

niem dyskusji w nauce. Dyskusja naukowa, nawet na problemy w jakiejś mierze budzące kontrowersje, ale dotycząca znacznych kwot wydatkowanych ze środków społecznych, ma prawo być przedmiotem rozważań i analiz. Nie uchylamy się od spotkania na drodze prawnej, może to być też ciekawą płaszczyzną wyjaśnienia szeregu kwestii. Sądymy, że Autorzy „Głosu w dyskusji” (prof. Agnieszka Wierzbicka i Jerzy Wierzbicki) więcej uwagi poświęcili „wezwanom” do nas i naszego artykułu w „Przeglądzie Hodowlanym” niż merytorycznej dyskusji. Warto zwrócić uwagę, że nasz artykuł w części spełnił oczekiwania. W obszernym 11-stronicowym

artykule w „Przeglądzie Hodowlanym” prof. Agnieszka Wierzbicka przedstawiła uwarunkowania hodowli bydła mięsnego i jego rozwój w Polsce oraz zakres badań realizowanych w ramach projektu badawczego. Nie jest naszym celem włączanie się do analizy i oceny prowadzonych badań i działań, jakkolwiek w dorobku każdego z nas jest kilkadziesiąt publikacji z tego zakresu, pozostawiamy to hodowcom i innym pracownikom nauki, jeżeli uznają, że istnieje taka potrzeba.

Zygmunt Litwińczuk, Tadeusz Szulc

Wpływ mutacji w genie *DMRT3* na chody koni

Łukasz Wodas, Mariusz Maćkowski

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Koń domowy, towarzyszący człowiekowi od przeszło 5500 lat, zawsze był m.in. doskonałym środkiem transportu [3]. Prawie wszystkie konie poruszają się w trzech podstawowych chodach: stępie, kłusie oraz galopie. Niektórzy uważają, że cwał jest czwartym naturalnym chodem konia, dla innych chód ten jest odmianą galopu. Oprócz wymienionych chodów, którymi koń posługuje się bez specjalnego przygotowania, u niektórych ras występują chody alternatywne – inochód oraz tölt.

Stęp jest czterotaktowym, najwolniejszym chodem konia, w którym dwie lub trzy kończyny mają równocześnie kontakt z podłożem. Koń kolejno stawia kończyny: lewą przednią, prawą tylną, prawą przednią, lewą tylną. Kłus jest chodem dwutaktowym, podczas którego dwie przeciwległe kończyny – prawa przednia i lewa tylna, na zmianę z lewą przednią i prawą tylną, jednocześnie odrywają się od ziemi. Galop jest trzytaktowym chodem, w którym kolejność stawiania kończyn przedstawia się następująco (galop w prawo): lewa tylna, następnie jednocześnie prawa tylna i lewa przednia, po czym prawa przednia, po której następuje faza zawisnięcia lub lotu w zależności od tempa. Uważa się, że odmianą galopu jest cwał – najszybszy ze sposobów poruszania się konia, w którym występują cztery takty uderzeń kopyt. W cwale (w prawo) kolejność jest następująca: lewa tylna, prawa tylna, lewa przednia i lewa tylna. Po niej następuje tzw. faza lotu, czyli moment, w którym żadna z kończyn nie dotyka podłoża.

Tölt jest szybkim, występującym w kilku odmianach, czterotaktowym chodem, w którym koń stawia nogi w kolejności (tölt diagonalny): przednia prawa, tylna prawa, przednia lewa, tylna lewa w taki sposób, że cały czas przynajmniej jedna noga znajduje się na ziemi. Inochód cechuje się jednoczesnym uniesieniem obu kończyn jednej strony ciała (np. lewa przednia i tylna), a następnie drugiej strony. Koń poruszający się inochodem może przemieszczać się wolno, z zachowaniem stałego kontaktu z podłożem, lub szybko, z wyraźną fazą lotu. Podobnie jak kłus, inochód zaliczany jest do chodów dwutaktowych. Tölt i inochód są chodami bardzo wygodnymi dla jeźdźca.

Występowanie obu chodów alternatywnych można spotkać u koni islandzkich, dlatego też rasą tą posłużono się do badań mających na celu identyfikację mutacji genów związanych ze sposobem poruszania się koni. Ze względu na to, że koordynacyjne zdolności motoryczne są jednymi z najbardziej zmiennych i złożonych pod względem uwarunkowań genetycznych, naukowcy badający konie islandzkie spodziewali się współdziałania wielu genów, jako przyczyny zmienności chodów u koni. Badania wykazały jednak, że występowanie chodów alternatywnych powiązane jest z jedną prostą mutacją.

Wstępny etap badań przeprowadzono na 70 koniach islandzkich należących do dwóch grup różniących się cechami chodów. Pierwszą grupę stanowiło 30 koni „czterochodźców” (ang. four-gaited), cechujących się umiejętnością poruszania w czterech

chodach (stęp, kłus, galop oraz tölt), drugą grupę (40 koni) stanowiły „pięciochodźce” (five-gaited), które oprócz wymienionych chodów charakteryzowały się również możliwością ruchu w inochodzie. Badania przeprowadzono metodą GWAS (ang. genome-wide association study) z zastosowaniem technologii mikromacierzy DNA. W skrócie polega ona na analizie markerów pokrywających cały genom, dzięki równoczesnemu genotypowaniu tysięcy mutacji punktowych (ang. Single Nucleotide Polymorphism – SNP). Analizy wykazały powiązanie zdolności do poruszania się inochodem z mutacją SNP w pozycji 22967655 w 23 chromosomie konia. Kolejne szczegółowe badania wskazały, że za występowanie chodów alternatywnych odpowiedzialna jest mutacja SNP w genie *DMRT3*, opisana jako *DMRT3_Ser301STOP*. W allelu dzikim, w badanym miejscu występuje nukleotyd cytozynowy (C), natomiast w allelu zmutowanym adenina (A). Badania przeprowadzone na większej grupie zwierząt (352 koni islandzkich) wykazały, że wszystkie zwierzęta poruszające się pięcioma chodami były homozygotyczne pod względem opisanej mutacji (genotyp AA). W grupie koni poruszających się czterema chodami tylko 31% miało genotyp AA. Wydaje się, że mogło to wynikać z nieprawidłowego opisu lub, co bardziej prawdopodobne, że duży wpływ na rozwój cechy mogło mieć środowisko, w tym w szczególności trening [1].

Badania przeprowadzone na innych rasach (tab.) wykazały wysoką frekwencję wspomnianej mutacji u kłusaków – koni biorących udział w wyścigach zaprzęgów. Konie z mutacją w genie *DMRT3* cechuje zdolność do kłusa lub inochodu o dużej prędkości, bez przechodzenia w galop (galop w wyścigu kłusaków skutkuje dyskwalifikacją), co jest warunkiem startu w wyścigach kłusaków. W badaniach tych kłusaki amerykańskie podzielono na dwie grupy – poruszające się kłusem o dużej prędkości oraz poruszające się inochodem. W obu grupach występowały tylko osobniki o genotypie AA. W badaniach tych potwierdzono również, że u koni islandzkich układ homozygotyczny AA w *DMRT3* determinował umiejętność poruszania się inochodem. Wyniki badań świadczą, że mutacja w genie *DMRT3* może warunkować umiejętność szybkiego poruszania się w kłusie bądź inochodzie, bez przechodzenia w galop. Zwierzęta z mutacją w *DMRT3* odznaczały się wyższą dzielnością, ocenianą na podstawie wyścigów kłusaków. W celu dokładniejszej analizy, w losowym teście zgenotypowano 61 koni biorących udział w wyścigach. Dwa z nich, mające problem z „utrzymaniem kłusa”, okazały się heterozygotyczne w genie *DMRT3* (genotyp CA), pozostałe były homozygotami AA. Kłusaki szwedzkie, które częściowo wywodzą się od kłusaków amerykańskich, charakteryzuje wyższa częstość genotypów heterozygotycznych, prawdopodobnie ze względu na duży dołek krwi kłusaków francuskich, u których występuje wysoka frekwencja allelu dzikiego (bez mutacji) [1].

Funkcjonalnie mutacja w genie *DMRT3* jest mutacją typu nonsense – podstawienie cytozyny (C) przez adeninę (A) skutkuje przedwczesnym wystąpieniem kodonu STOP. Powoduje to wytworzenie skróconego (o 174 aminokwasy) białka o zmienionej funkcji, czego fenotypowym efektem jest zdolność do poruszania się alternatywnymi chodami. Gen *DMRT3* podlega ekspresji w komórkach nerwowych w rdzeniu kręgowym, a mutacja wywołuje zaburzenia połączeń między prawą i lewą połową rdzenia kręgowego, wskutek czego powstaje mniej takich połączeń [1].

Badania dowodzą, że mutacja w genie *DMRT3* ma wpływ na koordynację ruchu i występowanie alternatywnych chodów. Myślny z nokautem genu *DMRT3* (czyli takie, u których ten gen nie

Tabela

Frekwencja allelu A mutacji *DMRT3_Ser301STOP* [1]

Rasa	N	p(A)
Konie islandzkie		
„czterochodźce”	124	0,65
„pięciochodźce”	66	0,99
Inne rasy z alternatywnym chodem		
Kentucky Mountain Saddle Horse	22	0,95
Missouri Fox Trotter	40	1
Paso Fino	45	1
Peruvian Paso	19	1
Rocky Mountain Horse	17	1
Tennessee Walking Horse	33	0,98
Rasy cechujące się tylko podstawowymi chodami		
koń czystej krwi arabskiej	18	0
kuc gotlandzki	28	0
koń północnoszwedzki	31	0
koń Przewalskiego	6	0
kuc szetlandzki	20	0
arden szwedzki	22	0
szwedzki koń gorącokrwisty	64	0
koń pełnej krwi angielskiej	29	0
Rasy biorące udział w wyścigach kłusaków		
kłusak szwedzki	270	0,97
kłusak amerykański (w kłusie)	57	1
kłusak amerykański (w inochodzie)	40	1
kłusak francuski	47	0,77

N – liczba zwierząt poddanych badaniu, p(A) – frekwencja zmutowanego allelu *DMRT3*

ulega prawidłowej ekspresji), po urodzeniu cechowały się dużymi problemami z koordynacją ruchową i zakłóceniami równowagi spowodowanymi zaburzeniem obwodu nerwowego, odpowiedzialnego za generowanie rytmicznych skurczów mięśni. Dochodziło do wysyłania dużych ilości nieskoordynowanych impulsów, co powodowało chaos w przekazywaniu sygnałów przez neurony. Wraz ze wzrostem myszy problem się zmniejszał, a dorosłe osobniki, poza problemami podczas szybkiego biegu nie wykazywały zaburzeń, gdyż inne obwody zrekompensowały brak produktu genu *DMRT3*. Białko *DMRT3* ma bezpośredni wpływ nie tylko na koordynację lewa-prawa strona, lecz także koordynuje ruch kończyn w przód i w tył, i jest zaangażowane w połączenia między nerwami mięśni prostowników i zginaczy [1].

Związek między mutacją genu *DMRT3* a predyspozycją do poruszania się szybkim kłusem/inochodem (bez przechodzenia w galop) stwarza możliwości wykorzystania tej mutacji w hodowli. Jej korelacja z wysoką dzielnością umożliwi skuteczną selekcję

kłusaków. Test SynchroGait™, oferowany przez Capilet Genetics, daje możliwości diagnostyki już w bardzo młodym wieku zwierzęcia, a znajomość genetycznego uwarunkowania pozwala na odpowiednie kierowanie losem konia. Badanie pozwala na wykluczenie z dalszej hodowli zwierząt o niepożądanych genotypach. Cena testu wynosi 350 \$ za jedną próbkę. Najbliżej Polski test można wykonać w Certagen GmbH w Niemczech. Do przebadania zwierzęcia wystarczy około 20-30 włosów z cebulkami bądź próbka krwi [2].

Najnowsze badania [2], przeprowadzone na 4396 koniach należących do 141 ras z różnych części świata, miały na celu oszacowanie występowania omawianej mutacji. U ponad połowy badanych zwierząt (2749) stwierdzono występowanie mutacji *DMRT3_Ser301STOP* w genie *DMRT3*. Okazało się, że mutacja nie jest ograniczona do określonego obszaru geograficznego i występuje powszechnie. Frekwencja mutacji waha się od 1 do 100%. Wysoka frekwencja (>50%) spotykana jest u ras hodowanych do wyścigów zaprzęgów lub ras cechujących się alternatywnym chodem. Prawdopodobnie ze względu na dużą wygodę jazdy podczas długiej trasy w średnim tempie, człowiek wybierał do hodowli zwierzęta posługujące się alternatywnymi chodami, przyczyniając się do utrwalenia tej mutacji w populacji. Cecha ta prawdopodobnie nie pochodzi od przodków koni, a pojawiła się po udomowieniu przez człowieka, na co wskazywać może fakt, że nie występuje ona u konia Przewalskiego [4].

Chociaż w dzisiejszych czasach koń domowy nie stanowi już głównego środka transportu, szeroko wykorzystywany jest w rekreacji i sporcie. W przeszłości inochodźce były bardzo pożądane ze względu na dużą wygodę jazdy, szczególnie przez osoby słabiej jeżdżące konno. Nadal panuje moda na jazdę chodami alternatywnymi, szczególnie töltem. Badania genetyczne mogą umożliwić hodowcom eliminowanie mutacji z hodowli koni typowo sportowych. Genotypowanie mutacji w genie *DMRT3* może ułatwić pracę hodowlaną oraz prowadzenie wstępnej oceny przydatności sportowej, wyścigowej lub rekreacyjnej koni jeszcze przed rozpoczęciem treningów.

Literatura: 1. Andersson L.S., Larhammar M., Memic F., Wootz H., Schwochow D., Rubin C.J., Patra K., Arnason T., Wellbring L., Hjälm G., Imsland F., Petersen J.L., McCue M.E., Mickelson J.R., Cothran G., Ahituv N., Roepstorff L., Mikko S., Vallstedt A., Lindgren G., Andersson L., Kullander K., 2012 – Nature 30, 488 (7413), 642-646. 2. <http://www.capilet-genetics.com/en/start>. 3. Outram A.K., Stear N.A., Bendrey R., Olsen S., Kasparov A., Zaibert V., Thorpe N., Evershed R.P., 2009 – Science 6, 323 (5919), 1332-1335. 4. Promerová M., Andersson L.S., Juras R., Penedo M.C., Reissmann M., Tozaki T., Bellone R., Dunner S., Hořin P., Imsland F., Imsland P., Mikko S., Modrý D., Roed K.H., Schwochow D., Vega-Pla J.L., Mehrabani-Yeganeh H., Yousefi-Mashouf N.G., Cothran E., Lindgren G., Andersson L., 2014 – Animal Genetics 45 (2), 274-782.

Biologiczne i technologiczne cechy mleka wielbłądziego

Katarzyna Czyż¹, Nili Mohammed Seghir²,
Bożena Patkowska-Sokoła¹, Tadeusz Szulc¹,
Zbigniew Dobrzański¹, Robert Bodkowski¹

¹Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu

²Uniwersytet Kasdi-Merbah Ouargla (Algieria)

Mleko wielbłądzie w Europie jest wciąż produktem egzotycznym i dostępnym na bardzo niewielką skalę, choć od dawna jest powszechnie spożywane w krajach arabskich czy w Indiach. Również badania prowadzone dotąd na mleku wielbłądzim pochodzą z ośrodków naukowych z tych krajów. Można z nich wynioskować, że mleko to stanowi istotne źródło białka, znane jest także z właściwości prozdrowotnych. Uważa się, iż posiada ono właści-

wości antynowotworowe [33], hipoalergiczne [49], przeciwukrzycowe [5], a także chroni przed nadciśnieniem [43]. Na jego ogólną wartość dietetyczną składa się wysoka zawartość kwasów tłuszczowych [32, 47]. Niska zawartość beta-kazein i brak beta-laktoglobulin wiązana jest z hipoalergicznym działaniem mleka wielbłądziego. Kluczową rolę odgrywają także inne składniki, jak laktoferyna, immunoglobuliny, lizozym czy witamina C [18, 21, 29]. Mleko to, w porównaniu do krowiego, charakteryzuje się niską zawartością tłuszczu i laktozy oraz wysoką koncentracją potasu i żelaza [27, 39, 40, 50]. Dużą zaletą mleka wielbłądziego jest także fakt, że znacznie dłużej pozostaje stabilne w temperaturze pokojowej niż np. mleko krowie [7], a ponadto zwiera wysoki poziom czynników antybakteryjnych [11, 16, 29].

Podstawowy skład mleka wielbłądziego

Skład mleka wielbłądziego zależy od rasy wielbłąda, czy też jego pochodzenia geograficznego, i zdecydowanie różni się od mleka innych przeżuwaczy. Mleko wielbłądzie zawiera mało tłuszczu, według różnych autorów wartość ta waha się w granicach od 1,2 do 5,2% (zwykle poniżej 3%), poziom suchej masy wynosi od 8,17 do 14,30%, laktozy od 2,77 do 5,78%, natomiast białka od 2,15 do 5,57% [14, 23, 27, 28, 39, 51]. Wartość pH mieści się w zakresie