obecny w mleku krów o genotypie *AA* w dwóch pierwszych laktacjach (3,55% i 3,54%). W przypadku trzeciej laktacji najwyższy poziom białka w mleku był udziałem osobników heterozygotycznych (3,43%). Natomiast mleko pozyskane od osobników o tym genotypie wykazywało najniższą wartość analizowanej cechy w pierwszej laktacji (3,47%). W kolejnych laktacjach najniższa zawartość białka została wskazana w mleku zwierząt o genotypie *BB* (3,51% i 3,37%). W pierwszej laktacji zaobserwowano istotne różnice w zawartości białka w mleku pochodzącym od osobników o genotypach *AA* i *AB*. Osobniki o genotypie *AA* produkowały mleko o wyższej procentowej zawartości białka w porównaniu z mlekiem pozyskanym od osobników heterozygotycznych. Pomiędzy wartościami kolejnych laktacji nie odnotowano statystycznie istotnych różnic (tabela 7).

W przypadku procentowej zawartości białka w mleku łącznie dla trzech laktacji osobników z obu stad najwyższa jego koncentracja była widoczna u osobników o genotypie homozygot *AA*. Natomiast niska zawartość białka charakteryzowała mleko krów o genotypie *BB* w pierwszym systemie utrzymania. W systemie alkierzowym niski poziom cechy był widoczny w mleku zwierząt heterozygotycznych (tabela 8).

Tabela 8. Zawartość białka (%) z uwzględnieniem polimorfizmu genetycznego i systemu utrzymania dla trzech laktacji łącznie

<i>System utrzymania</i>	Genotyp	Zawartość białka w mleku (%)							
		<i>PIT-1/HinfI</i>		<i>GHRH/BsuRI</i>		<i>GH/AluI</i>		<i>IGF-1/Eco 105I</i>	
		LSM	SE	LSM	SE	LSM	SE	LSM	SE
Wolnowybiegowy	<i>AA</i>	3,35	0,41	3,26	0,42	3,25	0,36	3,27	0,35
	<i>AB</i>	3,25	0,35	3,32	0,37	3,33	0,37	3,23	0,35
	<i>BB</i>	3,28	0,37	3,23	0,32	3,21	0,23	3,33	0,4
Alkierzowy	<i>AA</i>	3,54	0,41	3,51	0,45	3,49	0,42	3,51	0,41
	<i>AB</i>	3,48**	0,43	3,48	0,41	3,56	0,47	3,49	0,43
	<i>BB</i>	3,53**	0,46	3,5	0,44	3,39	0,4	3,49	0,46

** różnice istotne statystycznie $p \leq 0,05$

4.5.3. Polimorfizm *GH/AluI*, a zawartość białka w mleku

W przypadku systemu utrzymania z dostępem do wybiegu mleko osobników o genotypie *AB* charakteryzowało się najwyższą zawartością białka w pierwszej laktacji (3,36%). Odnotowane różnice w wartościach w przypadku krów o genotypach *AA* i *AB* były istotne statystycznie. Wyższe zawartości białka stwierdzono w przypadku mleka osobników heterozygotycznych. W kolejnej laktacji najwyższą zawartością białka odznaczało się mleko krów o genotypie *AA* (3,40%), w trzeciej mleko zwierząt o genotypie *BB* (3,45%). Podobnie brak widocznych zależności dotyczących niskiej zawartości białka. W pierwszej laktacji zarówno mleko pozyskane od osobników o genotypie *AA* jak i *BB* wykazywały jednakową wartość cechy (3,22%). W drugiej laktacji najniższy udział białka był charakterystyczny dla mleka pochodzącego od homozygotycznych krów *BB* (2,68%), w trzeciej natomiast od zwierząt o genotypie *AA* (3,27%) (tabela 7).

W przypadku drugiego systemu utrzymania oraz pierwszej laktacji najwyższy poziom analizowanej cechy wykazywało mleko pochodzące od osobników o genotypie *AA* (3,57%). Różnice w wartościach odnotowanych w mleku krów o genotypie *BB* i *AB* oraz pomiędzy *AA* i *BB* były istotne statystycznie. Najwyższą zawartością białka charakteryzowało się mleko osobników homozygotycznych *AA* najniższą mleko osobników o genotypie *BB*. W kolejnych laktacjach wysoki udział białka stwierdzono w mleku osobników o genotypie *AB* (3,59 % i 3,48%). W drugiej laktacji również różnice pomiędzy zawartością białka w mleku osobników o genotypach *BB* i *AB* oraz pomiędzy *AA* i *BB* okazały się istotne. Od krów heterozygotycznych pozyskiwano mleko o wyższym udziale białka niż w przypadku mleka pozyskanego od osobników o pozostałych genotypach. Natomiast porównując zawartość białka większy jego poziom charakteryzował mleko osobników o genotypie *AA* w porównaniu z mlekiem pozyskanym od osobników o genotypie *BB*. Najniższą zawartość białka odnotowano w mleku krów o genotypie *BB* we wszystkich analizowanych laktacjach (tabela 7).

Analizując łącznie trzy laktacje wysoki udział białka charakteryzował mleko krów o genotypie *AB* w obu systemach utrzymania. Niską koncentrację białka wykazano w mleku homozygot *BB* również w przypadku obu stad (tabela 8).

4.5.4. Polimorfizm *IGF-1/Eco 105I*, a zawartość białka w mleku

Wyższą procentową zawartość białka odnotowano w mleku pozyskanym od krów utrzymywanych alkierzowo. W pierwszej laktacji najwyższą procentową zawartość białka stwierdzono w mleku osobników o genotypie *BB* (3,52%). W drugiej laktacji wysoki udział białka wykazano w mleku krów o genotypie *AA* (3,57%), w trzeciej natomiast u heterozygotycznych zwierząt (3,36%). Różnice w zawartościach białka w mleku były istotne pomiędzy wartościami odnotowanymi w mleku osobników o genotypach *AA* i *BB* oraz między *AA* i *AB* w drugiej laktacji. Najwyższą zawartość białka w mleku odnotowano u krów heterozygotycznych w porównaniu z mlekiem osobników homozygotycznych *AA*. Podobnie wyższe zawartości białka wykazano w mleku krów o genotypie *AA* w porównaniu z mlekiem osobników o genotypie *BB*. W pierwszej i trzeciej laktacji najniższy procentowy udział białka wykazano w mleku krów o genotypie *AA*. W drugiej laktacji krowy o genotypie *BB* charakteryzowały się niską zawartością białka w mleku (tabela 7).

W stadzie wolnowybiegowym najwyższy procentowy udział białka w mleku odnotowano u osobników o genotypie *BB* w pierwszej (3,36%) i trzeciej laktacji (3,39%). Różnice w wartościach zaobserwowanych w mleku osobników *AB* i *BB* oraz pomiędzy *AA* i *BB* były statystycznie istotne w pierwszej laktacji. Wyższą zawartością białka charakteryzowało się mleko osobników o genotypie *BB* w porównaniu z osobnikami o genotypie *AB*. Podobnie wyższą zawartość białka odnotowano w mleku krów homozygotycznych *AA* w porównaniu z krowami heterozygotycznymi. W drugiej natomiast mleko heterozygotycznych krów wykazywało najwyższą zawartość białka (3,37%). W przypadku trzeciej laktacji różnice odnotowane między procentowymi zawartościami białka w mleku osobników heterozygotycznych i homozygotycznych *BB* wykazały istotność statystyczną. Wyższą koncentracją białka charakteryzowało się mleko osobników o genotypie *BB*, niższą mleko heterozygotycznych krów. Najniższą zawartością białka charakteryzowało się mleko pozyskane od heterozygotycznych zwierząt w pierwszej (3,21%) i trzeciej laktacji (3,29%). Natomiast w drugiej laktacji mleko osobników o genotypie *AA* wykazywało najniższą zawartość białka (2,92%) (tabela 7).

Analizując łącznie trzy laktacje najwyższą procentową zawartość białka w stadzie z dostępem do wybiegu stwierdzono w mleku pozyskanym od osobników o genotypie *BB*. W przypadku drugiego systemu utrzymania wysokie wartości białka charakteryzowało mleko homozygotycznych krów *AA*. Natomiast mleko heterozygotycznych zwierząt wykazywało niski udział białka w obu stadach. Różnice w wartościach odnotowanych w obu stadach nie były statystycznie istotne (tabela 8).

4.6. Polimorfizm genetyczny *PIT-1/HinfI*, *GHRH/BsuRI*, *GH/AluI*, *IGF-1/Eco 105I* a procentowa zawartość laktozy w mleku

4.6.1. Polimorfizm *PIT-1/HinfI*, a zawartość laktozy w mleku

Procentowa zawartość laktozy w mleku krów utrzymywanych z dostępem do wybiegu w pierwszej laktacji najkorzystniej kształtowała się w mleku krów heterozygotycznych (4,92%). W drugiej laktacji najwyższą zawartość laktozy odnotowano w mleku osobników o genotypie *BB* (4,87%) oraz w trzeciej u zwierząt homozygotycznych *AA* (4,71%). Podobnie bez określonej tendencji kształtował się niski poziom tego parametru w mleku. W pierwszej laktacji najniższą zawartość zaobserwowano w mleku osobników o genotypie *BB* (4,59%) następnie krów o genotypie *AA* (4,84%) oraz w przypadku trzeciej laktacji najniższe wartości wykazywało mleko osobników heterozygotycznych (4,62%). Obserwowane różnice we wszystkich laktacjach okazały się nieistotne statystycznie (tabela 9).

Mleko krów utrzymywanych alkierzowo charakteryzowało się wyższym udziałem laktozy w porównaniu z osobnikami z pierwszego systemu utrzymania. W pierwszej oraz trzeciej laktacji najwyższy udział stwierdzono w mleku krów o genotypie *AA* uzyskując odpowiednio wyniki 4,95% i 4,78%. W pierwszej laktacji różnice pomiędzy wartościami zaobserwowanymi w mleku osobników o genotypach *AA* i *BB* wykazywały istotność statystyczną. Wyższa zawartość laktozy odnotowano w mleku osobników o genotypie *AA* w porównaniu do mleka krów o genotypie *BB*. W drugiej laktacji mleko krów heterozygotycznych wykazywało najwyższą zawartość laktozy (6,55%). Z kolei najniższą procentową zawartość laktozy w mleku we wszystkich analizowanych laktacjach obserwowano u krów o genotypie *BB* (4,80%; 4,97% i 4,68%). Ponadto w trzeciej laktacji zaobserwowano istotne różnice w wynikach osiągniętych przez osobniki o genotypach *BB* i *AB*. Wyższa zawartość laktozy była charakterystyczna dla mleka osobników heterozygotycznych w porównaniu z zawartością laktozy odnotowaną w mleku krów *BB* (tabela 9).

Analizując łącznie trzy laktacje w obu stadach mleko pozyskane od osobników *AA* prezentowało najwyższą procentową zawartość laktozy. Niski udział laktozy był widoczny w mleku krów o genotypie *BB* (tabela 10).

Tabela 9. Zawartość laktozy w mleku (%) z uwzględnieniem polimorfizmu genetycznego, laktacji i systemu utrzymania

System utrzymania	Laktacja	Genotypy	Zawartość laktozy w mleku (%)			
			<i>PIT-1/Hinfl</i>	<i>GHRH/BsuRI</i>	<i>GH/AluI</i>	<i>IGF-1/Eco105I</i>
			LSM	LSM	LSM	LSM
Wolnowybiegowy	1	AA	4,67	4,55	5,02	4,95
		AB	4,92	4,87	4,68	4,92
		BB	4,59	4,59	4,31	4,92
	2	AA	4,84	4,87	4,81	4,88
		AB	4,85	4,85	4,87	4,87**
		BB	4,87	4,85	4,88	4,82**
	3	AA	4,71	4,49	4,67	4,67
		AB	4,62	4,79**	4,64	4,69
		BB	4,65	4,70**	4,66	4,62
Alkierzowy	1	AA	4,95**	4,89	4,48**	4,93
		AB	4,88	4,92**	4,86**	4,90
		BB	4,80**	4,87**	5,00**	4,86
	2	AA	6,45	4,99	4,69	4,71
		AB	6,55	4,72	4,75	4,69
		BB	4,97	4,15	4,84	4,74
	3	AA	4,78	4,73	4,71	4,78
		AB	4,73**	4,78	4,67	4,74
		BB	4,68**	4,69	4,83	4,68

** różnice istotne statystycznie $p \leq 0,05$

4.6.2. Polimorfizm *GHRH/BsuRI*, a zawartość laktozy w mleku

W pierwszym systemie utrzymania najwyższa procentowa koncentracja laktozy w mleku była udziałem osobników o genotypie *AB*. Tendencja ta była widoczna w pierwszej (4,87%) i trzeciej laktacji (4,79%). Podobnie w przypadku tych laktacji najniższą wartość analizowanej cechy zaobserwowano u krów o genotypie *AA* (4,55% i 4,49%). W przypadku drugiej laktacji nieznacznie wyższą zawartość laktozy odnotowano w mleku osobników o genotypie *AA* (4,87%). W tej laktacji pozostałe genotypy charakteryzowały się identyczną zawartością laktozy w mleku (4,85%). Istotności obserwowano w przypadku trzeciej laktacji w różnicach średnich pomiędzy osobnikami o genotypach *AB* i *BB*. Wyższe wartości laktozy w mleku odnotowano w przypadku osobników o genotypie *AB* w porównaniu z krowami homozygotycznymi *BB* (tabela 9).

W systemie alkierzowym obserwowano spadek zawartości laktozy w mleku krów w kolejnych laktacjach. Najwyższa wartość cechy była charakterystyczna w mleku osobników heterozygotycznych w pierwszej (4,92%) i trzeciej laktacji (4,78%). Ponadto należy podkreślić, iż w przypadku drugiej laktacji krowy o genotypie *AA* osiągnęły najwyższą zawartość laktozy (4,99%) wśród obu stad. Najniższą zawartość laktozy stwierdzono w mleku pozyskanym od osobników homozygotycznych *BB* we wszystkich laktacjach. Różnice istotne statystycznie zostały odnotowane jedynie w przypadku pierwszej laktacji pomiędzy wartościami uzyskanymi przez krowy o genotypie *AB* i *BB*. Wyższą zawartością laktozy charakteryzowało się mleko krów heterozygotycznych w porównaniu z mlekiem pozyskanym od krów o genotypie *BB* (tabela 9).

Łącznie dla trzech laktacji w systemie utrzymania z dostępem do wybiegu wysoki udział laktozy wykazano w mleku osobników o genotypie *AA*, a w drugim systemie utrzymania w mleku heterozygotycznych krów. W przypadku obu systemów mleko krów o genotypie *BB* charakteryzowało się najniższą procentową zawartością laktozy (tabela 10).

Tabela 10. Zawartość laktozy (%) z uwzględnieniem polimorfizmu genetycznego i systemu utrzymania dla trzech laktacji łącznie

System utrzymania	Genotyp	Zawartość laktozy w mleku (%)							
		<i>PIT-1/HinfI</i>		<i>GHRH/ BsuRI</i>		<i>GH/AluI</i>		<i>IGF-1/Eco 105I</i>	
Wolnowybiegowy		LSM	SE	LSM	SE	LSM	SE	LSM	SE
	<i>AA</i>	4,89	0,72	4,93	0,68	4,87	0,34	4,88	0,35
	<i>AB</i>	4,87	0,29	4,87	0,30	4,90	0,23	4,88	0,21
	<i>BB</i>	4,86	0,26	4,86	0,26	4,94	0,12	4,84	0,44
Alkierzowy	<i>AA</i>	4,83	0,25	4,77	0,29	4,76	0,32	4,79	0,26
	<i>AB</i>	4,77	0,31	4,79	0,33	4,80	0,26	4,77	0,33
	<i>BB</i>	4,74	0,33	4,73	0,29	4,89	0,19	4,77	0,31

** różnice istotne statystycznie $p \leq 0,05$

4.6.3. Polimorfizm *GH/AluI*, a zawartość laktozy w mleku

Procentowa zawartość laktozy w mleku obu stad wykazywała spadek w kolejnych laktacjach. W stadzie z dostępem do wybiegu najwyższą zawartość laktozy w mleku zaobserwowano w przypadku osobników o genotypie *AA* (5,02%) w pierwszej laktacji. W drugiej laktacji najwyższą wartością charakteryzowały się osobniki o genotypie *BB* (4,88%), natomiast w trzeciej laktacji osobniki o genotypie *AA* (4,67%). We wszystkich laktacjach nie zaobserwowano istotnych statystycznie różnic (tabela 9).

W kolejnym systemie utrzymania najwyższą wartość analizowanej cechy zaobserwowano w mleku osobników o genotypie *BB* we wszystkich laktacjach. Ponadto różnice w wartościach odnotowanych u krów homozygotycznych *BB* i heterozygotycznych oraz pomiędzy wartościami uzyskanymi przez osobniki o genotypach *AA* i *BB* oraz *AB* i *BB* w pierwszej laktacji były istotne. Statystycznie wyższa zawartość laktozy stwierdzono w mleku osobników o genotypie *BB* w porównaniu z mlekiem pozyskanym od krów o genotypie *AA*. Podobnie porównując zawartość laktozy w mleku osobników o genotypach *AB* i *BB* wyższą zawartość odnotowano w mleku heterozygotycznych krów. Niski udział laktozy wykazano w mleku zwierząt homozygotycznych *AA* (4,48% i 4,69%) w dwóch pierwszych laktacjach. W trzeciej laktacji niską wartością cechy charakteryzowało się mleko heterozygotycznych krów (4,67%) (tabela 9).

Analizując trzy laktacje najwyższą procentową zawartość laktozy odnotowano w mleku osobników o genotypie *BB* najniższą natomiast prezentowało mleko krów homozygotycznych *AA*. Tendencja ta była widoczna w obu stadach (tabela 10).

4.6.4. Polimorfizm *IGF-1/Eco 105I*, a zawartość laktozy w mleku

Wyższą procentową zawartością laktozy charakteryzowało się mleko pozyskane od osobników utrzymywanych z dostępem do wybiegu. W poszczególnych laktacjach wartość tej cechy wykazała spadek. W pierwszej laktacji procentowa zawartość laktozy nie wykazuje dużego zróżnicowania jednakże najwyższą jej wartość stwierdzono w mleku osobników o genotypie *AA* (4,95%). Osobniki o tym genotypie również w drugiej laktacji wykazały najwyższe wartości laktozy w mleku. Różnice w zawartościach osiągniętych przez mleko krów o genotypie *AB* i *BB* okazały się istotne statystycznie w drugiej laktacji. Osobniki heterozygotyczne wytwarzały mleko o wyższym udziale laktozy niż osobniki o genotypie *BB*. W przypadku trzeciej laktacji najwyższy procentowy udział laktozy w mleku stwierdzono u heterozygotycznych zwierząt (4,69%). Z kolei najniższą wartość cechy

wykazywało mleko pozyskane od krów o genotypie *BB* we wszystkich laktacjach (tabela 9).

W kolejnym analizowanym systemie utrzymania najwyższe zawartości laktozy w mleku odnotowano w pierwszej laktacji. Od osobników o genotypie *AA* pozyskiwano mleko o najwyższym procentowym udziale laktozy w pierwszej (4,95%) i drugiej laktacji (4,88%). W trzeciej laktacji mleko osobników o genotypie *AB* charakteryzowało się najwyższą wartością badanej cechy (4,69%). Odmienne kształtują się niskie wartości laktozy. We wszystkich laktacjach osobniki o genotypie *BB* wykazywały najniższy udział laktozy w mleku. Różnice między oszacowanymi wartościami nie były istotne statystycznie (tabela 9).

Analizując łącznie trzy laktacje wysoki udział laktozy w obu stadach zaobserwowano w mleku homozygotycznych krów *AA*, najniższy natomiast w mleku osobników o genotypie *BB* (tabela 10).

4.7 Polimorfizm genetyczny *PIT-1/HinfI*, *GHRH/BsuRI*, *GH/AluI*, *IGF-1/Eco 105I*, a pozostałe składniki mleka

4.7.1 Sucha masa

W przypadku polimorfizmu *PIT-1/Hinf I* osobniki o genotypie *AA* ze stada utrzymywanego wolnowybiegowo wykazywały najwyższy udział suchej masy w mleku w trzech kolejnych laktacjach (13,04% 13,12% i 13,26%) (tabela 11). Podobnie najniższa zawartość suchej masy była udziałem krów o genotypie *BB* we wszystkich laktacjach. Różnice odnotowane w wartościach w trzech kolejnych laktacjach nie były istotne statystycznie. W drugim systemie utrzymania najwyższy poziom suchej masy w pierwszej i trzeciej laktacji posiadało mleko pochodzące od osobników o genotypie *BB* (13,97% i 14,83%). W drugiej laktacji w mleku krów o genotypie *AA* odnotowano najwyższą zawartość suchej masy (13%). Z kolei najniższe wartości suchej masy w pierwszych dwóch laktacjach stwierdzono w mleku osobników heterozygotycznych (13,54% i 12,83%). W trzeciej laktacji najniższą zawartość suchej masy charakteryzowało się mleko zwierząt o genotypie *AA* (13,44%). Obserwowane różnice w wartościach nie wykazywały różnic istotnych statystycznie (tabela 11). Analizując łącznie trzy laktacje w obu stadach widoczna jest tendencja iż najwyższa zawartość suchej masy stwierdzono w mleku homozygotycznych krów *AA* najniższą u heterozygotycznych (tabela 12).

W przypadku badanego wpływu polimorfizmu *GHRH/BsuRI* na procentową zawartość suchej masy stwierdzono większe zróżnicowanie tego parametru w stadzie utrzymywanym z dostępem do wybiegu. W przypadku tego stada mleko pozyskane od osobników heterozygotycznych we wszystkich analizowanych laktacjach odznaczało się największą zawartością suchej masy.

W pierwszej laktacji osobniki o genotypie *AB* uzyskały najwyższą zawartość suchej masy (17,37%) w obu systemach utrzymania. Najniższą procentową zawartość suchej masy odnotowano w mleku pochodzącym od homozygotycznych krów *BB*. Tendencja ta była widoczna w trzech kolejnych laktacjach. Różnice w wartościach nie były istotne statystycznie (tabela 11). Odwrotny trend widoczny jest w przypadku drugiego stada. Mleko pochodzące od osobników o genotypie *BB* prezentowało najwyższą zawartość suchej masy w kolejnych laktacjach. Wyjątek stanowi druga laktacja, w której wartości uzyskane przez osobniki o różnych genotypach były jednakowe. Najniższym udziałem suchej masy w pierwszej laktacji charakteryzowało się mleko pochodzące od heterozygotycznych krów (13,52%) w trzeciej laktacji natomiast od osobników o genotypie *AA* (12,50%). Różnice w wartościach nie były istotne statystycznie (tabela 11). Analizując łącznie trzy laktacje wysoką zawartość suchej masy w obu stadach prezentowało mleko pozyskane od zwierząt heterozygotycznych. Niskie wartości parametru w pierwszym systemie utrzymania charakteryzowało mleko osobników homozygotycznych *AA*, a w systemie utrzymania alkierzowym mleko krów o genotypie *BB* (tabela 12).

Kolejnym analizowanym polimorfizmem jest polimorfizm *GH/AluI*. Procentowa zawartość suchej masy wykazywała spadek wartości w kolejnych laktacjach w przypadku pozyskanego mleka od krów z systemu utrzymania wolnowybiegowego. Najwyższą zawartość suchej masy odnotowano w mleku osobników o genotypie *AB* w pierwszej (16,17%) i trzeciej laktacji (12,93%). W drugiej laktacji wysoka zawartość suchej masy została stwierdzona w mleku homozygotycznych krów *AA* (13,26%). Najniższe wartości suchej masy we wszystkich laktacjach były udziałem zwierząt o genotypie *BB*. Różnice we wszystkich analizowanych laktacjach nie wykazywały istotności statystycznych (tabela 11). Odmienne kształtują się wartości w przypadku mleka zwierząt utrzymywanych alkierzowo. Najwyższą procentową zawartość suchej masy zaobserwowano w mleku heterozygotycznych krów w drugiej (13,12%) i trzeciej laktacji (13,08%). Natomiast w pierwszej laktacji najwyższy udział suchej masy charakteryzował mleko pozyskane od osobników o genotypie *BB* (14,35%), co stanowiło również najwyższą wartość suchej masy w przypadku tego stada. W pierwszej laktacji różnice pomiędzy wartościami prezentowanymi w mleku osobników o genotypach *AA* i *BB* były istotne statystycznie. Wyższą wartość suchej masy odnotowano w mleku osobników o genotypie *BB* w porównaniu z mlekiem pozyskanym od krów o genotypie *AA*. Najniższy udział suchej masy odnotowano w mleku krów o genotypie *AA* w dwóch pierwszych laktacjach (13,17% i 12,80%). Natomiast w przypadku trzeciej najniższa zawartość suchej masy w mleku była udziałem homozygotycznych zwierząt *BB* (12,97%) (tabela 11). Analizując łącznie trzy laktacje w obu stadach najwyższy udział suchej masy zaobserwowano w mleku pozyskanym od osobników heterozygotycznych. Niska zawartość suchej masy była

widoczna w mleko krów o genotypie *BB* w przypadku obu badanych stad (tabela 12).

Analizując wpływ polimorfizmu *IGF-1/Eco1051* zaobserwowano, iż w stadzie utrzymywanym z dostępem do wybiegu zawartość suchej masy w kolejnych laktacjach ulegała spadkowi. Natomiast w systemie alkierzowym wysoka zawartość suchej masy była widoczna w mleku zarówno w pierwszej jak i trzeciej laktacji (tabela 11). W systemie wolnowybiegowym najwyższy procentowy udział suchej masy odnotowano w mleku osobników o genotypie *AA* w dwóch pierwszych laktacjach. W trzeciej laktacji mleko pozyskane od homozygotycznych krów *BB* wykazywało największą zawartość suchej masy. Niską zawartością suchej masy odznaczało się mleko pozyskane od krów heterozygotycznych. Tendencja ta była widoczna we wszystkich laktacjach (tabela 11). W systemie utrzymania alkierzowym w pierwszej laktacji najwyższą wartością analizowanej cechy charakteryzowało się mleko pochodzące od osobników o genotypie *AB* (13,75%) najniższą natomiast od krów o genotypie *BB* (13,08%). Podobne zawartości suchej masy w mleku były widoczne w trzeciej laktacji. Osobniki heterozygotyczne wykazały wyższą zawartość suchej masy (13,86%) w mleku natomiast niższą wartość stwierdzono u homozygotycznych zwierząt *AA* (12,60%). Odnosząc się do drugiej laktacji najwyższy udział suchej masy wykazano w mleku homozygotycznych krów *AA* (12,97%) najniższą u homozygotycznych *BB* (12,82%) (tabela 11). Analizując łącznie trzy laktacje w stadzie utrzymywanym wolnowybiegowo wysoki udział suchej masy wykazano w mleku osobników o genotypie *BB*. W drugim stadzie heterozygotyczne zwierzęta wytwarzały mleko u wysokiej zawartości suchej masy. Niska procentowa zawartość suchej masy była udziałem mleka osobników o genotypie *AB* w stadzie wolnowybiegowym. W drugim systemie utrzymania mleko homozygotycznych krów *BB* posiadało najniższą wartość cechy (tabela 12).

Tabela 11. Zawartość suchej masy w mleku (%) z uwzględnieniem polimorfizmu genetycznego, laktacji i systemu utrzymania

System utrzymania	Laktacja	Genotypy	Zawartość suchej masy w mleku (%)			
			<i>PIT-1/HinfI</i>	<i>GHRH/BsuRI</i>	<i>GH/AluI</i>	<i>IGF-1/Eco105I</i>
			LSM	LSM	LSM	LSM
Wolnowybiegowy	1	AA	13,04	14,20	14,68	17,80
		AB	12,89	17,37	16,17	12,73
		BB	12,07	11,93	12,67	12,97
	2	AA	13,12	12,99	13,26	14,28
		AB	13,02	13,19	12,82	11,70
		BB	11,90	11,85	11,96	12,06
	3	AA	13,26	12,66	12,83	12,55
		AB	12,43	12,72	12,93	12,33
		BB	12,42	12,40	12,03	13,15
Alkierzowy	1	AA	13,59	13,78	13,37**	13,11
		AB	13,54	13,52	13,37	13,75
		BB	13,97	13,80	14,35**	13,08
	2	AA	13,00	12,91	12,80	12,97
		AB	12,83	12,91	13,12	12,95
		BB	12,91	12,91	12,83	12,82
	3	AA	13,44	12,50	13,00	12,60
		AB	13,51	13,89	13,08	13,86
		BB	14,83	14,60	12,97	13,50

** różnice istotne statystycznie $p \leq 0,05$

Tabela 12. Zawartość suchej masy (%) z uwzględnieniem polimorfizmu genetycznego i systemu utrzymania dla trzech laktacji łącznie

System utrzymania	Genotyp	Zawartość suchej masy w mleku (%)							
		<i>PIT-1/HinfI</i>		<i>GHRH/BsuRI</i>		<i>GH/AluI</i>		<i>IGF-1/Eco 105I</i>	
		LSM	SE	LSM	SE	LSM	SE	LSM	SE
Wolnowybiegowy	AA	13,20	1,36	12,38	1,39	12,54	1,20	12,63	1,12
	AB	12,48	1,12	12,63	1,20	12,78	1,85	12,39	1,22
	BB	12,70	1,78	12,48	1,56	12,00	0,79	12,9	1,79
Alkierzowy	AA	13,10	1,22	12,97	1,27	12,90	1,25	12,93	1,23
	AB	12,88	1,24	12,94	1,19	13,18	1,36	12,94	1,25
	BB	12,99	1,41	12,85	1,39	12,72	1,07	12,9	1,36

** różnice istotne statystycznie $p \leq 0,05$

4.7.2. Zawartość mocznika

Analizując wpływ polimorfizmu *PIT-1/HinfI* na zawartość mocznika w mleku krów utrzymywanych w dwóch systemach, wyższą koncentracją odznaczało się mleko pochodzące od krów z pierwszego stada. W stadzie z dostępem do wybiegów w pierwszej oraz trzeciej laktacji najwyższy poziom mocznika wykazano w mleku osobników o genotypie *AA* (301,85 mg/l i 310,58 mg/l). Różnice pomiędzy wartościami odnotowanymi w mleku krów o genotypie *AA* oraz *AB* były istotne statystycznie. Wyższą zawartością mocznika charakteryzowało się mleko osobników o genotypie *AA* w porównaniu z mlekiem pozyskanym od krów heterozygotycznych. Stwierdzono również różnice istotne statystycznie w zawartości mocznika w mleku pozyskanym od osobników o genotypach *AA* i *BB*. Mleko krów o genotypie *AA* charakteryzowało się wyższą zawartością mocznika niż mleko otrzymane od osobników o genotypie *BB*. W drugiej laktacji mleko heterozygotycznych krów charakteryzowało się najwyższą koncentracją mocznika (289,33 mg/l). W pierwszej niską zawartość mocznika odnotowano w mleku heterozygotycznych zwierząt (254,51 mg/l) w drugiej homozygotycznych osobników *AA* (263,51 mg/l) natomiast w trzeciej krów o genotypie *BB* (240,25 mg/l). Ponadto w obrębie trzeciej laktacji różnice w zawartościach odnotowane w przypadku wszystkich genotypów były istotne statystycznie. Najwyższą zawartość mocznika stwierdzono w mleku osobników o genotypie *AA*, niższą w mleku heterozygotycznych krów. Natomiast najniższą wartość mocznika w porównaniu z osobnikami o dwóch pozostałych genotypach zaobserwowano w mleku zwierząt o genotypie *BB* (tabela 13). W stadzie utrzymywanym alkierzowo w dwóch pierwszych laktacjach najwyższy poziom mocznika stwierdzono w mleku pochodzącym od krów homozygotycznych *AA* (247,23 mg/l i 231,96 mg/l). Ponadto w obrębie tych laktacji różnice w wartościach prezentowanych przez osobniki o genotypach *AA* i *AB* okazały się istotne statystycznie. Wyższą wartość mocznika odnotowano w mleku homozygotycznych osobników *AA*. Podobnie różnice istotne statystycznie zaobserwowano pomiędzy wartościami odnotowanymi w mleku osobników o genotypach *AA* i *BB*. Wyższą zawartość mocznika w mleku zaobserwowano w przypadku osobników o genotypie *AB*. W trzeciej laktacji wysoki udział mocznika stwierdzono w mleku heterozygotycznych zwierząt (212,69 mg/l). Najniższą wartość cechy wykazano w mleku osobników o genotypie *BB* w dwóch pierwszych laktacjach (224,48 mg/l i 225,94 mg/l). W trzeciej laktacji mleko homozygotycznych krów *AA* charakteryzowało się najniższą zawartością mocznika (198,71 mg/l) jest to również najniższa wartość w obrębie dwóch analizowanych stad (tabela 13). Analizując łącznie trzy laktacje najwyższą koncentrację mocznika wykazano w mleku osobników o genotypie *AA* w obu stadach. Natomiast niski jego udział był widoczny w mleku pozyskanym od osobników o genotypie *BB* również w obu systemach

utrzymania. W pierwszym systemie utrzymania różnice pomiędzy wartościami odnotowanymi w mleku osobników o genotypach *AA* i *BB* wykazały istotność statystyczną. Wyższą zawartość mocznika zaobserwowano w mleku krów o genotypie *AA*. Podobnie istotne statystycznie okazały się różnice w wartościach odnotowanych w mleku osobników o genotypach *AA* i *AB*. Wyższą zawartość mocznika zaobserwowano w mleku osobników o genotypie *AA*. W drugim systemie utrzymania również zaobserwowano istotne statystycznie różnice w zawartościach mocznika w mleku osobników o genotypach *AA* i *AB*. Wyższe wartości mocznika zaobserwowano w mleku osobników homozygotycznych *AA*. Podobnie istotne statystycznie różnice odnotowano w wartościach osiąganych w mleku krów o genotypach *AA* i *BB*. Wyższą wartość mocznika stwierdzono w mleku osobników homozygotycznych *AA* (tabela 14).

Analizując wpływ polimorfizmu *GHRH/BsuRI* stwierdzono wyższy udział mocznika był widoczny w przypadku mleka pozyskanego od osobników ze stada utrzymywanego wolnowybiegowo. W stadzie z dostępem do wybiegu najwięcej mocznika odnotowano w mleku heterozygotycznych krów w pierwszej i trzeciej laktacji (278,17 mg/l i 281,2 mg/l). Natomiast w drugiej laktacji najwyższą wartość cechy odnotowano w mleku osobników o genotypie *BB* (276,17 mg/l). Najmniej mocznika stwierdzono w mleku pochodzącym od osobników o genotypie *AA*. Tendencja ta była widoczna w pierwszej (267,18 mg/l) i trzeciej laktacji (268,98 mg/l). W drugiej laktacji różnice w poziomie analizowanej cechy były minimalne. Nie zaobserwowano różnic istotnych statystycznie (tabela 13). W drugim analizowanym stadzie ilość mocznika w mleku wykazuje spadek wartości w kolejnych laktacjach. W pierwszej laktacji najwięcej mocznika odnotowano w mleku osobników heterozygotycznych (236,42 mg/l). W kolejnych laktacjach najwyższą zawartość mocznika zaobserwowano w mleku osobników o genotypie *BB* (228,94 mg/l i 208,93 mg/l). Najniższą koncentrację mocznika w pierwszej laktacji charakteryzowało mleko krów o genotypie *BB* (229,65 mg/l). Natomiast w kolejnych laktacjach niską zawartość mocznika w mleku stwierdzono u heterozygotycznych zwierząt (226,93 mg/l i 201,56 mg/l). Nie zaobserwowano istotnych statystycznie różnic pomiędzy wartościami (tabela 13). Analizując łącznie trzy laktacje w systemie utrzymania z dostępem do wybiegu wysoki udział mocznika wykazano w mleku heterozygotycznych osobników. W kolejnym systemie utrzymania wysoki udział mocznika odnotowano w mleku krów o genotypie *AA*. Niska zawartość mocznika w mleku w obu stadach była udziałem homozygotycznych zwierząt *BB* (tabela 14).

Badając polimorfizm *GH/AluI* odnotowano, iż mleko pochodzące ze stada z dostępem do wybiegu wykazywało wyższą wartość mocznika w porównaniu z mlekiem pochodzącym z drugiego analizowanego stada. W przypadku pierwszego systemu utrzymania w pierwszej laktacji najwyższą zawartość mocznika odnotowano w mleku pozyskanym od heterozygotycznych krów (282,14 mg/l), w drugiej od osobników o genotypie *BB* (292,77 mg/l) natomiast w trzeciej od homozygotycznych *AA* osobników (284,94 mg/l). Najniższą zawartość mocznika stwierdzono w mleku pozyskanym od krów o genotypie *BB* w pierwszej (259,4 mg/l) i trzeciej laktacji (260,76 mg/l). Niską wartość mocznika w drugiej laktacji odnotowano w mleku osobników homozygotycznych *AA* (262,52 mg/l). Różnice w poszczególnych laktacjach nie były istotne (tabela 13). Zawartość mocznika w mleku pozyskanym z drugiego analizowanego stada charakteryzowała się niższymi wartościami w porównaniu ze stadem utrzymywanym wolnowybiegowo. Najwyższe wartości mocznika zaobserwowano w mleku heterozygotycznych zwierząt. Tendencja ta była widoczna w pierwszej (243,34 mg/l) i trzeciej laktacji (218,80 mg/l) (tabela 13). Wysoka zawartość mocznika w mleku była udziałem osobników o genotypie *BB* (234 mg/l) w przypadku drugiej laktacji. Przeciwnie kształtują się niskie wartości mocznika. W pierwszej i trzeciej laktacji właśnie osobniki o genotypie *BB* wytwarzały mleko o niskiej zawartości mocznika. W drugiej laktacji mleko heterozygotycznych krów wykazywało najniższy udział mocznika. Również w przypadku tego stada różnice w wartościach nie były istotne statystycznie (tabela 13). Analizując łącznie trzy laktacje wysoką zawartością mocznika charakteryzowało się mleko osobników o genotypie *BB* w stadzie wolnowybiegowym. W przypadku drugiego systemu utrzymania heterozygotyczne zwierzęta wytwarzały mleko o wysokim udziale mocznika. W pierwszym stadzie niską zawartością mocznika charakteryzowało się mleko krów o genotypie *AA* w drugim stadzie mleko pozyskane od homozygotycznych krów *BB*. Różnice w wartościach nie były istotne statystycznie (tabela 14)

Analizując wpływ polimorfizmu *IGF-1/Eco105I* na koncentrację mocznika w obu stadach wyższą jego wartość odnotowano w mleku krów utrzymywanym z dostępem do wybiegu. W przypadku tego stada najwyższy jego poziom został stwierdzony w mleku osobników o genotypie *BB*. Tendencja ta dotyczyła wszystkich laktacji. Natomiast najniższe wartości cechy w pierwszej laktacji odnotowano w mleku homozygotycznych osobników *AA*. W kolejnych laktacjach mleko heterozygotycznych zwierząt charakteryzowało się najniższą zawartością mocznika. Istotne statystycznie różnice wykazano między zawartościami uzyskanymi w mleku osobników o genotypie *BB* i *AB* w przypadku drugiej laktacji. Wyższą zawartością mocznika charakteryzowało się mleko pozyskane od osobników o genotypie *BB* (tabela 13). W drugim systemie utrzymania najwyższy udział mocznika wykazano w mleku osobników o genotypie *AB* w pierwszej i trzeciej laktacji. Najwyższą wartości w drugiej laktacji odnotowano w mleku krów homozygotycznych *BB*.

Najniższą wartość mocznika w mleku wykazano u zwierząt o genotypie *BB* w pierwszej i trzeciej laktacji. Natomiast niska zawartość mocznika w drugiej laktacji była udziałem heterozygotycznych osobników. Nie zaobserwowano różnic istotnych statystycznie (tabela 13). Analizując łącznie trzy laktacje wysoka zawartość mocznika w przypadku pierwszego stada stwierdzono w mleku homozygotycznych osobników *BB*. W systemie alkierzowym mleko pozyskane od heterozygotycznych krów wykazywało najwyższy udział mocznika. Niską zawartość mocznika w pierwszym stadzie odnotowano w mleku osobników o genotypie *AB*, w drugim stadzie u homozygotycznych zwierząt *BB*. W stadzie z dostępem do wybiegu różnice istotne statystycznie odnotowano pomiędzy zawartościami mocznika w mleku osobników o genotypach *AB* i *BB*. Wyższą wartością mocznika charakteryzowało się mleko otrzymane od krów homozygotycznych *BB* (tabela 14)

Tabela 13. Zawartość mocznika w mleku (mg/l) z uwzględnieniem polimorfizmu genetycznego laktacji i systemu utrzymania

System utrzymania	Laktacja	Genotypy	Zawartość mocznika w mleku (mg/l)			
			<i>PIT-1/Hinfl</i>	<i>GHRH/ BsuRI</i>	<i>GH/AluI</i>	<i>IGF-1/Eco 105I</i>
			LSM	LSM	LSM	LSM
Wolwowybiegowy	1	AA	301,85**	267,18	274,42	267,30
		AB	254,51**	278,17	282,14	268,62
		BB	259,61**	270,60	259,40	280,03
	2	AA	263,51	275,62	262,52	271,71
		AB	289,33	274,30	270,80	264,69**
		BB	273,25	276,17	292,77	289,70**
	3	AA	310,58**	268,98	284,94	273,97
		AB	269,56**	281,20	274,68	271,54
		BB	240,25**	270,21	260,76	274,88
Alkierzowy	1	AA	247,23**	235,70	234,85	233,09
		AB	230,07**	236,42	243,34	235,94
		BB	224,48**	229,65	223,59	232,74
	2	AA	231,96	228,82	227,87	229,42
		AB	226,78	226,93	223,82	224,41
		BB	225,94	228,94	234,00	230,84
	3	AA	198,71	207,24	215,50	205,61
		AB	212,69	201,56	218,80	208,67
		BB	206,34	208,93	183,43	203,46

** różnice istotne statystycznie $p \leq 0,05$

Tabela 14. Zawartość mocznika (mg/l) z uwzględnieniem polimorfizmu genetycznego i systemu utrzymania dla trzech laktacji łącznie

<i>System utrzymania</i>	Genotyp	Zawartość mocznika w mleku (mg/l)							
Wolnowybiegowy		<i>PIT-1/HinfI</i>		<i>GHRH/ BsuRI</i>		<i>GH/AluI</i>		<i>IGF-1/Eco 105I</i>	
		LSM	SE	LSM	SE	LSM	SE	LSM	SE
	<i>AA</i>	294,26**	124,68	264,15	88,83	265,97	101,97	265,55	97,29
	<i>AB</i>	266,48**	98,12	267,92	99,59	267,57	97,20	263,27**	101,33
	<i>BB</i>	259,60**	100,84	262,95	104,73	273,04	58,87	275,84**	103,63
	Alkierzowy	<i>AA</i>	237,32**	70,44	230,49	70,90	228,56	70,72	228,36
<i>AB</i>	227,71**	70,67	227,90	70,21	232,88	69,69	229,13	70,64	
<i>BB</i>	223,71**	69,89	227,51	71,12	218,57	70,76	227,83	71,01	

** różnice istotne statystycznie $p \leq 0,05$

4.7.3. Liczba komórek somatycznych

Analizując wpływ polimorfizmy *PIT-1/HinfI* na liczbę komórek somatycznych w mleku w stadzie utrzymywanym z dostępem do wybiegu wzrasta ona w kolejnych laktacjach. W pierwszej laktacji w mleku osobników heterozygotycznych odnotowano najwięcej komórek somatycznych ($4,86 \cdot 1000 \cdot \text{ml}^{-1}$). W drugiej i trzeciej laktacji najwyższą liczbą komórek somatycznych charakteryzowało się mleko osobników homozygotycznych *AA* ($6,36 \cdot 1000 \cdot \text{ml}^{-1}$ i $6,01 \cdot 1000 \cdot \text{ml}^{-1}$) najniższą natomiast u krów o genotypie *AB* ($5,23 \cdot 1000 \cdot \text{ml}^{-1}$ i $5,21 \cdot 1000 \cdot \text{ml}^{-1}$). W drugiej i trzeciej laktacji różnice pomiędzy liczbą komórek somatycznych w mleku osobników o genotypach *AA* i *AB* były istotne statystycznie. Wyższą zawartość komórek somatycznych odnotowano w mleku homozygot *AA* (tabela 15). W drugim analizowanym stadzie widoczny był wzrost liczby komórek somatycznych w mleku w kolejnych laktacjach. W pierwszej laktacji najwięcej komórek somatycznych zawierało mleko osobników heterozygotycznych ($5,82 \cdot 1000 \cdot \text{ml}^{-1}$). Zaobserwowane różnice pomiędzy wartościami osiągniętymi przez krowy o genotypie *AA* i *AB* były istotne. Mleko osobników heterozygotycznych wykazywało wyższą zawartość komórek somatycznych. W kolejnych laktacjach mleko pozyskane od osobników homozygotycznych *BB* zawierało najwyższą liczbę komórek somatycznych ($6,12 \cdot 1000 \cdot \text{ml}^{-1}$ i $6,37 \cdot 1000 \cdot \text{ml}^{-1}$). Z kolei najniższy udział komórek somatycznych wykazało mleko krów o genotypie *AA* w dwóch pierwszych laktacjach ($5,42 \cdot 1000 \cdot \text{ml}^{-1}$ i $5,71 \cdot 1000 \cdot \text{ml}^{-1}$) natomiast w trzeciej u heterozygotycznych zwierząt ($6,00 \cdot 1000 \cdot \text{ml}^{-1}$). Obserwowane różnice okazały się istotne. W drugiej laktacji istotne różnice odnotowano pomiędzy wartościami uzyskanymi przez osobniki o genotypach *AA* i *BB*. Najwyższą liczbę komórek somatycznych w mleku stwierdzono u osobników homozygotycznych *BB*. Podobnie istotne statystycznie różnice zaobserwowano w liczbie komórek somatycznych w mleku osobników o genotypach *AA* i *AB*. Wyższą zawartość komórek somatycznych wykazano w mleku heterozygotycznych krów. Natomiast w trzeciej laktacji istotne różnice odnotowano pomiędzy zawartościami komórek somatycznych w mleku krów o genotypie *BB* i *AB*. Mleko pozyskane od osobników o genotypie *BB* charakteryzowało się wyższą zawartością komórek somatycznych (tabela 15). Analizując łącznie trzy laktacje w stadzie wolnobybiegowym wysoki udział komórek somatycznych odnotowano w mleku osobników homozygotycznych *AA* w drugim systemie utrzymania w mleku krów o genotypie *BB*. W systemie alkierzowym to mleko zwierząt o genotypie *AA* charakteryzowało się najniższą liczbą komórek somatycznych. W drugim systemie utrzymania mleko heterozygotycznych krów wykazywało niski poziom cechy (tabela 16).

Analizując kolejny polimorfizm *GHRH/BsuRI* w odniesieniu do liczby komórek somatycznych w mleku wykazano że w obu stadach liczba komórek somatycznych wzrastała w kolejnych laktacjach. W pierwszym stadzie oraz pierwszej laktacji największa jej liczba charakteryzowała mleko pozyskane od osobników o genotypie *AA* ($4,94 \cdot 1000 \cdot \text{ml}^{-1}$). W pozostałych laktacjach najwyższą liczbę komórek somatycznych stwierdzono w mleku otrzymanym od krów o genotypie *BB* ($5,82 \cdot 1000 \cdot \text{ml}^{-1}$ i $6,38 \cdot 1000 \cdot \text{ml}^{-1}$). Największe różnice były widoczne w trzeciej laktacji. Najniższa liczba komórek somatycznych w pierwszej laktacji charakteryzowała mleko pochodzące od zwierząt homozygotycznych *BB* ($4,73 \cdot 1000 \cdot \text{ml}^{-1}$). W pozostałych laktacjach niska zawartość komórek somatycznych była udziałem mleka pochodzącego od krów homozygotycznych *AA* ($5,59 \cdot 1000 \cdot \text{ml}^{-1}$ i $4,5 \cdot 1000 \cdot \text{ml}^{-1}$). W trzeciej laktacji istotnie różniły się wartości obserwowane u osobników o genotypie *AB* i *BB*. Wyższą zawartością komórek somatycznych charakteryzowało się mleko pozyskane od osobników o genotypie *BB*. W przypadku pozostałych laktacji wyniki nie okazały się istotne statystycznie (tabela 15). W stadzie alkierzowym najwyższą liczbę komórek somatycznych odnotowano w mleku osobników o genotypie *BB*. Natomiast w pierwszej i trzeciej laktacji najniższą wartość cechy obserwowano w mleku krów homozygotycznych *AA*, w drugiej laktacji u heterozygotycznych osobników. Istotne różnice odnotowano we wszystkich laktacjach. W pierwszej laktacji istotnie różniły się średnie pomiędzy liczbami komórek somatycznych w mleku osobników o genotypach *AA* i *BB*. Wyższą zawartość komórek somatycznych wykazano w mleku homozygotycznych krów *BB*. W drugiej laktacji istotnie statystycznie różnice odnotowano w mleku osobników o genotypach *AA* i *BB*. Wyższą wartość cechy wykazano w mleku homozygotycznych krów *BB*. Ponadto istotnie statystycznie różniły się wartości osiągnięte przez osobniki o genotypach *AB* i *BB*. W mleku krów o genotypie *BB* odnotowano wyższy poziom komórek somatycznych. W trzeciej laktacji istotne różnice zaobserwowano pomiędzy wartościami uzyskanymi w mleku osobników o genotypie *AA* i *BB*. Wyższą zawartość komórek somatycznych wykazano w mleku krów homozygotycznych *BB*. Ponadto istotnie statystycznie różniły się wartości osiągnięte przez osobniki o genotypach *AA* i *AB*. W tym przypadku również osobniki o genotypie *BB* wytwarzały mleko o wyższej zawartości komórek somatycznych (tabela 15). Analizując łącznie trzy laktacje obu stadach najwyższą zawartość komórek somatycznych charakteryzowała mleko osobników o genotypie *BB*. Podobnie najniższy poziom cechy był charakterystyczny dla mleka krów o genotypie *AA* (tabela 16).

W przypadku trzeciego badanego polimorfizmu *GH/AluI* nie wykazano znaczącego wpływu na liczbę komórek somatycznych w mleku krów. Porównując oba stada wyższą liczbę komórek somatycznych zaobserwowano w mleku krów utrzymywanych alkierzowo. W przypadku tego stada wartości uzyskane w kolejnych laktacjach wykazały tendencję wzrostową. W dwóch pierwszych laktacjach najwyższą zawartością komórek somatycznych charakteryzowało się mleko pozyskane od krów homozygotycznych *AA* ($5,66 \cdot 1000 \cdot \text{ml}^{-1}$ i $6,11 \cdot 1000 \cdot \text{ml}^{-1}$). W trzeciej laktacji w mleku heterozygotycznych zwierząt oznaczono najwyższy udział komórek somatycznych ($6,36 \cdot 1000 \cdot \text{ml}^{-1}$). Niską zawartość komórek somatycznych we wszystkich laktacjach obserwowano w mleku osobników o genotypie *BB*, jednocześnie różnice nie były istotne (tabela 15). Analizując liczbę komórek somatycznych w mleku krów utrzymywanych w systemie z dostępem do wybiegu nie zaobserwowano widocznych tendencji. W pierwszej laktacji najwyższą liczbę komórek somatycznych stwierdzono w mleku osobników o genotypie *AB* ($5,04 \cdot 1000 \cdot \text{ml}^{-1}$) najniższy w mleku krów o genotypie *BB* ($4,63 \cdot 1000 \cdot \text{ml}^{-1}$). W pierwszej laktacji różnice pomiędzy wartościami odnotowanymi u krów o genotypie *AA* i *AB* wykazały istotność statystyczną. Wyższą zawartością komórek somatycznych odnotowano w mleku osobników heterozygotycznych. W kolejnych laktacjach to w mleku pozyskanym od osobników o genotypie *BB* wykazano najwyższą liczbę komórek somatycznych. Najniższy poziom komórek somatycznych stwierdzono w mleku krów heterozygotycznych (tabela 15). Analizując łącznie trzy laktacje w stadzie utrzymywanym alkierzowo najwyższą koncentrację komórek somatycznych zaobserwowano w mleku osobników o genotypie *AA*. W stadzie z dostępem do wybiegu najwyższą liczbę komórek somatycznych odnotowano w mleku osobników homozygotycznych *BB*. Najniższą zawartość komórek somatycznych w pierwszym stadzie stwierdzono w mleku homozygotycznych krów *AA* w drugim stadzie w mleku homozygotycznych krów *BB* (tabela 16).

Ostatnim analizowanym polimorfizmem jest polimorfizm *IGF 1/Eco105I*. Porównując liczbę komórek somatycznych większą ich koncentrację wykazano w mleku krów utrzymywanych alkierzowo. W obu systemach utrzymania był widoczny wzrost liczby komórek somatycznych w kolejnych laktacjach. W pierwszej laktacji w przypadku systemu utrzymania alkierzowego najwyższą liczbę komórek somatycznych odnotowano w mleku osobników o genotypie *BB*, w drugiej u krów homozygotycznych *AA* natomiast w trzeciej u heterozygotycznych zwierząt. Podobnie brak widocznych tendencji w przypadku najniższej wartości cechy. W pierwszej laktacji mleko osobników o genotypie *AB* wykazało najniższą wartość cechy. W drugiej mleko osobników homozygotycznych *BB* charakteryzowało się niską liczbą komórek somatycznych. Natomiast w trzeciej laktacji w mleku homozygotycznych krów *AA* stwierdzono niską wartość analizowanego parametru. Różnice istotne statystycznie odnotowano w drugiej laktacji. Istotnie statystycznie różniła się

zawartości komórek somatycznych w mleku osobników o genotypach *AA* i *BB*. Wyższą zawartość komórek somatycznych zaobserwowano w mleku zwierząt homozygotycznych *AA*. Ponadto istotne statystycznie różnice wykazano pomiędzy zawartością komórek somatycznych w mleku osobników o genotypach *AB* i *BB*. Wyższą wartość cechy odnotowano w mleku osobników heterozygotycznych (tabela 15). Analizując łącznie trzy laktacje w przypadku systemu wolnowybiegowego najwyższą liczbę komórek somatycznych stwierdzono w mleku pochodzącym od homozygotycznych krów *AA* we wszystkich laktacjach. Najniższe wartości cechy prezentowało mleko pochodzące od osobników o genotypie *BB* również w trzech laktacjach (tabela 16).

Tabela 15. Zawartość komórek somatycznych w mleku ($1000 \cdot \text{ml}^{-1}$) z uwzględnieniem polimorfizmu genetycznego laktacji i systemu utrzymania

System utrzymania	Laktacja	Genotypy	Liczba komórek somatycznych w mleku ($1000 \cdot \text{ml}^{-1}$)			
			<i>PIT-1/HinfI</i>	<i>GHRH/BsuRI</i>	<i>GH/AluI</i>	<i>IGF-1/Eco105I</i>
			LSM	LSM	LSM	LSM
Wolwowybiegowy	1	AA	4,80	4,94	4,78**	4,84
		AB	4,86	4,78	5,04**	4,80
		BB	4,81	4,73	4,63	4,82
	2	AA	6,36**	5,59	5,54	5,75
		AB	5,23**	5,68	5,53	5,68
		BB	5,50	5,82	6,03	5,66
	3	AA	6,01**	4,50	5,41	5,63
		AB	5,21**	5,76**	5,31	5,61
		BB	5,41	6,38**	5,93	5,40
Alkierzowy	1	AA	5,42**	5,51**	5,66	5,60
		AB	5,82**	5,53	5,65	5,54
		BB	5,62	5,81**	5,54	5,71
	2	AA	5,71**	5,82**	6,11	6,08**
		AB	6,05**	5,73**	5,99	6,01**
		BB	6,12**	6,33**	5,78	5,79**
	3	AA	6,08	5,88**	6,09	6,04
		AB	6,00**	6,16**	6,36	6,23
		BB	6,37**	6,42**	6,01	6,19

** różnice istotne statystycznie $p \leq 0,05$

Tabela 16. Zawartość komórek somatycznych ($1000 \cdot \text{ml}^{-1}$) z uwzględnieniem polimorfizmu genetycznego i systemu utrzymania dla trzech laktacji łącznie

<i>System utrzymania</i>	<i>Genotyp</i>	Liczba komórek somatycznych w mleku ($1000 \cdot \text{ml}^{-1}$)							
<i>Wolnowybiegowy</i>		<i>PIT-1/ HinfI</i>		<i>GHRH/ BsuRI</i>		<i>GH/AluI</i>		<i>IGF-1/Eco 105I</i>	
		LSM	SE	LSM	SE	LSM	SE	LSM	SE
	<i>AA</i>	5,76	1,47	5,27	1,10	5,26	1,25	5,38	1,24
<i>AB</i>	5,05	1,18	5,32	1,25	5,35	1,12	5,35	1,25	
<i>BB</i>	5,20	1,29	5,43	1,23	5,41	1,44	5,30	1,19	
<i>Alkierzowy</i>	<i>AA</i>	5,60	1,42	5,68	1,42	5,90	1,41	5,84	1,40
	<i>AB</i>	5,92	1,39	5,73	1,39	5,87	1,37	5,83	1,42
	<i>BB</i>	5,95	1,48	6,09	1,39	5,71	1,33	5,81	1,39

** różnice istotne statystycznie $p \leq 0,05$

5. Dyskusja

5.1 Polimorfizm *PIT-1/HinfI*

W obu analizowanych stadach obserwowano trzy genotypy *PIT-1/HinfI* : *AA*, *AB* i *BB*. Częstość występowania poszczególnych genotypów w obu stadach różniła się (tabela 2).

W stadzie z dostępem do wybiegu najczęściej pojawiały się osobniki heterozygotyczne, występowały z częstością 0,72. Mniej licznie odnotowano osobniki o genotypach *AA* (0,04) oraz *BB* (0,24). Frekwencja allelu *A* wyniosła 0,40 natomiast allelu *B* 0,60 (tabela 2).

W drugim analizowanym stadzie również najczęściej pojawiającym się genotypem była heterozygota, która występowała z częstością 0,7. Krowy o genotypie homozygoty *AA* pojawiły się liczniej niż w przypadku poprzedniego stada, gdyż wystąpiły z częstością 0,17. Natomiast osobniki homozygotyczne *BB* odnotowano z częstością 0,13. W związku z tym frekwencja allelu *A* wyniosła 0,51 natomiast allelu *B* 0,49 (tabela 2).

W badaniach Ayetkin i Boztepe [2013] z największą częstością odnotowano heterozygotyczne krowy. Ich frekwencja określana była na poziomie 0,51. Częstość występowaniem osobników o genotypie *AA*, oszacowano na poziomie 0,12, a homozygotycznych krów *BB* 0,37. Frekwencja allelu *A* wyniosła 0,37 natomiast allelu *B* 0,63 [Ayetkin i Boztepe 2013]. Doniesienia Xue i wsp. [2006] również podtrzymują większy udział heterozygot w badanej populacji co potwierdzają badania własne.

Z kolei Edriss i wsp. [2008] w czterech analizowanych stadach krów rasy holsztyńsko-fryzyjskiej stwierdzili najwyższą częstość osobników homozygotycznych *BB* (0,51). Heterozygotyczne zwierzęta wystąpiły z częstością 0,45. Ponownie najrzadziej odnotowano występowanie osobników o genotypie *AA* (0,03). We wszystkich badanych stadach frekwencje alleli były wartościami zbliżonymi. Zdecydowanie częściej odnotowano allel *B* (0,70) w porównaniu z allelem *A* (0,30) [Edriss i wsp. 2008].

Podobne doniesienia prezentowane były przez Selvaggi i Dario [2011]. W badanym stadzie z największą częstością odnotowano osobniki o genotypie *BB* (0,53) najrzadziej wystąpiły homozygotyczne krowy *AA* (0,14). Przeważała frekwencja allelu *B* (0,7) nad allelem *A* (0,3) [Selvaggi i Dario 2011].

Wysoką częstość występowania allelu *B* (0,81) zaobserwowali również Renaville i wsp. [1997]. Allel *A* pojawił się w populacji badanych krów ze znacznie niższą częstością (0,19). W badaniach Othman i wsp. [2011]

tylko allel *B* stwierdzono w całej badanej populacji. Wszystkie badane krowy posiadały genotyp *BB*.

Doniesienia te potwierdzają badania nad strukturą genetyczną populacji krów holsztyńsko-fryzyjskich przeprowadzoną przez Trakovická i wsp. [2014]. W prezentowanych doniesieniach najczęściej występującym genotypem wśród krów była homozygota *BB* (0,69). W przypadku homozygotycznych osobników *AA* odnotowano je z częstotliwością 0,05. W populacji dominował allel *B* (0,81). Allel *A* wystąpił z częstością 0,19 [Trakovická i wsp. 2014].

Hoseinzadeh i wsp. [2015] w stadzie krów holsztyńsko-fryzyjskich stwierdzili częstość występowania allelu *B* wynoszącą 0,74. Frekwencja allelu *A* wyniosła 0,26. Najczęstszym genotypem w analizowanym stadzie były homozygoty *BB* (0,54), najrzadziej pojawiały się homozygotyczne osobniki *AA* (0,06) [Hoseinzadeh i wsp. 2015].

Podobne częstotliwości alleli obserwowali w swych badaniach Zakizadeh i wsp. [2007], Vargas i wsp [2004], Oprządek i wsp. [2003], Doosti i wsp. [2011] oraz Dybus i wsp. [2004]. Natomiast Khaizaran i Al-Razem [2014] określili występowanie wariantów *PIT-1/HinfI* w populacji krów rasy holsztyńsko-fryzyjskiej z częstością allelu *A* 0,68 i *B* 0,31.

5.2. Polimorfizm genu *GHRH/BsuRI*

W obu analizowanych stadach obserwowano występowanie wszystkich trzech genotypów : *AA*, *AB* i *BB*.

W stadzie utrzymywanym z dostępem do wybiegu najczęściej pojawiającym się genotypem były heterozygotyczne krowy (0,63), następnie osobniki homozygotyczne *BB* (0,30). Najrzadziej pojawiającym się genotypem były krowy homozygotyczne *AA* (0,07). Frekwencja allelu *A* wyniosła (0,38), a allelu *B* (0,62) (tabela 2). W przypadku drugiego analizowanego stada również najczęściej odnotowano heterozygoty (0,45). Nieco niższą częstością charakteryzowały się homozygotyczne krowy *AA* (0,34). Natomiast najmniejszą frekwencję wykazywały zwierzęta o genotypie homozygoty *BB* (0,21). Frekwencja allelu *A* wyniosła (0,54) natomiast allelu *B* (0,46) (tabela 2).

W badaniach Szewczuk i wsp. [2008] najczęściej odnotowanym genotypem była homozygota *BB* (0,65) najrzadziej pojawiały się osobniki o genotypie homozygoty *AA* [Szewczuk i wsp. 2008]. W badaniach własnych w stadzie z dostępem do wybiegu również krowy o genotypie *AA* występowały rzadko. Natomiast w obu analizowanych grupach zwierząt dominowały heterozygotyczne krowy (tabela 2). Frekwencja allelu *B* w stadzie badanym przez Szewczuk i wsp. [2008] wyniosła 0,57. Wartość ta była zbliżona do

częstości allelu *B* w stadzie wolnowybiegowym w badaniach własnych. Podobne dane prezentuje Kmiec i wsp. [2007].

Zbliżoną frekwencję genotypów zaobserwowali Czerniewska-Piątkowska i wsp. [2011]. W obu analizowanych stadach przeważały homozygotyczne krowy *BB* (0,63 i 0,70). Najrzadziej wystąpiły homozygoty *AA* (0,042 i 0,054).

W przypadku rasy Limousine również dominującym genotypem była homozygota *BB* (0,81). Najrzadziej obserwowano osobniki o genotypie *AA* (0,01). Częstość allelu *B* wyniosła 0,90 natomiast allelu *A* 0,10 [Dybus i wsp. 2003].

5.3. Polimorfizm genu *GH/AluI*

W badanych stadach zostały zidentyfikowane wszystkie genotypy : *AA*, *AB* i *BB*. W obu stadach najczęściej obserwowano osobniki o genotypie *AA*. Częstość tego genotypu w stadzie utrzymywanym wolnowybiegowo osiągała wartość 0,83 a allelu *A* 0,91. W przypadku drugiego stada częstość genotypu *AA* wyniosła 0,83, a allelu *A* 0,89. Frekwencja heterozygotycznych krów była podobna w obu stadach w pierwszym wyniosła 0,15, a w drugim 0,13. Zdecydowanie najrzadziej odnotowano osobniki o genotypie *BB*. W stadzie z dostępem do wybiegu tylko jedna krowa miała genotyp *BB*, a w drugim stadzie sześć co daje częstość odpowiednio 0,08 i 0,11. Natomiast frekwencja allelu *B* w obu stadach osiągnęła poziom 0,15.

Podobne dane prezentował Kovács i wsp. [2006]. Autorzy w swych badaniach również stwierdzili, iż dominowały osobniki o genotypie *AA* (0,87), heterozygotyczne krowy występowały rzadziej (0,12). Najmniejszą frekwencją (0,05) charakteryzowały się homozygotyczne osobniki *BB* [Kovács i wsp. 2006]. Podobnie niski udział krów o genotypie *BB* (0,06) w populacji wykazał Pawar i wsp. [2007]. Natomiast w badaniach tych autorów heterozygotyczne krowy pojawiały się częściej (0,4) niż w badaniach własnych. Najczęściej występującym pozostawał genotyp *AA* (0,54).

Znacznie bardziej wyrównane frekwencje genotypów otrzymali Krasnopiorova i wsp. [2012]. Osobniki homozygotyczne *AA* oraz heterozygotyczne pojawiły się z jednakową częstością (0,46). Natomiast podobnie jak w przypadku badań innych autorów osobniki homozygotyczne *BB* pojawiały się najrzadziej (0,07). Frekwencja allelu *A* wyniosła 0,69 natomiast allelu *B* 0,31 [Krasnopiorova i wsp. 2012].

Podobne frekwencje alleli przedstawiły w swych badaniach Moravčíková i wsp. [2012]. W badanym stadzie z największą częstością występowały osobniki homozygotyczne *AA* (0,48) najmniejszą homozygotyczne *BB* (0,09).

Dybus i wsp. [2002] w pięciu analizowanych stadach również odnotowali najwyższą frekwencję genotypu *AA* oraz najniższą w przypadku homozygot *BB*.

W badaniach Hradecká i wsp. [2008] homozygoty *BB* nie wystąpiły. Natomiast podobnie jak w przypadku innych prezentowanych publikacji największą frekwencją wykazały się osobniki homozygotyczne *AA* (0,91). W badaniach Nam i wsp. [2014] autorzy również nie odnotowali osobników o genotypie *BB*.

5.4. Polimorfizm *IGF-1/Eco 105I*

W badanych stadach zostały zidentyfikowane wszystkie genotypy : *AA*, *AB* i *BB*. W analizowanych stadach dominowały osobniki o genotypie *AB*. W stadzie z dostępem do wybiegu ich frekwencja wyniosła 0,46 w drugim stadzie 0,54. Najrzadziej odnotowano krowy o genotypie *BB* w systemie utrzymania wolnowybiegowym 0,18 oraz alkierzowym 0,17. Osobniki homozygotyczne *AA* wystąpiły z większą częstością w stadzie wolnowybiegowym (0,36) w drugim stadzie częstość osobników o tym genotypie szacowano na poziomie 0,29. Frekwencja allelu *A* w pierwszym stadzie wyniosła 0,59 natomiast w drugim 0,45. Allel *B* odnotowano w pierwszym stadzie z częstością 0,41 w drugim 0,44 (tabela 2).

Podobne wyniki uzyskała Szewczuk i wsp. [2012]. Osobniki heterozygotyczne pojawiały się w badanej przez autorów populacji najczęściej (0,56). Krowy o genotypie *AA* autorzy odnotowali z częstością 0,26 natomiast osobniki o genotypie *BB* z częstością 0,17 [Szewczuk i wsp. 2012]. Podobny wynik prezentowały badania własne w przypadku stada alkierzowego. Frekwencja allelu *A* w badaniach Szewczuk i wsp. [2012] wyniosła 0,54 natomiast allelu *B* 0,45. W badaniach własnych zbliżoną frekwencją alleli charakteryzowało się stado z dostępem do wybiegu. Podobne frekwencje genotypów uzyskali Szewczuk i wsp. [2012].

Polasik i wsp. [2010] również w badanym stadzie odnotowali najczęściej osobniki heterozygotyczne (0,64). Podobnie jak w badaniach własnych autorzy najrzadziej zaobserwowali występowanie krów o genotypie *BB* (0,11). Zwierzęta homozygotyczne *AA* pojawiały się z częstością 0,25 [Polasik i wsp. 2010]. Podobne doniesienia prezentowali Nicolini i wsp. [2013].

Siadkowska i wsp. [2006] stwierdzili częstość występowania heterozygotycznych krów na poziomie 0,47. Natomiast osobników o genotypie *AA* i *BB* odpowiednio 0,29 i 0,24 [Siadkowska i wsp. 2006]. Podobną częstość osobników o genotypie *AA* odnotowano w badaniach własnych w stadzie alkierzowym. Zbliżoną częstością występowania w stosunku do badań

Siadkowskiej i wsp. [2006] charakteryzowały się osobniki heterozygotyczne w stadzie wolnowybiegowym.

Wysoką częstotliwość osobników o genotypie *BB* uzyskał Bonakdar i wsp. [2010]. W czterech badanych stadach frekwencja homozygotycznych osobników *BB* wahała się od 0,2-0,33. Najczęściej obserwowano osobniki heterozygotyczne najrzadziej odnotowano krowy o genotypie *AA*.

5.5. Polimorfizm genetyczny *PIT-1/HinfI*, *GHRH/ BsuRI*, *GH/AluI*, *IGF-1/Eco 105I*, a średnia dobowa wydajność mleczna

5.5.1. Polimorfizm genu *PIT-1/HinfI*, a średnia dobowa wydajność mleczna

W badaniach własnych najwyższą łączną wartość z trzech laktacji dla dobowej wydajności mlecznej osiągnęły heterozygoty niezależnie od systemu utrzymania. Wyniki te znajdują potwierdzenie w badaniach Edrisa i wsp. [2009] w przypadku których również osobniki o tym genotypie charakteryzowały się najwyższą mlecznością. Natomiast najniższą wydajnością według autora charakteryzowały się homozygoty *AA* co znalazło potwierdzenie w badaniach własnych w stadzie alkierzowym. Natomiast najniższą dobową wydajność mleczną w stadzie wolnowybiegowym odznaczały się osobniki homozygotyczne *BB*.

Badania Aytkin i Boztepe [2013] również wykazują korzystny wpływ genotypu *AA* na wydajność mleczną. Natomiast najniższą mleczność odnotowano u heterozygotycznych krów. Podobne doniesienia prezentują Khaizaran i Al.-Razem [2014] wskazując jednoznacznie na osobniki o genotypie *AA* jako najkorzystniejszy wariant w odniesieniu do wydajności mlecznej. Podobne dane prezentuje Trakovická i wsp. [2014]. Przedstawiane przez autorów dane nie korespondują z wynikami uzyskanymi w badaniach własnych.

Badania Dybusa i wsp. [2004] dotyczące wydajności mlecznej w trzech kolejnych laktacjach pozwoliły na stwierdzenie, że w pierwszej laktacji najwyższą wydajność odnotowano u osobników homozygotycznych *BB* najniższą u homozygotycznych *AA* [Dybus i wsp. 2004]. W badaniach własnych wykazano odwrotną tendencję. W drugiej laktacji autorzy wskazują, iż najkorzystniejszym genotypem w odniesieniu do badanej cechy jest homozygota *AA* najmniej korzystnym homozygota *BB* [Dybus i wsp. 2004]. Badania własne nie potwierdzają tej zależności. Wykazano w badaniach własnych iż najwyższą średnią dobową wydajnością charakteryzują się osobniki o genotypie *AB* najniższą krowy homozygotyczne *AA*. W przypadku ostatniej analizowanej przez autorów laktacji najkorzystniej kształtuje się wydajność u osobników o genotypie *AA* najniższą zaobserwowano w przypadku krów

heterozygotycznych [Dybus i wsp. 2004]. Wartości te znalazły potwierdzenie w badaniach własnych.

Zdecydowana większość autorów wskazuje genotyp *AA* jako najkorzystniejszy pod względem wydajności mlecznej. Wielu podkreśla iż allel *A* ma korzystny wpływ na wydajność mleczną [Renaville i wsp. 1997, Zwierzchowski i wsp. 2002, De Mattos i wsp. 2004, Edriss i wsp. 2009, Doosti i wsp. 2011, Selvaggi i Dario 2011]. Ponadto Beigi i wsp. [2010] podkreślają iż ukierunkowanie hodowli w kierunku zwiększenia udziału tego genotypu wpłynęłoby korzystnie na wydajność mleczną stada.

5.5.2. Polimorfizm genu *GHRH/BsuRI*, a średnia dobową wydajność mleczna

Najwyższą dobową wydajnością mleczną w stadzie wolnowybiegowym charakteryzowały się homozygotyczne krowy *BB*. Natomiast w drugim analizowanym stadzie to osobniki heterozygotyczne wykazywały najwyższą średnią dobową mleczność. Najmniej mleka w przypadku pierwszego stada pozyskiwano od osobników o genotypie *AA* w drugim stadzie od krów homozygotycznych *BB*.

Badania Szewczuk i wsp. [2008] wskazują, że najkorzystniejszym genotypem w odniesieniu do badanej cechy okazały się osobniki homozygotyczne *AA*. Najmniejszą dzienną mlecznością według autorów odznaczały się homozygotyczne krowy *BB* [Szewczuk i wsp. 2008]. Informacje te znajdują potwierdzenie w stosunku do niskiej dobowej wydajności mlecznej w badanym stadzie utrzymywanym alkierzowo.

Szatkowska i wsp. [2009] analizując kolejne laktacje wskazywali, iż w pierwszych dwóch osobniki o genotypie *BB* charakteryzowały się najwyższą wydajnością mleczną. Natomiast w trzeciej heterozygotyczne krowy wykazywały najwyższy poziom cechy. Niska wydajność mleczna w pierwszej i trzeciej laktacji była udziałem osobników homozygotycznych *AA*, w drugiej laktacji heterozygotycznych [Szatkowska i wsp. 2009].

W badaniach własnych również osobniki o genotypie *BB* charakteryzowały się najwyższą dobową wydajnością mleczną w dwóch pierwszych laktacjach. Tendencja ta była widoczna w stadzie wolnowybiegowym. W trzeciej laktacji to krowy o genotypie *AB* wykazywały najwyższą dobową wydajność. W stadzie wolnowybiegowym również heterozygotyczne osobniki charakteryzowały się najniższą dobową wydajnością w dwóch pierwszych laktacjach. W trzeciej laktacji osobniki o genotypie *AA* charakteryzowały się niską dobową wydajnością co również odnotowali Szatkowska i wsp. [2009]. Natomiast wyniki uzyskane w stadzie alkierzowym odbiegają od obserwacji Szatkowskiej i wsp. [2009].

Badania Kmieć i wsp. [2007] nie wskazują jednoznacznie, który z genotypów wpływa korzystnie na wydajność mleczną. W pierwszej laktacji osobniki o genotypie *BB* w drugiej *AB* natomiast w trzeciej *AA* charakteryzowały się najwyższą mlecznością. Tendencję tę częściowo można odnieść do badanego stada alkierzowego w drugiej i trzeciej laktacji. Badania autorów wskazują, iż osobniki o genotypie *BB*, w drugiej i trzeciej laktacji charakteryzowały się najniższą wydajnością mleczną [Kmieć i wsp. 2007]. Podobne wyniki obserwowano w obrębie analizowanych laktacji w stadzie alkierzowym. Wyniki pozyskane w stadzie wolnowybiegowym różnią się od wyników Kmieć i wsp. [2007].

Badania Dybus i wsp. [2006] dotyczące pierwszej laktacji wskazują iż najwyższą wydajnością mleczną charakteryzowały się krowy o genotypie *BB*. Natomiast w kolejnych laktacjach to homozygotyczne krowy *AA* osiągnęły najwyższą mleczność [Dybus i wsp. 2006]. W badaniach własnych podobny wynik w trzeciej laktacji uzyskano w stadzie alkierzowym. W przypadku systemu utrzymania wolnowybiegowego uzyskane wyniki nie wykazały podobieństw z badaniami wyżej wymienionych autorów. W drugiej i trzeciej laktacji autorzy najniższą wydajność odnotowują u homozygot *BB* co koresponduje z wynikami osiągniętymi w badaniach własnych w stadzie utrzymywanym alkierzowo. W drugim analizowanym stadzie to homozygotyczne osobniki *BB* osiągnęły najwyższe wartości badanej cechy.

5.5.3. Polimorfizm *GH/AluI*, a średnia dobowa wydajność mleczna

W obu stadach najwyższe średnie dobowe wydajności osiągały osobniki homozygotyczne *BB*. Najniższe wartości cechy występowały u heterozygotycznych krów.

W badaniach Krasnopirova i wsp. [2012] podkreślano, że najwyższą wydajność zaobserwowano u osobników o genotypie *BB* najniższą natomiast u heterozygotycznych krów. Wyniki prezentowane przez autorów były istotne statystycznie [Krasnopirova i wsp. 2012]. Niektóre doniesienia podkreślają iż allel *B* wpływa pozytywnie na wydajność mleczną oraz skład chemiczny mleka [Sabour i wsp. 1997, Zwierzchowski i wsp. 2002].

Najwyższą wydajność mleczną w przypadku osobników heterozygotycznych odnotował Pawar i wsp. [2007] oraz Kovács i wsp. [2006]. Najniższa wydajność mleczna była według autorów udziałem krów o genotypie *BB*. Podobne dane prezentują Hradecká i wsp. [2008].

Nam i wsp. [2014] podają iż najwyższą wydajność osiągnęły osobniki homozygotyczne *AA* natomiast heterozygotyczne krowy charakteryzowały się niższą wartością cechy. Brak w populacji krów o genotypie *BB* nie pozwoliły na pełną analizę. Autorzy wnioskowali iż allel *A* jest związany z wysoką

wydajnością mleczną co znajduje potwierdzenie we wcześniej wykonanych badaniach Zwierzchowskiego i wsp. [1995].

Ruprehter i wsp. [2011] oraz Moravčíková i wsp. [2012] podają, iż najwyższą wydajność mleczną osiągnęły osobniki o genotypie *AA* najniższą o genotypie *BB*.

W badanym stadzie z dostępem do wybiegu najwyższą dobową wydajność odnotowano w przypadku osobników o genotypie *BB* w pierwszej i trzeciej laktacji. W drugiej laktacji najwyższe dobowe wydajności charakteryzowały krowy homozygotyczne *AA*. Osobniki o genotypie *AB* w pierwszej i trzeciej laktacji charakteryzowały się najniższą dobową wydajnością. Natomiast w drugiej laktacji najniższa wartość cechy występowała u osobników o genotypie *BB*.

W drugim analizowanym systemie utrzymania wraz z kolejną laktacją wzrastają wartości dobowej wydajności mlecznej. We wszystkich laktacjach najwyższą wartość cechy zaobserwowano u homozygotycznych krów *BB* natomiast najniższą u heterozygotycznych.

Dybus i wsp. [2002] wskazują iż w pierwszej laktacji najwyższą wydajność mleczną osiągnęły osobniki o genotypie *AA*. W kolejnych laktacjach krowy o genotypie *BB* charakteryzują się najwyższą wydajnością mleczną [Dybus i wsp. 2002]. Badania własne potwierdzają tendencję w drugiej i trzeciej laktacji. W obu systemach utrzymania od osobników homozygotycznych *BB* pozyskiwano dobowo najwięcej mleka we wszystkich laktacjach z wyjątkiem drugiej laktacji w systemie utrzymania wolnowybiegowym. Najniższą wydajnością w stadach badanych przez Dybus i wsp. [2002] charakteryzowały się heterozygotyczne zwierzęta [Dybus i wsp. 2002]. Również w badaniach własnych to osobniki heterozygotyczne wykazywały najniższą wydajność w większości analizowanych laktacji. Wyjątek ponownie stanowi druga laktacja w stadzie wolnowybiegowym gdzie niski udział cechy odnotowano u osobników o genotypie *BB*.

5.5.4. Polimorfizm *IGF-1/Eco 105I*, a średnia dobowa wydajność mleczna

W badaniach własnych najwyższą dobową wydajnością mleczną charakteryzowały się osobniki heterozygotyczne w obu analizowanych stadach. Najniższą mleczność odnotowano u osobników o genotypie *BB*.

Podobne doniesienia prezentują badania Nicolini i wsp. [2013]. Autorzy również najwyższą wydajność mleczną zaobserwowali u osobników o genotypie *AB* najniższą natomiast u osobników o genotypie *AA*. Jednakże wartości cechy osiągnięte przez osobniki o genotypach *AA* i *BB* były bardzo zbliżone [Nicolini i wsp.2013].

Wyniki uzyskane w badaniach własnych znajdują potwierdzenia w badaniach Szewczuk i wsp. [2012]. Autorzy wskazują osobniki heterozygotyczne jako charakteryzujące się najwyższą wydajnością mleczną a homozygotyczne krowy *BB* jako osobniki o najniższej wydajności [Szewczuk i wsp. 2012].

Natomiast Szewczuk i wsp. [2013] podają iż najwyższą wydajnością mleczną charakteryzowały się osobniki o genotypie *BB* najniższą osobniki heterozygotyczne [Szewczuk i wsp. 2013].

Badania Siadkowskiej i wsp. [2006] częściowo korespondują z badaniami własnymi. Autorzy również odnotowali najniższą wydajność mleczną u osobników o genotypie *BB*. Natomiast w przypadku wysokich wartości cechy były one udziałem krów homozygotycznych *AA*. Różnice pomiędzy osobnikami o tym genotypie a heterozygotycznymi krowami były niewielkie [Siadkowska i wsp. 2006].

Podobne doniesienia prezentują Bonakdar i wsp. [2010] również w przypadku tych badań najwyższą wydajnością mleczną odznaczały się osobniki o genotypie *AA* najniższą natomiast krowy o genotypie *BB*. Wyniki te są zgodne sz wynikami badań własnych.

Polasik i wsp. [2010] analizowali wydajność mleczną w trzech kolejnych laktacjach. W pierwszej laktacji najwyższą wydajność odnotowano w przypadku osobników heterozygotycznych, co znajduje potwierdzenie w badaniach własnych. W obu analizowanych stadach w pierwszej laktacji osobniki heterozygotyczne były związane z najwyższą wydajnością mleczną. Polasik i wsp. [2010] w pierwszej laktacji najniższą wydajność mleczną stwierdzili u osobników o genotypie *AA* czego nie potwierdzają badania własne. W badanych stadach najniższą dobową wydajnością mleczną w pierwszej laktacji charakteryzowały się osobniki o genotypie *BB*. Autorzy w drugiej i trzeciej laktacji najwyższą mleczność odnotowali u osobników o genotypie *AA*. Natomiast w badaniach własnych najwyższą dobową wydajność mleczną w przypadku osobników o genotypie *AA* odnotowano w stadzie alkierzowym w trzeciej laktacji. W przypadku niskiej wydajności mlecznej autorzy stwierdzili ją u osobników heterozygotycznych. Badania włane nie potwierdzają tych doniesień.

5.6. Polimorfizm genetyczny *PIT-1/HinfI*, *GHRH/ BsuRI*, *GH/AluI*, *IGF-1/Eco 105I*, a procentowa zawartość tłuszczu w mleku

5.6.1. Polimorfizm genu *PIT-1/HinfI*, a zawartość tłuszczu w mleku

Badania własne wskazują iż mleko o wysokiej zawartości tłuszczu pozyskano od osobników o genotypie *AA* w przypadku obu analizowanych stad. Natomiast najniższą zawartością tłuszczu charakteryzowało się mleko osobników heterozygotycznych również przypadku obu stad.

Podobne zależności prezentują badania Trakovická i wsp. [2014]. Autorzy najwyższy udział tłuszczu odnotowali w mleku osobników o genotypie *AA* najniższy natomiast w mleku krów homozygotycznych *BB* [Trakovická i wsp. 2014]. Ponadto Cosier i wsp. [2012] wskazują iż allel *A* jest związany z wysoką procentową zawartością tłuszczu w mleku.

Badania Edrisa i wsp. [2009] nie potwierdzają tej zależności gdyż od heterozygotycznych osobników pozyskiwano mleko o najwyższym procentowym udziale tłuszczu natomiast najniższą jego zawartość autorzy stwierdzili w mleku krów o genotypie *BB* [Edris i wsp. 2009].

Badania Aytekin i Boztepe [2013] wskazują, iż od osobników o genotypie *BB* otrzymano mleko o najwyższym procentowym udziale tłuszczu. Najmniej tłuszczu wykazano w mleku heterozygotycznych krów co potwierdzają badania własne.

Badania Dybusa i wsp. [2004] wskazują iż w pierwszej laktacji najwyższą procentową zawartość tłuszczu w mleku stwierdzono u osobników o genotypie *BB*. Najniższą wartość cechy zaobserwowano w mleku heterozygotycznych krów [Dybus i wsp. 2004]. Badania własne wskazują że zwierzęta o genotypie *AB* to te, od których pozyskano mleko o najniższym udziale tłuszczu w pierwszej laktacji w obu stadach. Natomiast wysoka zawartość tłuszczu charakteryzowała mleko pozyskane od homozygot *AA* również w obu stadach. W kolejnych laktacjach autorzy podkreślają iż mleko osobników o genotypie *AA* jest najbardziej zasobne w tłuszcz. Najmniej tego składnika oznaczono w mleku heterozygot [Dybus i wsp. 2004]. Wyniki te znalazły odzwierciedlenie w badaniach własnych.

5.6.2. Polimorfizm genu *GHRH/BsuRI* a zawartość tłuszczu w mleku

W pierwszym analizowanym stadzie najwyższą procentową zawartość tłuszczu stwierdzono w mleku osobników o genotypie *AB*. Najniższą wartość cechy wykazano w mleku krów homozygotycznych *AA*. W drugim analizowanym stadzie to heterozygotyczne krowy wskazywały najwyższą zawartość tłuszczu w mleku najniższą odnotowano u osobników o genotypie *BB*.

Szewczuk i wsp. [2008] stwierdzili najwyższą wartość tłuszczu w mleku osobników homozygotycznych *BB*. Najniższy udział cechy wykazano w mleku krów o genotypie *AA*. Wyniki autorów znajdują częściowe potwierdzenie w przypadku niskiej wartości cechy w mleku pozyskanym w stadzie wolnowybiegowym.

Odmienne wyniki uzyskali Czerniawska-Piątkowska i wsp. [2011]. Autorzy podają, iż genotyp *AA* jest związany z najwyższym procentowym udziałem tłuszczu w mleku.

Analizując procentową zawartość tłuszczu w mleku w stadzie wolnowybiegowym najwyższy jego poziom wykazano w dwóch pierwszych laktacjach w mleku heterozygotycznych krów, w trzeciej w mleku osobników o genotypie *AA*. Najniższą zawartością tłuszczu charakteryzowało się mleko krów o genotypie *AA*. W przypadku drugiej i trzeciej laktacji najmniej zasobne w tłuszcz mleko pozyskiwano od zwierząt homozygotycznych *BB*.

W drugim badanym stadzie w pierwszej laktacji od osobników o genotypie *BB* pozyskiwano mleko o wysokiej zawartości tłuszczu. W kolejnych laktacjach to osobniki heterozygotyczne wytwarzały mleko o najwyższym udziale tłuszczu. W pierwszej laktacji najmniej zasobne w tłuszcz było mleko pozyskane od heterozygotycznych zwierząt. Natomiast najmniej tłuszczu odnotowano w mleku pochodzącym od homozygotycznych krów *BB* również w dwóch ostatnich laktacjach.

Według Szatkowskiej i wsp. [2009] w trzech kolejnych laktacjach najwyższy udział tłuszczu stwierdzono w mleku osobników o genotypie *AA*. Najniższy w pierwszej laktacji wystąpił w mleku heterozygotycznych krów natomiast w kolejnych w mleku osobników o genotypie *BB*. Wyniki prezentowane przez autorkę odbiegają od z wyników badań własnych. W stadzie z dostępem do wybiegu to heterozygoty w dwóch pierwszych laktacjach charakteryzowały się najwyższym udziałem tłuszczu w mleku. Obserwacja poziomu cechy w trzeciej laktacji potwierdza wyniki autorki zarówno pod względem wysokiego jak i niskiego poziomu badanej cechy [Szatkowska i wsp. 2009].

Podobne wyniki prezentują Kmieć i wsp. [2007]. W trzech kolejnych laktacjach najwyższa zawartość tłuszczu charakteryzowała mleko osobników homozygotycznych *AA*. Niska zawartość tego składnika w pierwszej i trzeciej laktacji była odnotowana w mleku krów heterozygotycznych w drugiej u osobników homozygotycznych *BB*. W obu analizowanych stadach w drugiej i trzeciej laktacji mleko pozyskane od osobników o genotypie *BB* charakteryzowało się niską zawartością tłuszczu. Natomiast wyniki Kmiecia i wsp. [2007] nie potwierdzają badań własnych. Wyniki badań Dybus i wsp. [2006] potwierdzają obserwacje dokonane w badanych stadach.

5.6.3. Polimorfizm *GH/AluI*, a zawartość tłuszczu w mleku

Wysoki procentowy udział tłuszczu w obu analizowanych stadach był charakterystyczny dla mleka pozyskanego od osobników heterozygotycznych najniższy natomiast obserwowano w mleku krów o genotypie *BB*.

Podobne wartości odnośnie wysokiej zawartości tłuszczu podano w badaniach Hradecká i wsp. [2008]. Natomiast niską zawartość tłuszczu wykazano w mleku osobników o genotypie *AA*. Podobne dane prezentuje Nam i wsp. [2014]. Również Moravčíková i wsp. [2014] najwyższą zawartość tłuszczu wykazali w mleku heterozygotycznych krów najniższą natomiast u osobników homozygotycznych *BB*.

Wyniki badań własnych nie znajdują potwierdzenia w badaniach Kovács i wsp. [2006]. Autorzy podobnie jak w przypadku wydajności mlecznej w procentowej zawartości tłuszczu wykazali odwrotną tendencję.

W przypadku badań Dybus i wsp. [2002] najwyższa zawartość tłuszczu charakteryzowała mleko pozyskane od osobników o genotypie *BB*. Niska zawartość tłuszczu została odnotowana w mleku pozyskanym od osobników o genotypie *AA*. Wartości te dotyczyły trzech kolejnych laktacji [Dybus i wsp. 2002]. Podobne wartości obserwowano w analizowanym stadzie wolnowybiegowym w trzeciej laktacji.

Niski udział tłuszczu w mleku osobników homozygotycznych *BB* zaobserwowali również Krasnopirova i wsp. [2012] natomiast wysoką wartość cechy odnotowano w mleku krów o genotypie *AA*.

5.6.4. Polimorfizm *IGF-1/Eco 105I*, a zawartość tłuszczu w mleku

Najwyższą procentową zawartość tłuszczu w stadzie alkierzowym odnotowano w mleku osobników heterozygotycznych. Mleko krów o genotypach *AA* i *BB* uzyskało jednakowo niską wartość badanego parametru.

W stadzie utrzymywanym wolnowybiegowo wysoką procentową zawartość tłuszczu stwierdzono w mleku osobników o genotypie *BB*. Niski procentowy udział tłuszczu w mleku odnotowano u krów o genotypie *AB*.

Bonakdar i wsp. [2010] również wskazują najwyższy procentowy udział tłuszczu w mleku osobników heterozygotycznych najniższy w mleku krów o genotypie *AA*. Wyniki znajdują potwierdzenie w badaniach Nicolini i wsp.[2013].

Odmienne wyniki uzyskali Szewczuk i wsp. [2012]. W mleku osobników heterozygotycznych stwierdzono najniższy udział tłuszczu natomiast w mleku krów o genotypie *AA* najwyższy. Podobne zbieżności zaobserwowano w badanym stadzie wolnowybiegowym.

W badaniach Szewczuk i wsp. [2013] wykazano najwyższą procentową zawartość tłuszczu w mleku osobników heterozygotycznych a najniższą w mleku homozygotycznych krów *BB*.

Badania Siadkowskiej i wsp. [2006] wskazały iż najwyższą koncentrację tłuszczu odnotowano w mleku osobników o genotypie *AB* najniższą natomiast w mleku osobników o genotypie *AA*. W badaniach własnych wyniki znajdują swoje częściowe potwierdzenie w przypadku stada alkierzowego, gdzie mleko pozyskane od osobników heterozygotycznych charakteryzowało się najwyższym udziałem tłuszczu.

Polasik i wsp. [2010] podają iż największą procentową zawartością tłuszczu charakteryzowało się mleko pozyskiwane od homozygotycznych krów *BB*. Tendencja ta była widoczna w trzech kolejnych laktacjach. Podobne doniesienia prezentowane są w przypadku stada wolnowybiegowego również we wszystkich analizowanych laktacjach osobniki o genotypie *BB* wytwarzały mleko zasobne w tłuszcz. Polasik i wsp. [2010] najniższą zawartość tłuszczu wykazali w mleku osobników o genotypie *AA*. Podobne wyniki były widoczne w stadzie alkierzowym w trzeciej laktacji. W badaniach własnych osobniki heterozygotyczne w stadzie wolnowybiegowym osiągały niską procentową zawartość tłuszczu. W stadzie alkierzowym w dwóch pierwszych laktacjach najniższy udział tłuszczu zaobserwowano w mleku osobników homozygotycznych *BB*.

5.7. Polimorfizm genetyczny *PIT-1/HinfI*, *GHRH/BsuRI*, *GH/AluI*, *IGF-1/Eco 105I*, a procentowa zawartość białka w mleku

5.7.1. Polimorfizm genu *PIT-1/HinfI*, a procentowa zawartość białka w mleku

W badaniach własnych najwyższą koncentracją białka charakteryzowało się mleko pozyskane od osobników o genotypie *AA* w obu stadach. Najniższa wartość cechy była charakterystyczna dla mleka heterozygotycznych krów. Podobne wyniki badań prezentuje Trakovická i wsp. [2014], w których również osobniki o genotypie *AA* wykazywały najwyższy udział białka w mleku. W przypadku niskiej zawartości badanego parametru wykazało je również mleko osobników heterozygotycznych.

Badania Edrissa i wsp. [2009] nie potwierdzają tych wyników. Autorzy wskazują, iż heterozygotyczne osobniki wytwarzają mleko o najwyższym udziale białka. Natomiast najniższą zawartość białka odnotowano w mleku krów o genotypie *BB*. Podobne wyniki uzyskał Hoseinzadeh i wsp. [2015]. Doniesienia te nie korespondują z wynikami uzyskanymi przez Aytekin i Boztepe [2013]. Autorzy podkreślają iż mleko o najwyższej koncentracji białka było udziałem homozygotycznych krów *BB*. Najniższy jego poziom odnotowano w mleku osobników o genotypie *AB* co również było widoczne w analizowanych obu stadach.

Analizy przeprowadzone przez Dybus i wsp. [2004] wskazały iż w pierwszej i trzeciej laktacji najwięcej białka posiadało mleko pozyskane od osobników o genotypie *BB* najmniej od krów heterozygotycznych. W drugiej laktacji najbardziej zasobne w białko było mleko pochodzące od krów o genotypie *AA* najmniej od heterozygotycznych osobników. Badania własne wskazują iż krowy homozygotyczne *AA* w pierwszej i trzeciej laktacji wytwarzały mleko o wysokim udziale białka. Niska zawartość białka również w przypadku badań własnych dotyczyła osobników heterozygotycznych. Natomiast w drugiej laktacji to od osobników o genotypie *AB* pozyskiwano mleko o wysokim udziale białka.

5.7.2. Polimorfizm genu *GHRH/BsuRI*, a procentowa zawartość białka w mleku

W badaniach własnych w przypadku stada z dostępem do wybiegu osobniki heterozygotyczne wykazywały wysoką procentową zawartość białka w trzech kolejnych laktacjach. Niski poziom cechy był prezentowany przez mleko krów o genotypie *BB* w dwóch pierwszych laktacjach, w trzeciej przez osobniki o genotypie *AA*.

W stadzie alkierzowym mleko pozyskane od homozygotycznych osobników *AA* charakteryzowało się najwyższym udziałem białka. Natomiast niski poziom białka wykazano w mleku heterozygotycznych krów. Wyniki te znajdują częściowe potwierdzenie w analizach dokonanych przez Szewczuk i wsp. [2008]. Autorzy twierdzą iż najwyższą zawartość białka obserwowano w mleku pochodzącym od osobników o genotypie *AA*. Niską koncentrację tego składnika wykazuje w mleku homozygotycznych krów *BB*. Podobnie Czerniawska-Piątkowska i wsp. [2011] wskazali najwyższy procentowy udział białka w mleku pozyskanym od osobników o genotypie *AA*.

Szatkowska i wsp. [2009] najwyższą zawartość białka wykazali w mleku heterozygotycznych krów w trzech kolejnych laktacjach. Najniższą wartość białka wykazało mleko osobników o genotypie *AA* również w przypadku trzech laktacji. Wartości te korespondują z badaniami własnymi uzyskanymi w stadzie wolnowybiegowym. Dane uzyskane w stadzie alkierzowym częściowo pokrywają się z obserwacjami wyżej wymienionych autorów. W drugiej i trzeciej laktacji heterozygotyczne osobniki charakteryzowały się najwyższym udziałem białka w mleku. Niski udział białka w pierwszej laktacji wystąpił u krów o genotypie *AB*, w kolejnych u homozygot *BB*.

Odmienne dane prezentowali Kmieć i wsp. [2007]. Wykazali najwyższą wartość białka w mleku homozygotycznych krów *AA* w trzech kolejnych laktacjach. W pierwszej laktacji to osobniki heterozygotyczne wykazały najniższą wartość białka w mleku. Natomiast najniższe wartości białka w drugiej i trzeciej laktacji zaobserwowano w mleku krów o genotypie *BB*. W stadzie alkierzowym również wysoka zawartość białka charakteryzowała mleko osobników o genotypie *AA*. Tendencja ta była widoczna w dwóch pierwszych laktacjach. Obserwacje poczynione przez autorów znajdują potwierdzenie w przypadku niskich wartości białka w drugiej i trzeciej laktacji w badanym stadzie alkierzowym.

5.7.3. Polimorfizm *GH/AluI*, a procentowa zawartość białka w mleku

Wysoki procentowy udział białka odnotowano w mleku heterozygot w obu analizowanych stadach. Niską zawartością charakteryzowało się mleko pozyskane od osobników homozygotycznych *BB*. Podobne tendencje były widoczne w badaniach Moravčíková i wsp. [2012]. Częściowe potwierdzenie tych wartości można znaleźć w analizach Nam i wsp. [2014]. Autorzy również w mleku heterozygotycznych krów wykazali najwyższą zawartość białka. Brak osobników o genotypie *BB* nie daje możliwości stwierdzenia czy byłyby one związane z niską wartością cechy.

Dane publikowane przez Dybus i wsp. [2002] nie potwierdzają wartości osiągniętych w badaniach własnych. Autorzy najwyższą zawartość białka wykazali w mleku osobników o genotypie *BB* najniższą w mleku homozygotycznych krów *AA* [Dybus i wsp. 2002]. Podobnie badania Kovács i wsp. [2006] wskazują, że najwięcej białka zawierało mleko osobników o genotypie *BB* najmniej heterozygotycznych krów.

Odmienne wyniki uzyskują Krasnopirova i wsp. [2012] stwierdzające najwięcej białka w mleku homozygotycznych osobników *AA*. Wyniki uzyskane przez autorów okazały się istotne. Najniższy udział białka widoczny był w mleku krów o genotypie *BB* co potwierdza badania własne.

Hradecká i wsp. [2008] natomiast wskazuje najwyższy udział białka w mleku osobników heterozygotycznych a najniższy w mleku krów homozygotycznych *AA*.

5.7.4. Polimorfizm *IGF-1/Eco105*, a procentowa zawartość białka w mleku

Najwyższą procentową zawartość białka w mleku w stadzie wolnowybiegowym odnotowano u osobników o genotypie *BB*, najniższą natomiast w mleku krów o genotypie *AB*. Podobne wyniki badań prezentowali Szewczuk i wsp. [2012]. W stadzie alkierzowym najwięcej białka odnotowano w mleku osobników homozygotycznych *AA*. Równie niską procentową zawartość białka odnotowano u osobników o genotypach *AB* i *BB*.

Badania Szewczuk i wsp. [2013] wskazują iż najwyższą procentową zawartością białka charakteryzowało się mleko heterozygotycznych krów najniższą natomiast mleko pozyskane od krów o genotypie *BB* [Szewczuk i wsp. 2013]. Wartości uzyskane w badaniach własnych nie znajdują potwierdzenia w badaniach Siadkowskiej i wsp. [2006]. Autorzy wskazują iż najwyższy udział białka zaobserwowano w mleku osobników o genotypie *AB* najniższy w przypadku mleka pozyskanego od krów o genotypie *AA*. Podobne dane prezentował Bonakdar i wsp. [2010].

5.8. Polimorfizm genetyczny *GH/AluI* *GHRH/ BsuRI* *PIT-1/HinfI*, *IGF-1/Eco 105I*, a pozostałe składniki mleka

5.8. Polimorfizm genetyczny *GH/AluI* *GHRH/ BsuRI* *PIT-1/HinfI*, *IGF-1/Eco 105I*, a pozostałe składniki mleka

Zawartość laktozy w mleku krów utrzymywanych alkierzowo waha się od 4,84 % do 4,71%. Wyższy poziom laktozy stwierdzono w mleku krów utrzymywanych z dostępem do wybiegu. W pierwszej laktacji od krów pochodzących z tego stada otrzymano mleko o najwyższej zawarości laktozy (4,93%). W kolejnych laktacjach zawartość laktozy w mleku ulega obniżeniu. Tendencja ta jest widoczna w obu analizowanych stadach (tabela 1). W badaniach Król i wsp. [2011] zawartość laktozy w mleku krów rasy holsztyńsko-fryzyjskich wynosiła 4,77% co jest wartością niższą niż w przypadku mleka krów utrzymywanych w systemie wolnowybiegowym w badaniach własnych. W przypadku mleka pozyskanego od osobników utrzymywanych alkierzowo stwierdzono wyższą zawartość laktozy w pierwszej laktacji w porównaniu z wynikami prezentowanymi przez Król i wsp. [2011]. Natomiast w drugiej i trzeciej laktacji zawartość laktozy w mleku krów pochodzących ze stada alkierzowego była niższa (4,71%) niż w przypadku wartości laktozy w mleku krów ze stada badanego przez Król i wsp. [2011]. Niższe zawartości laktozy (4,73%) w mleku krów rasy holsztyńsko-fryzyjskiej odnotował Chabuz i wsp. [2016]. Brodziak i wsp. [2012] w swych badaniach stwierdzili iż mleko pochodzące od krów rasy holsztyńsko-fryzyjskiej w różnych systemach utrzymania różni się zawartością laktozy. Stado utrzymywane z dostępem do wybiegu wytwarzało mleko o wyższej zawartości laktozy (4,73%). Natomiast osobniki pochodzące ze stada utrzymywanego alkierzowo wytwarzało mleko o niższej zawartości laktozy (4,70%) [Brodziak i wsp. 2012]. Badania własne potwierdzają doniesienia prezentowane przez autorów.

Porównując oba analizowane stada wyższą procentową zawartość suchej masy stwierdzono w mleku krów utrzymywanych w systemie z dostępem do wybiegu. W pierwszej laktacji stwierdzono najwyższą procentową zawartość suchej masy w mleku (15,42%). W kolejnych laktacjach zawartość suchej masy w mleku wykazywała spadek. W drugim systemie utrzymania również najwyższą zawartością suchej masy charakteryzowało się mleko pozyskane od osobników w pierwszej laktacji. W kolejnych laktacjach również stwierdzono spadek zawartości suchej masy w mleku. Król i wsp. [2011] w swych badaniach odnotowali zawartość suchej masy w mleku na poziomie 13,15% co stanowi wartość niższą niż w przypadku mleka pozyskanego od krów ze stada utrzymywanego z dostępem do wybiegu.

Natomiast zawartość suchej masy w mleku odnotowana przez Król i wsp. [2011] jest wyższa niż poziom suchej masy stwierdzony w mleku pozyskanym od osobników ze stada alkierzowego. Chabuz i wsp. [2016] w swych badaniach odnotowali niższą zawartość suchej masy (12,97%) w porównaniu z badaniami własnymi.

W mleku krów utrzymywanych z dostępem do wybiegu stwierdzono wyższy poziom mocznika niż w mleku krów utrzymywanych alkierzowo. W obu przypadkach zawartość mocznika przekracza 200 mg/l. w przypadku pierwszego stada zawartość mocznika w mleku wzrastała w kolejnych laktacjach. W stadzie utrzymywanym alkierzowo poziom mocznika w mleku wykazywał spadek w kolejnych laktacjach. Według Guliński i wsp. [2015] w 95% próbek mleka pochodzącego od krów rasy holsztyńsko-fryzyjskiej zawartość mocznika nie przekracza 200 mg/l. W badaniach Pilarskiej i wsp. [2014] zawartość mocznika wzrastała w trzech pierwszych laktacjach natomiast jego poziom nie przekroczył 200 mg/l.

Liczba komórek somatycznych stanowi wskaźnik stanu zdrowia zwierzęcia. Wyższą liczbę komórek somatycznych stwierdzono w mleku krów utrzymywanych alkierzowo. Niższą liczbą komórek somatycznych charakteryzowało się mleko pozyskane od krów utrzymywanych z dostępem do wybiegu. Liczba komórek somatycznych w obu stadach wzrastała w kolejnych laktacjach. W obu stadach liczba komórek somatycznych nie przekroczyła 200 tysięcy w jednym mililitrze. Skrzypek i wsp. [2007] podaje iż wzrost liczby komórek somatycznych do poziomu 600 tysięcy w mililitrze może być przyczyną zaburzeń stanu zdrowia. Pilarska i wsp. [2014] w swych badaniach również podkreśla wzrost liczby komórek somatycznych w kolejnych laktacjach.

W przypadku cech takich jak zawartość : suchej masy, laktozy mocznika czy liczba komórek somatycznych autorzy bardzo rzadko uwzględniają te parametry w swoich badania co nie daje możliwości porównania z badaniami własnymi. Badania własne stwarzają możliwość rozpoczęcia dyskusji czy polimorfizm wybranych genów wpływa na kształtowanie tych cech. Uwzględnienie rozszerzonego składu chemicznego mleka oraz badanie wpływu polimorfizmu genetycznego na jego kształtowanie w odmiennych systemach utrzymania może przyczynić się do poprawienia jakości pozyskiwanego mleka.

6. Podsumowanie

W badanych stadach utrzymywanych z dostępem do wybiegu oraz alkierzowo stwierdzono różnice w wartościach średniej dobowej wydajności mlecznej, procentowej zawartości tłuszczu, białka, laktozy, suchej masy oraz mocznika i komórek somatycznych. Osobniki utrzymywane w systemie alkierzowym charakteryzowały się wyższą wydajnością mleczną w porównaniu z osobnikami utrzymywanymi w systemie z dostępem do wybiegu. Ponadto mleko pozyskane od osobników utrzymywanych w systemie alkierzowym charakteryzowało się wyższą zawartością tłuszczu, białka. Mleko pozyskane od osobników z systemu utrzymania wolnostanowiskowego charakteryzowało się wyższą zawartością laktozy, suchej masy oraz mocznika.

Analizując związek pomiędzy poszczególnymi genotypami, a wydajnością mleczną stwierdzono iż poszczególne warianty genetyczne w różnym stopniu kształtują wartość tej cechy. W przypadku genów *PIT-1/HinfI* i *IGF-1/Eco105I* wysoka wydajność mleczna została odnotowana u osobników o genotypie *AB* w obu stadach. Analizując wysoką wydajność mleczną w odniesieniu do genu *GH/AluI* najwyższa jej wartość zaobserwowano u krów o genotypie *BB* w obu stadach. Natomiast wysoka mleczność w przypadku ostatniego genu w obu stadach była udziałem osobników o innych genotypach. W pierwszym stadzie była ona związana z osobnikami o genotypie *BB* w drugim z krowami heterozygotycznymi. Niska wydajność mleczna zarówno w obu stadach jak i w przypadku czterech analizowanych genów była związana z różnymi genotypami. Wyjątek stanowią osobniki heterozygotyczne w obrębie genu *GH/AluI* u których odnotowano najniższą wydajność mleczną w obu stadach.

Analizując wpływ poszczególnych genotypów na zawartość tłuszczu w mleku widoczne były różnice w osiągniętych wysokich i niskich wartościach w poszczególnych systemach utrzymania. W przypadku genów *PIT-1/HinfI* i *GH/AluI* wysoka zawartość tłuszczu była odnotowana w mleku osobników o genotypach odpowiednio *AA* i *AB* w obu stadach. Wysoką zawartość tłuszczu również wykazano w mleku heterozygotycznych krów w przypadku genu *GH/AluI* i *GHRH/BsuRI* w stadzie z dostępem do wybiegu. Niski poziom tłuszczu w mleku zaobserwowano u heterozygotycznych osobników odnośnie genu *PIT-1/HinfI* oraz homozygotycznych krów *BB* odnośnie genu *GH/AluI* w obu analizowanych stadach. Natomiast niska zawartość tłuszczu w mleku krów utrzymywanych alkierzowo była powiązana z osobnikami o genotypie *BB* w przypadku trzech genów : *GH/AluI*, *GHRH/BsuRI* oraz *IGF-1/Eco105I*. W pierwszym stadzie niska zawartość tłuszczu charakteryzowała mleko pozyskane od osobników heterozygotycznych w przypadku genu *PIT-1/HinfI* i *IGF-1/Eco105I*.

Wysoką zawartość białka w mleku wykazano u osobników o genotypie AA dla genu *PIT-1/HinfI* oraz AB dla genu *GH/AluI* w obu systemach utrzymania. W systemie utrzymania alkierzowym wysoką zawartość białka odnotowano w mleku osobników o genotypie AA odnośnie trzech genotypów : *PIT-1/HinfI*, *GHRH/BsuRI*, *IGF-1/Eco105I*. Mleko o niskiej zawartości białka wykazano w przypadku osobników o genotypie AB (*PIT-1/HinfI*) oraz krów o genotypie BB (*GH/AluI*) dla obu stad. Natomiast w systemie utrzymania wolnowybiegowym osobniki heterozygotyczne (*PIT-1/HinfI* i *IGF-1/Eco105I*) oraz krowy homozygotyczne BB (*GHRH/BsuRI*, *GH/AluI*) wytwarzały mleko o niskiej zawartości białka. Podobnie w drugim systemie utrzymania mleko pozyskane od osobników o genotypie AB (*PIT-1/HinfI*, *GHRH/BsuRI*) oraz homozygotyczne krowy BB (*GH/AluI*) posiadało niską wartość białka.

7. Wnioski

1. W świetle przeprowadzonych badań wydaje się że w przypadku systemu utrzymania wolnowybiegowego i genu *PIT-1/HinfI* porządnym genotypem jest heterozygota. Osobniki o tym genotypie charakteryzują się wysoką wydajnością niskim poziomem tłuszczu w mleku oraz wysoką zawartością laktozy. Korzystnym wariantem genetycznym jest również genotyp *AA*. Osobniki o tym genotypie charakteryzują się wysoką mlecznością oraz najwyższym poziomem białka, tłuszczu i laktozy w mleku. W przypadku drugiego systemu utrzymania najkorzystniejszym genotypem związanym z wysoką zawartością białka, tłuszczu i laktozy były osobniki homozygotyczne *AA*. Wysoka dobową wydajność mleczna charakteryzowała krowy heterozygotyczne.
2. W przypadku genu *GHRH/BsuRI* trudno zaobserwować który z genotypów w systemie utrzymania wolnowybiegowym jednoznacznie wpływa korzystnie na wydajność i skład chemiczny mleka. Wysoką mlecznością dobową odznaczały się osobniki o genotypie *BB* jednocześnie wytwarzając mleko o niskim poziomie tłuszczu i laktozy. Znacznie korzystniejszym wariantem genetycznym okazał się genotyp *AA*. Osobniki o tej wersji genetycznej charakteryzowały się niższą wydajnością mleczną w porównaniu z krowami o genotypie *BB*. Natomiast mleko od nich pozyskane wykazywało wysoką zawartością białka, laktozy oraz niską koncentracją tłuszczu. Wysoką wydajność mleczną w drugim systemie utrzymania zaobserwowano u krów heterozygotycznych. Podobnie jak w przypadku pierwszego stadu w drugim osobniki o genotypie *AA* wytwarzały mleko o wysokiej zawartości białka, tłuszczu oraz laktozy.
3. Najkorzystniejszym wariantem genetycznym w przypadku genu *GH/AluI* w obu stadach były osobniki homozygotyczne *BB*. Natomiast wysoka zawartość tłuszczu i białka była widoczna w mleku krów heterozygotycznych w obu stadach. Wysoka zawartość laktozy charakteryzowała mleko osobników o genotypie *BB* które wykazywało również niską zawartość tłuszczu. Tendencja ta była widoczna w obu stadach.
4. W przypadku genu *IGF-1/Eco105I* w obu stadach odnotowano najwyższą wydajność mleczną u heterozygotycznych krów. W pierwszym stadzie wysoką zawartość tłuszczu i białka wykazano w mleku osobników o genotypie *BB*. W przypadku laktozy najwyższy jej poziom charakteryzowało mleko pozyskane od osobników homozygotycznych *AA*. W stadzie utrzymywanym alkiejzowo osobniki o genotypie *AA* produkowały mleko o wysokiej zawartości białka i laktozy.

5. Analizując wpływ poszczególnych genów na kształtowanie się cech wydajności mlecznej oraz składu chemicznego mleka można zaobserwować, iż w przypadku różnych systemów utrzymania korzystny wpływ na kształtowanie tych cech mają różne genotypy. Poznanie genetycznych uwarunkowań cech istotnych ekonomicznie wpływa niewątpliwie na ich doskonalenie przyspieszając postęp hodowlany.

Literatura

- [1] Adams R., 2002. Autocrine/paracrine IGF-1 and skeletal muscle adaptation. *J. of Appl. Physiol.* 93, 1159-1167
- [2] Akers R.M., Ellis S.E., Berry S.D., 2005. Ovarian and igf-i axis control of mammary development in prepubertal heifers. *Domest Anim Endocrinol* 29, 259-267.
- [3] Akis I., Oztabak K., Gonulalp I., Mengi A., Un C., 2010. IGF-1 and IGF-1r gene polymorphisms in East Anatolian Red and South Anatolian Red cattle breeds. *Ross. J. of Gen.* 46(4), 497-501.
- [4] Ayetkin I., Boztepe S., 2013. Associations of Pit-1 gene polymorphism with milk yield and composition traits in brown swiss cattle. *The j. Anim. Plan. Sci.* 23, 1281-1289.
- [5] Bauman D.E., Currie W.B., 1980. Partitioning of nutrients during pregnancy and lactation: A review of mechanisms involving homeostasis and homeorhesis. *J. Dairy Sci.* 63, 1514-1529.
- [6] Bauman D.E., Vernon R.G., 1993. Effects of exogenous somatotropin on lactation. *Annu. Rev. Nutr.* 13, 437-461.
- [7] Baumrucker C.R., Stemberger R.H., 1989. Insulin and insulin-like growth factor-I stimulate DNA synthesis in bovine mammary tissue in vitro. *J. Anim. Sci.* 67, 3503-3514.
- [8] Beigi M.T., Biranvand Z., Hartatik T., Fayazil J., Tavakoli S., 2010. The Study of Pit1 gene polymorphism in the Najdi cattle using PCR- RFLP method. *Asian. J. Anim. Vet. Adv.* 9(15), 2001-2003.
- [9] Berg J. M., Tymoczko J.L., Stryer L., 2002. *Biochemistry*. PWN Warszawa
- [10] Berry D.P., Friggens N.C., Lucy M., Roche J.R., 2015. Milk production and fertility in cattle. *Annu. Rev. Anim. Biosci.* (In press).
- [11] Blott S. C., Williams J. L., Haley C. S., 1998. Genetic relationships among European cattle breeds. *Anim. Genet.* 29, 273–282
- [13] Blum J., 1992. Physiological basis of high milk production in cattle. *Schweiz. Arch. Tierheilkd.* 134, 213-229

- [14] Bonakdar E., Rahmani H., Edriss M., Tabatabaei B., 2010. IGF-I gene polymorphism, but not its blood concentration, is associated with milk fat and protein in Holstein dairy cows. *Gen. Molec. Res.* 9(3), 1726-1734
- [16] Brodziak A., Litwińczuk A., Topyła B., Wolanciuk A., 2012. Wpływ interakcji sezonu produkcji z rasą i systemem żywienia krów na wydajność i właściwości fizykochemiczne mleka. *Rocz. Nauk. PTZ.* 8(1), 19-27
- [18] Burton J.L., McBride B.W., Block E., Glimm D.R., Kennelly J.J., 1994. A review of bovine growth hormone. *Can. J. Anim. Sci.* 74, 167– 201.
- [19] Castrillo J.L., Theill L.E., Karin M., 1991. Function of the homeodomain protein GHF1 in pituitary cell proliferation. *Science.* 253, 197- 199
- [20] Chabuz W., Stanek P., Sawicka-Zugaj W., Teter W., Żółkiewski P., Arasimowicz M., 2016. Porównanie życiowej efektywności produkcji mleka bydła rasy polskiej holsztyńsko-fryzyjskiej odmiany czarno-białej i simentalskiej. *Annal. UMCS Zootech.* 34(1), 25-31
- [21] Charon K., Świtoński P., 2011. *Genetyka i genomika zwierząt.* PWN Warszawa
- [22] Charon K., Świtoński P., 2012. *Genetyka i genomika zwierząt.* PWN Warszawa
- [23] Combes S., Louveau I., Bonneau M., 1997. Effect of gh administration on gh and IGF-I receptors in porcine skeletal muscle and liver in relation to plasma gh-binding protein. *J. Endocrinol.* 155, 19-26.
- [24] Coşier V., Croitoriu V., 2012. Research Concerning the Polymorphic Expression of Pit-1 and STAT5A. *Genes in Cattle Bulletin UASVM Anim. Sci. Biote.* 69(1-2), 393-396
- [25] Cowan C.M., Dentine M.R., Ax R.L., Schuler L.A., 1989. Restriction fragment length polymorphism associated with growth hormone and prolactin genes in Holstein bulls: evidence for a novel growth hormone allele. *Anim. Genet.* 20, 157-165.
- [26] Curi R.A., Oliveira H.N., Silveira A.C., Lopes C.R., 2005. Association between IGF-1, IGF-IR and GHRH gene polymorphisms and growth and carcass traits in beef cattle. *Livest. Prod. Sci.* 94, 159–167.

- [27] Czerniawska-Piątkowska E., Szewczuk M., Snopkowska M., 2008. Porównanie użytkowości mlecznej krów rasy polskiej holsztyńsko-fryzyskiej w różnych systemach utrzymania. Zesz. Nauk. U. Przyrod. W Wroc. 566, 25-34
- [28] Czerniawska-Piątkowska E., Szewczuk M., Zych S., 2011. Association between genetic polymorphism of growth-hormone-releasing hormone and the yield, chemical composition and technological parameters of cow milk. Arch. Tierz. 54(3), 323-325
- [29] Dahl G.E., Chapin L.T., Mosley W.M., Tucker H.A., 1993. Galactopoietic effect of recombinant somatotropin and growth hormone-releasing factor in dairy cows. J. Dairy Sci. 76, 1550-1557
- [30] Daughaday W.H., Rotwein P., 1989. Insulin-like growth factors I and II Peptide messenger ribonucleic acid and gene structures, serum, and tissue concentrations. Endocry. Rev. 10, 68-91.
- [31] Davis J., Collier P., McNamara H., Head J., Croom J., Wilcox J., 1988. Effects of thyroxine and growth hormone treatment of dairy cows on mammary uptake of glucose, oxygen and other milk fat precursors. J. Anim. Sci. 66, 80-89.
- [32] De Mattos K.K., Del Lama S.N., Martinez M.L., Freitas A.F., 2004. Association of bGH and Pit-1 gene variants with milk production traits in dairy Gyr bulls. Pesq. Agropec. Bras. 39(2), 147-150.
- [33] Divisova Lee V., Kuiatse Z., Lazard H., Weiss F., Vreeland L., Hadsell R., Schiff K., Osborne K., 2006. The growth hormone receptor antagonist pegvisomant blocks both mammary gland development and mcf-7 breast cancer xenograft growth. Breast. Cancer. Res. Treat. 98(3), 315-27.
- [34] Doosti A., Arshi A., Momeni B., 2011. Molecular study of PIT1 gene polymorphism in Holstein and Iranian native cattle. Afr. J. Med. Med. Sc. 6. 4467-4470
- [35] Dorynek Z., Pytlewski J., Antkowiak I., Kryszkiewicz Cz., 2002. Zawartość komórek somatycznych w mleku krów holsztyńsko-fryzyskich oraz jej wpływ na użytkowość mleczną. Acta Sc. Polonorum Zoot. 1(1-2), 53-62
- [36] Dybus A., 2002. Associations between Leu/Val polymorphism of growth hormone gene and milk production traits in Black-and-White cattle. Arch. Tierz. 45(5) 421-428

- [37] Dybus A., Kmieć M., Sobek Z., Pietrzyk W., Wiśniewski B., 2003. Associations between polymorphism of growth hormone releasing hormone (GHRH) and pituitary transcription factor 1 (PIT1) genes and production traits of Limousine cattle. *Arch. Tierz.* 46, 527-534
- [38] Dybus A., Szatkowska I., Czerniawska-Piątkowska E., Grzesiak W., Wójcik J., Rzewucka E., Zych S., 2004. PIT1-HinfI gene polymorphism and its associations with milk production traits in polish Black-and-White cattle. *Arch. Tierz.* 47(6) 557-563
- [39] Dybus, A., Grzesiak W., Kamieniecki H., Szatkowska I., Sobek Z., Błaszczyk P., Czerniawska-Piątkowska E., Zych S., Muszyńska M., 2005. Association of genetic variants of bovine prolactin with milk production traits of Black-and-White and Jersey cattle. *Arch. Tierz.* 48, 149-156
- [40] Dybus A., Grzesiak W., 2006. GHRH/HaeIII gene polymorphism and its associations with milk production traits in Polish Black-and-White cattle. *Arch. Tierz.* 49(5) 434-438
- [41] Edriss V., Edriss M., Rahmani R., Sayed- Tabatabaei B., 2008. Pit-1 gene polymorphism of Holstein cows in Isfahan Province. *Biotech.* 7(2), 209-212.
- [42] Edriss V., Edriss M., Rahmani R., 2009. Association of PIT-1 gene polymorphism with birth weight, milk and reproduction traits in Isfahan Holstein cows. *Arch. Tierz.* 52 (4), 445-447,
- [43] Enright W.J., Chapin L.T., Mosley W.M., Zinn S.A., Tucker H.A., 1986. Growth hormone-releasing factor stimulated milk production and sustains growth hormone release in Holstein cow. *J.Dairy. Sci.* 71, 344-351
- [44] Eppard P.J., Bente L.A., Violand B.N., Ganguli S., Hintz R.L., Kung, L. Jr., Krivi G.G., Lanza G.M., 1992. Comparison of the galactopoietic response to pituitary-derived and recombinant-derived variants of bovine growth hormone. *J. of Endocrinol.* 132, 47-56
- [45] Evan, G.I., Vousden. K.H., 2001. Proliferation, cell cycle and apoptosis in cancer. *Nature.* 411, 342-348.
- [46] Felańczak A., Gil Z., Fertig A., Gardzina E., Skrzyński G., 2002. Skład i właściwości mleka krów rasy czerwono-białej z uwzględnieniem polimorfizmu białek. *Rocz. Nauk. PTZ* 62, 63-67.

- [47] Fenwick M. A., Liewellyn S., Fitzpatrick R., Kenny D. A., Murphy J.J., Patton J., Wathes D.C., 2008. Negative energy balance in dairy cow is associated with specific changes in IGF- binding protein expression in the oviduct. *Reprod.* 135, 63-75
- [48] Flint D. J., Tonner E., Allan G., 2000. Insulin-like growth factor binding proteins: IGF-dependent and -independent effects in the mammary gland. *J. Mammary. Gland. Biol. Neoplasia.* 5, 65-7
- [49] Forsyth I. A., 1996. The insulin-like growth factor and epidermal growth factor families in mammary cell growth in ruminants: Action and interaction with hormones. *J. Dairy. Sci.* 79, 1085-109
- [50] Frohman L.A., Bowns T.R., Chomczynski P., 1992. Regulation of growth hormone secretion. *Front. Neuroendocrinol.* 13, 344-405
- [51] Gaworski M., Wójcik M., 2013. Badania powiązań systemów utrzymania i żywienia krów mlecznych ze wskaźnikami oceny ich wartości użytkowej. *Probl. Inż. Rol.* 3(81), 89–97
- [52] Ge W., Davis M.E., Hines H.C., Irvin K.M., Simmen M., 2001. Association of genetic marker with blood serum insulin-like growth factor-I concentration and growth traits in Angus cattle. *J. Anim. Sci.* 79, 1757–1762
- [53] Gnyp J., Kowalski P., Tietze M., 2006. Wydajność mleka krów, jego skład i jakość cytologiczna w zależności od niektórych czynników środowiskowych. *Ann. UMCS. Sect. DDD.* 23(3), 17-26
- [54] Grochowska R., Sørensen P., Zwierzchowski L., Snochowski M., Løvendahl P., 2001. Genetic variation in stimulated growth hormone release and in insulin like growth factor I of young dairy cattle and their associations with the leucine/valine polymorphism in the GH gene. *J. Anim. Sci.* 79, 470-476
- [55] Grochowska R., 2002. Hormon wzrostu jako potencjalny marker zmienności genetycznej cech użytkowych bydła. Rozprawa habilitacyjna *Prace i Materiały Zootechniczne Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN*
- [56] Guliński P., Salamończyk E., Młynek K., 2015. Źródła i następstwa zmian poziomu mocznika w mleku – znaczenie dla oceny poprawności żywienia oraz stanu środowiska naturalnego. *Wiad. Zoot.* 53(1), 26-40
- [57] Haid Z., Atashi H., Dadpasand M., Derakhshandeh A., Ghahramani Seno M., 2015. The relationship between growth hormone polymorphism and growth

hormon receptor genes with milk yield and reproductive performance in Holstein dairy cows. *Iran. J. Vet. Res.* 16(3) 52 244-248

[58] Hediger R., Johnson S.E., Barendse W., Drinkwater R.D., Moore S.S., Hetzel J., 1990. Assignment of the growth hormone gene locus to 19q26-qter in cattle and to 11q25-qter in sheep by in situ hybridization. *Genomi.* 8, 171-174.

[59] Heidari M., Azari M. A., Hasani S., Khanahmadi A., Zerehdaran S. 2012. Effect of Polymorphic Variants of GH, Pit-1, and β -LG Genes on Milk Production of Holstein Cows. *Anim. Genet.* 48, 417-421

[60] Hines H.C., Ge W., Zhao Q., Davis M.E., 1998 Association of genetic markers in growth hormone and insulin-like growth factor I loci with lactation traits in Holsteins. *Anim. Genet.* 29(1), 63

[61] Hoj S., Fredholm M., Larsen N.J., Nielsen V.H., 1993. Growth hormone gene polymorphism associated with selection for milk fat production in lines of cattle. *Anim. Genet.* 24, 91-96.

[62] Hoseinzadeh E., Mohammadabadi M.R., Esmailzadeh A.K., Khezri A., 2015. Association of PIT1 gene and milk protein percentage in Holstein cattle *J. Livest. Sci. Technol*, 3(1), 41-49

[63] Houseknecht K.L., Bauman D.E., Vernon R.G., Byatt J.C., Collier R.J. 1996 Insulin-like growth factors I and II, somatotropin, prolactin and placental lactogen are not acute effectors of lipolysis in ruminants. *Domest. Anim. Endocrinol.* 13, 239–249

[64] Hradecká E., Čitek J., Panicke L., Řehout V., Hanusova L., 2008. The relation of GH1, GHR and DGAT1 polymorphisms with estimated breeding values for milk production traits of German Holstein sires *Czech. J. Anim. Sci.* 53(6), 238–245

[65] Januś E., Borkowska D., 2011. Wpływ wybranych czynników na wartość energetyczną mleka krów rasy polskiej holsztyńsko-fryzyskiej odmiany czarno-białej oraz montbeliarde. *Żywn. Nauka. Technol. Jakość.* 5(78), 141- 149

[66] Jefferson L.S., Schworer C.M., Tolman E.L., 1975. Growth hormone stimulation of amino acid transport and utilization by the perfused rat liver. *J. Biol. Chem.* 250, 197-204

- [67] Juszcak M., Michalska M., 2006. Rola szyszynki oraz melatoniny w regulacji syntezy i wydzielania wybranych hormonów części gruczołowej przysadki. *Postepy. Hig. Med. Dosw.* 60, 653-659
- [68] Khaizaran Z., Al-Razem F., 2014. Analysis of selected milk traits in Palestinian Holstein-Friesian cattle in relation to genetic polymorphism. *J. Cell Anim. Biol.* 8(5), 74-85
- [69] Khatami S. R., Lazebni O. E., Maksimenko V. F., Sulimova G. E., 2005. Association of polymorphisms of the growth hormone and prolactin genes with milk productivity in Yaroslavl and black-and-white cattle. *Genetika.* 41(2), 229.
- [70] Kirkpatrick B.W., 1992. Identification of a conserved microsatellite site in the porcine and bovine insulin-like growth factor-1 gene 5' flank. *Anim. Gen.* 23(6), 543-548.
- [71] Klauzińska M., 2002. Polimorfizm rejonów 5-flankujących genów GH i GHRH, prolaktyny i miostatyny bydła. *Rozpr. Dok. Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt Jastrzebiec*
- [72] Klemetsdal G., Tveit B., Vingelen M., Starova J., Sejrsen K., 1992. Plasma level of growth hormone in two genetic lines of dairy cattle selected for high and low milk yield. *Norw. J. Agric. Sci.* 6, 205-210.
- [73] Kmieć M., 1998. Możliwość prowadzenia oceny wartości genetycznej zwierząt. *Przeg. Hod.* 4, 4-6
- [74] Kmieć M., Kowalewska-Luczak I., Kulig H., Terman A., Wierzbicki H., Lepczyński A., 2007. Associations between GHRH/HaeIII restriction polymorphism and Milk production traits In a herd of dairy cattle. *J. Anim. Vet. Adv.* 6, 1298-1303
- [75] Kovács K., Völgyi-Csík J., Zsolnai A., Györkös I., Fésüs L., 2006. Associations between the AluI polymorphism of growth hormone gene and production and reproduction traits in a Hungarian Holstein-Friesian bull dam population. *Arch. Tierz.* 49(3), 236-249
- [76] Krajowy program hodowlany dla bydła rasy Polskiej Holsztyńsko-Fryzyskiej w Polsce <http://www.pfhb.pl> strona dostępna w dniu 25.06.2015
- [77] Krasnopiorova N., Baltrėnaitė L., Miceikienė I., 2012. Growth hormone gene polymorphism and its influence on milk traits in cattle bred in Lithuania. *Vet. Med. Zoot.* 58(80), 42-46

- [78] Król J., Brodziak A., Litwińczuk A., 2011. Podstawowy skład chemiczny i zawartość wybranych białek serwatkowych w mleku krów różnych ras i w serwatce podpuszczkowej *Żywn. Nauk. Technol.* Ja. 4(77), 74-83
- [79] Krzyżewski J., Strzałkowska N., Ryniewicz Z., 1997. Czynniki genetyczne i środowiskowe wpływające na zawartość białka w mleku krowim. *Przeg. Hod.* 8, 8-9.
- [80] Lagziel A., Lipkin E., Soller M., 1996. Association between SSCP haplotypes at the bovine growth hormone gene and milk protein percentage. *Genetics.* 142, 945-951.
- [81] Lapierre H., Petitclerc D., Pelletier G., Dubreuil P., Morisset J., Gaudreau P., Couture Y., Brazeau P., 1987. Synergism and diurnal variations of human growth hormone releasing factor (1-29) NH₂ and thyrotropin releasing factor on growth hormone release in dairy calves. *Domes.Anim.Endocrinol.* 4, 207-214.
- [82] Lien S., Karlsten A., Klemetsdal G., Vage D.I., Olsaker I., Klungland H., Aasland M., Heringstad B., Ruane J., Gomez-Raya L. 2000. A primary screen of the bovine genome for quantitative trait loci affecting twinning rate. *Mammalian. Gen.* 11, 877-882.
- [83] Loevendahl P., 2004. Polymorphism of the somatotropic axis genes in cattle – physiology and productivity. *Anim. Sci. Pap. Rep.* 22(1), 101-108
- [84] Loevendahl P., Woolliams J.A., Sinnott-Smith P.A. 1991. Response of growth hormone to various doses of growth hormone releasing factor and thyrotropin releasing hormone administered separately and in combination to dairy calves. *Can. J. Anim. Sci.* 71, 1045
- [85] Louveau I., Gondret F., 2004. GH and insulin affect fatty acid synthase activity in isolated porcine adipocytes in culture without any modifications of sterol regulatory element binding protein-1 expression. *J. Endocrinol.* 181, 271-280.
- [86] Lucy M.C., Hauser S.D., Eppard P.J., Krivi G.G., Clark J.H., Bauman D.E., Collier R.J., 1993. Variants of somatotropin in cattle: Gene frequencies in major dairy breeds and associated milk production. *Domes. Anim. Endocrinol.* 10, 325-333
- [87] Lucy M.C., 2008. Functional differences in the growth hormone and insulin-like growth factor axis in cattle and pigs: implications for post-partum nutrition and reproduction. *Reprod. Domest. Anim.* 43,31-39.

- [88] Lucy C., 2016. Mechanisms linking postpartum metabolism with reproduction. *WCDS Adv. Dairy Technol.* 28, 259-269
- [89] Martin M.B., Stoica A., 2002. Insulin-like growth factor-I and estrogen interactions in breast cancer. *J. Nutr.* 132, 3799-3801
- [90] Mayo K.E., 1992. Molecular cloning and expression of a pituitary specific receptor for growth-relasing. *Mol. Endocrinol.* 6(10), 1734-1744
- [91] McBride B.W., Burton J. L., Butron J. H., 1988. The influence of bovine growth hormone (somatotropin) on animals and their product. *Res. Dev. Agric* 5, 1-21
- [92] McDowell, G.H., Gooden J., Leenanuruksa D., Jois M., English A., 1987. Effects of exogenous growth hormone on milk production and nutrient uptake by muscle and mammary tissues of dairy cows in mid-lactation. *Aust. J. Biol. Sci.* 40, 295-306.
- [93] Mehmannaavaz Y., Amirinia C., Bonyadi M., Torshizi R.V., 2010. Association of IGF-I gene polymorphism with milk production traits and paternal genetic trends in Iranian Holstein bulls. *Afr. J. Microbiol. Res.* 4(1), 110–114
- [94] Mertani, H. C., Morel G., 1995. In situ gene expression of growth hormone (gh) receptor and gh binding protein in adult male rat tissues. *Mol. Cell. Endocrinol.* 109, 47-61
- [95] Miciński J., Pogorzelska J., 2011. The effect of dairy cattle management systems on milk yield, composition and somatic cell count. *Acta. Sci. Pol., Zootechnica.* 10(3), 55–64
- [96] Mikołajczak J., praca zbiorowa 2006. Żywnienie bydła. Wyd. ATR Bydgoszczy
- [97] Miller J.R., Thomsen P.D., Dixon S.C., Tucker E.M., Konfortov B.A., Harbitz I., 1991. Syntenic mapping of the bovine IGHG2, CRC and IGF-1 genes. *Anim. Genet.* 23, 5158
- [98] Miyai S., Yoshimura S., Iwasaki Y., Takekoshi S., Lloyd R.V., Osamura R.Y., 2005. Induction of GH, PRL, and TSH beta mRNA by transfection of Pit-1 in a human pituitary adenoma-derived cell line. *Cell. Tissue. Res.* 322, 269-27

- [99] Monaco M.H., Gronlund D.E., Bleck G.T., Hurley W.L., Wheeler M.B. Donovan S.M., 2005. Mammary specific transgenic over-expression of insulin-like growth factor-I (IGF-I) increases pig milk IGF-I and IGF binding proteins, with no effect on milk composition or yield. *Transgenic Res.* 14(5), 761-73
- [100] Montero M., Yon L., Kikuyama S., Dufour S., Vaudry H. 2000. Molecular evolution of the growth hormone-releasing hormone/pituitary adenylate cyclase-activating polypeptide gene family. Functional implication in the regulation of growth hormone secretion. *J. Mol. Endocrinol.* 25, 157–168
- [101] Moody D.E., Pomp D., Barendse W., 1995. Restriction fragment length polymorphism in amplification products of the bovine PIT1 gene and assignment of PIT1 to bovine chromosome 1. *Anim. Genetics.* 26, 45-47
- [102] Moravčíková N., Trakovická A., Hazuchová E., 2012. The Association of Bovine Growth Hormone Gene Polymorphism with Milk Performance Traits in Slovak Spotted Cows *Scientific Papers. Anim.Sci. Biotechnol.* 45(1), 211-214
- [103] Mourkoiti F., Rosenthal N., 2005. IGF-Iinflammation and stem system cellsincercations during muscle regeneration. *Trend. Immunol.* 26, 535-542
- [104] Murphy J., O'Mara F., 1993. Nutritional manipulation of milk protein concentration and its impact on dairy industry. *Lives. Prod. Sci.* 35, 117-134
- [105] Nam I., Zayakin V., Drozov E., 2014. Allelic polimorphism of the somatotropin gene among Holestin-Fresian breed in livestock farming in Bryanks region. *Sci. J.* 30(7), 802-805
- [106] Neville M.C., Watters D.C., 1983. Secretion of calcium into milk. *Review. J. Dairy. Sci.* 66, 371-380
- [107] Nicolini P., Carriquiry M., Meikle A., 2013. A polimorphism in the insulin – like growth hormin factor 1 gene is associated with postpartum resumption of ovarian cyclicity ih Holestin- Fresian cows under grazing conditions. *Acta. Vet. Scand.* 55(11) 1-8
- [108] Nielsen M. O., Madsen T.G., Hedeboe M., 2001. Regulation of mammary glucose uptake in goats: Role of mammary gland supply, insulin, IGF-I and synthetic capacity. *J. Dairy. Res.* 68, 337-349
- [109] Olkowska O., 2010. Raport: Sytuacja na rynku mleka. Zasoby internetowe: www.pfhb.pl/rynek_mleka_listopad_1-21. strona dostępna w dniu 24.06.2015

- [110] Oprządek J., Flisikowski K., Zwierzchowski L., Dymnicki E., 2003. Polymorphisms at loci of Leptin (LEP), Pit1 and STAT5A and their association with growth, feed conversion and carcass quality in Black-and- White bulls. *Anim. Sci. Pap. Rep.* 21(3), 135-145
- [111] Oprządek J., Flisikowski K., Zwierzchowski L., Juszczyk-Kubiak E., Rosochocki S., Dymnicki E., 2005. Association between polymorphism of some candidate genes and growth rate, feed intake and utilization slaughter indicators and meat quality in cattle. *Arch. Tierz.* 48, 81-87
- [112] Oprządek J., Dymnicki E., Zwierzchowski L., Oprządek A., 2006a. Związek polimorfizmu hormonu wzrostu (GH) i Pit-1 i leptyny (Lep) z wartością rzeźna buhajów rasy cb. Wykorzystanie najnowszych osiągnięć genetyki w hodowli bydła mięsnego i mlecznego. *Zeszyt. Nauk. ATR Szczec.* 20-27
- [113] Othman E., Fawzia A., Gawead El Ali A., El-Rahman Medhat R.A., 2011. Genetic polymorphism of three genes associated with milk trait in Egyptian Buffalo. *Genet. Eng. Biotechnol. J.* 9, 97–102
- [114] Palmquist D.L., Moser E.A., 1981. Dietary fat effect on blood insulin glucose utilization and milk protein content in lactating cows *J. Dairy Sci.* 64, 1664-1670
- [115] Pawar R.S., Tajane K.R., Joshi C.G., Rank D.N., Baramkshtri B.P., 2007. Growth hormone gene polymorphism and its association with lactation yield in dairy cattle. *Indian. J. Anim. Sci.* 77(9), 884-888
- [116] Pfaffle R.W., DiMattia G.E., Parks J.S., Brown M.R., Wit J.M., Jansen M., Van der Nat H., Van den Brande J.L., Rosenfeld M.G., Ingraham H.A., 1992. Mutation of the POU-specific domain of Pit-1 and hypopituitarism without pituitary hypoplasia. *Scien.* 257(5073), 1118-1121
- [117] Pilarska M., 2014. Wpływ pory roku i kolejnej laktacji na wydajność krów i parametry fizykochemiczne mleka. *Wiad. Zoot.* 52(2), 3–12
- [118] Pohl J., Ring A., Korkmaz U., Ehehalt R., Stremmel W., 2005. Fat/cd36-mediated longchain fatty acid uptake in adipocytes requires plasma membrane rafts. *Mol. Biol. Cell* 16, 24-31
- [119] Polasik D., Adamska P., Wojdak-Maksymiec K., Kmieć M., Terman A., 2010. Polimorfizm genu igf-1 u bydła rasy polska holsztyńsko-fryzyjsk. *Acta. Sci. Pol., Zootechnica* 9(4), 199–206

- [120] Pombo M., Pombo M., Garcia A., Caminos E., Gualillo O., Alvarez C., Casanueva F., Dieguez C., 2001. Hormonal control of growth hormone secretion. *Horm. Res.* 55(1), 11-16
- [121] Prosser C.G., Fleet I.R., Corps A.N., Froesch E.R., Heap R.B. 1990. Increase in milk secretion and mammary blood flow by intra-arterial infusion of insulin-like growth factor-I into the mammary gland of the goat. *J. Endocrinol.* 126, 437-443
- [122] Prosser C.G., Davis S., Farr V., Moore L., Gluckman P., 1994. Effects of closearterial (external pudic) infusion of insulin-like growth factor-ii on milk yield and mammary blood flow in lactating goats. *J. Endocrinol.* 142, 93-99
- [123] Prosser C.G., Davis S.R., Farr V.C., Lacasses P., 1996. Regulation of blood flow in the mammary microvasculature. *J. Dairy. Sci.* 79, 1184-1197
- [124] Rawlings S.R., Hoyland J., Mason W.T., 1991 Calcium homeostasis in bovine somatotropins calcium oscillations and calcium regulation by growth hormone-releasing hormone and somatostatin. *Cell. Calcium.* 12(6), 403-414
- [125] Reis C., Navas D., Pereira M., Cravador A., 2001. Growth hormone AluI polymorphism analysis in eight Portuguese bovine breeds. *Arch. Zoot.* 50, 41-48
- [126] Renaville R., Gengler N., Vrech A., Prandi A., Massart S., Corradini C., Bertozzi C., Mortiaux F., Burny A., Portetelle D., 1997. Pit-1 gene polymorphism, milk yield, and conformation traits for Italian Holstein-Friesian bulls. *J. Dairy Sci.* 80, 3431-3438
- [127] Reyna X.F., Montoya H.M., Castellón V.V., Rincón A.M., Bracamonte M.P., Vera W.A., 2010. Polymorphisms in the IGF1 gene and their effect on growth traits in Mexican beef cattle. *Genet. Mol. Res.* 9(2), 875-883
- [128] Richert M. M., Wood T., 1999. The insulin-like growth factors (IGF) and igf type i receptor during postnatal growth of the murine mammary gland: Sites of messenger ribonucleic acid expression and potential functions. *Endocrinol.* 140, 454-461
- [129] Rincón J.C., López-Herrera A., Echeverri J.J., 2013. Effect of two single nucleotide polymorphisms on milk yield and composition. *Genet. Molecul. Res.* 12(2), 995-1004

- [130] Rinderknecht E., Humbel R.E., 1978. The amino acid sequence of human insulin like growth factor I and its structural homology with pro-insulin. *J. Biolog. Chemist.* 253, 2769-2776
- [131] Rudziński R., 2010. Organizacja logistyki w zakładach przetwórstwa mleka. *Zeszyt. Nauk. Uniwer. Przyrod.-Hum Siedl.* 87, 157-177
- [132] Ruprecht G., Carriquiry M., Ramos J., Pereira I., Anal M., 2011. Metabolic and endocrine profiles and reproductive parameters in dairy cows under grazing conditions: effect of polymorphisms in somatotropic axis genes. *Act. Vet. Scand.* 53, 35
- [133] Rutkowska J., Sinkiewicz I., Damska A., 2012. Profil kwasów tłuszczowych mleka pochodzącego od krów żywionych w systemie TMR. *Żywn. Nauka. Technol. Jakość.* 5(84), 135-144
- [134] Sabour M.P., Lin C.Y., Smith C., 1997. Association of genetic variants of bovine growth hormone with milk production traits in Holstein cattle. *J. Anim. Breed. Genet.* 114, 435-442
- [135] Sami A.J., 2007. Structure-function relation of somatotropin with reference to molecular modeling. *Curr. Protein Pept. Sci.* 8, 283-292.
- [136] SAS Statistical Analysys Softwear
- [137] Schlee P., Graml R., Schallenberger E., Schams D., Rotmann O., Olbrichbludau A., Pirchner F., 1994. Growth hormone and insulin-like growth factor concentrations in bulls of various growth hormone genotypes. *Theor. Appl. Genet.* 88, 497-500
- [138] Sejrsen K., Foldager J., Soerensen M.T., Akers R.M., Bauman D.E., 1986. Effect of exogenous bovine somatotropin on pubertal mammary development in heifers. *J. Dair. Sci.* 69, 1528-1535
- [139] Selvaggi M., Dario C., 2011. Analysis of two Pit-1 gene polymorphisms Single nucleotide polymorphisms (SNPs) distribution patterns in Podolica cattle breed. *J. Biotechnol.* 10, 11360-11364
- [140] Shariflou M.R., Moran C., Nicholas F.W., 2000. Association of Leu127 variant of the bovine growth hormone (bGH) gene with increased yield of milk, fat, and protein in Australian Holstein Friesians. *Aust. J. Agric. Res.* 51, 515-522

- [141] Siadkowska E., Zwierzchowski L., Oprządek J., Strzałkowska N., Bagnicka E., Krzyżewski J., 2006. Effect of polymorphism in IGF-1 gene on production traits in Polish Holstein-Friesian cattle. *Anim. Sci. Pape. Rep.* 24(3), 225-237
- [142] Sirotkin A.V., Chrenek P., Makarevich A.V., Huba J., Bulla J., 2000. Interrelationships between breed, growth hormone, plasma IGF-I level and meat performance in bulls of different ages. *Arch. Tierz.* 6, 591-59
- [143] Skrzypek R., Antkowiak I., Pytlewski J., 2007. Zależność między liczbą komórek somatycznych w mleku a wskaźnikami rozrodu. *Med. Weter.* 63(10), 1247-1250
- [144] Sørensen P., Grochowska R., Holm L., Henryon M., Løvendahl P., 2002. Polymorphism in the bovine growth hormone gene affects endocrine release in dairy calves. *J. Dair. Sci.* 85, 1887-1893
- [145] Spicer L.J., Echtenkamp S.E., 1995. The ovarian insulin and insulin-like growth factor system with an emphasis on domestic animal. *Domes. Anim. Endocrinol.* 12, 223-245
- [146] Su H.Y., Cheng W.T., 2004. Increased milk yield in transgenic mice expressing insulinlike growth factor 1. *Anim. Biotechnol.* 15, 9-19.
- [147] Strusińska D., Skok A., Mierzejewska J., 2002. Wydajność i skład mleka krów otrzymujących dodatki mineralno-witaminowe w okresie żywienia zimowego. *Biul. Nauk. UMW w Olsztynie* 16, 91-94
- [148] Supowit S.C., Ramsey T., Thompson E.B., 1992. Extinction of prolactin gene expression in somatic cell hybrids is correlated with the repression of the pituitary-specific trans-activator GHF-1/Pit-1. *Molecul. Endocrinol.* 6, 786-792
- [149] Szatkowska I., Dybus A., Grzesiak W., Jędrzejczak M., Muszyńska M., 2009. Association Between the Growth Hormone Releasing Hormone (GHRH) Gene Polymorphism and Milk Production Traits of Dairy Cattle. *J. Appl. Anim. Res.* 36, 119-123
- [150] Szczutek W., Pisulewski P.M., 1995. Żywniowe metody modyfikowania zawartości białka i tłuszczu w mleku pod kątem współczesnych preferencji konsumentów. *Bil. Inf. IZ* 3, 61-72

- [151] Szewczuk M., Zych S., Chaberski R., 2008. Effect of growth hormone-releasing hormone gene polymorphism (GHRH/HaeIII) on milk performance in Polish Holstein-Friesian cows. *Acta. Univ. Agric. Silv. Mendel. Brun.* 4, 177-18
- [152] Szewczuk M., Zych S., Czerniawska-Piątkowska E., 2011. Association between IGF1/TasI polymorphism and milk traits of Polish Holstein Friesian cows. *Arch. Tierz.*54, 10-17
- [153] Szewczuk M., Zych S., Czerniawska-Piątkowska E., Wójcik J., 2012. Association between IGF1R / i16 / TaqI and IGF1 / SnaBI polymorphisms and milk production traits in Polish Holstein-Friesian cows. *Anim. Sci. Paper. Rep.* 30(1) 13-24
- [154] Szewczuk M., Bajurna M., Zych S., Kruszyński W., 2013. Association of insulin-like growth factor I gene polymorphisms (IGF1/TasI and IGF1/SnaBI) with the growth and subsequent milk yield of Polish Holstein-Friesian heifers *Czech. J. Anim. Sci.*, 58(9), 404–411
- [155] Świtoński M. 2004. Postępy genetyki molekularnej bydła i trzody chlewnej *Wyd. Akademii Rolniczej w Poznaniu*
- [156] Teter W., 2011. Analiza kosztów produkcji mleka w gospodarstwie rodzinnym utrzymującym bydło mleczne. *Przegl. Hodowl.* 6, 19-20
- [157] Thomas M.G., Enns R.M., Shirley K.L., Garcia M.D., Garrett A.J., Silver G.A., 2007. Association of DNA polymorphism in growth hormone and pts transcriptional regulators with growth and carcass traits in two populations of Brangus bulls. *Gen. Molecul. Res.* 6, 222-237
- [158] Trakovická A., Moravčíková N., Gábor M., Miluchová M., 2014. Genetic polymorphism of Pit-1 gene associated with milk production traits in Holstein cattle. *Act. Agraria Kaposváriensis* 18(1), 146-151
- [159] Werner, H., Adamo, M., Roberts C.T., Leroith D., 1994. Molecular and cellular aspects of insulin-like growth factor action. *Vitam. Horm.* 48, 1-58
- [160] Wood T.L., Richert M.M., Stull M.A., Allar M.A., 2000. The insulin growth factor (IGFs) and IGF binding proteins and postnatal development of murine mammary gland. *J. Mammary. Gland. Biol.* 5(1), 31-42
- [161] Woolliams J.A., Angus K.D., Wilson S.B., 1993. Endogenous pulsing and stimulated release of growth hormone in dairy calves of high and low genetic merit. *Anim. Product.* 56, 1-8

- [162] Wray Cahen D Bell A.W., Boyd R.D., Ross D.A., Bauman D.E., Krick B. J Harrell R.J., 1995. Nutrient uptake by the hindlimb of growing pigs treated with porcine somatotropin and insulin. *J. Nutr.* 125, 125–135
- [163] Wu Z., Huber J.T., Chan S.C., Simas J.M., Chan K.H., Varela J.G., Santos F., Fontes C.Y., 1994 Effect of source and amount of supplemental fat on lactation and digestion in cows. *J. Dairy. Sci.* 77, 1664-1651
- [164] Vargas L.D., Gana V.E., Escudero I.F., 2004. Pit-1 gene polymorphism in dairy cows from Central Chile. *Archivos. Zootecnia.* 53(202), 217-220.
- [165] Verrey F., Closs E.I., Wagner C.A., Palacin M., Endou H., Kanai Y., 2004. Cats and hats: The slc7 family of amino acid transporters. *Pflugers. Arch.* 447, 532-542
- [166] Xue K., Chen H., Wang S., Cai X., Liu B., Zhang C., Lei C., Wang X., Wang Y., Niu H., 2006. Effect of genetic variations of the POU1F1 gene on growth traits of nanyang cattle. *Act. Gen. Sin.* 33(10), 901-907
- [167] Yamane A., Urushiyama T., Dekwisch T.G.H., 2002. Roles of insulin-like growth hormon factors and their bindings protein in the differentiation of mouse tounge myoblast. *Int. J. Dev. Biol.* 46, 807-816
- [168] Yee D. 1994. The insulin-like growth factor system as a target in breast cancer. *Breast. Can. Res. Treat.* 32, 85-95.
- [169] Yip R.G., Goodman H., 1999. Growth hormone and dexamethasone stimulate lipolysis and activate adenylyl cyclase in rat adipocytes by selectively shifting gi alpha2 to lower density membrane fractions. *Endocrinol.* 140, 1219-1227
- [170] Zakizadeh S., Reissmann M., Rahimi G., Javaremi N.A., Reinecke P., Mirae-Ashtiani S.R., Shahrabak M.M., 2007. Polymorphism of Bovine POU1F1 Gene: allele fre-quencies and effects on milk production in three Iranian na-tive breeds and Holstein cattle of Iran. *Pakis. J. Biol. Sci.* 10, 2575-2578
- [171] Zhou P., Kazmer G.W., Yang X., 2000. *Bos taurus* growth hormone releasing hormone gene, complete cds. GenBank, AF 242855,
- [172] Zhou G.L., Jin G.H., Liu C., Guo S.L., Zhu Q., Wu Y., 2005. Association of genetic polymorphism in GH gene with milk production traits in Beijing Holstein cows. *J. Biosci.* 30(5), 595–598
- [173] Zhu M., Zhao S., 2007. Candidate gene identyfication approach progres and chalanges. *Int. J. Biol. Sci.* 3, 420-427

- [174] Zwierzchowski L., Żelazowska B., Grochowska R., 1995. Genotyping of kappa-casein and growth hormone alleles in Polish Black and White and Piemontase cattle using PCR-RFLP technique. *Anim.Sci.Pap.Rep* 13, 13-20
- [175] Zwierzchowski L., Dmnicki E., Łukaeszewicz M., Grochowska R., Oprządek J., 1997. Współzależność między polimorfizmem genu hormonem wzrostu a tempem wzrostu, pobraniem i wykorzystywaniem paszy u bydła rasy nizinnej czarnobiałej. *Prace i materiały zootechniczne* 51, 43-50
- [176] Zwierzchowski L., Łukaeszewicz M., Dymnicki E., Oprządek J., 1998. Polimorphism of growth hormone, α caseine(CASK) and β lactoglobulin (BLG) gene in growing Fresian cattle. *Anim. Sci.Pap. Rep.* 16, 61-68
- [177] Zwierzchowski L., Krzyżewski J., Strzałkowska N., Siadkowska E., Ryniewicz Z., 2002. Effects of polymorphism of growth hormone (GH), Pit-1, and leptin (LEP) genes, cow's age, lactation stage and somatic cell count on milk yield and composition of Polish Black-and-White cows. *Anim. Sci.Pap. Rep.* 20, 213-227
- [178] Zwierzchowski L., 2006. Genomika funkcjonalna bydła – polimorfizm genów kształtujących cechy produkcji mięsnej i mlecznej bydła. *Zesz. Nauk ATR Szczec.* 7-19
- [179] Zwierzchowski L., Świtoński M., 2009. Genomika bydła i świń. *Wyd. UP Poznaniu*
- [180] Zych S., Szewczuk M., Czerniawska-Piątkowska E., Szatkowska I., 2007. A new ACRS-SNP in the 5' flanking region of the bovine insulin-like growth factor 1 (IGF1) gene *Archiv. Tierzuch.* 50, 531–532.
- [181] Żuk B., Wierzbicki H., Zatoń-Dobrowolska M., Kulisiewicz Z., 2011. Genetyka populacji i metody hodowlane. *Wyd. PWRiL Warszawa*

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 utrzymywanie 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.

Analysis of the effect of somatotrophic axis polymorphism on selected milk performance characteristics in cows

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.