

Polimorfizm białek mleka u krów ras mlecznych i mięsnych z regionu środkowowschodniej Polski

Anna Litwińczuk, Joanna Barłowska,
Jolanta Król, Monika Kędzierska-Matysek

AR w Lublinie

Głównymi białkowymi składnikami mleka krów są kazeiny: α_{s1} , α_{s2} , β i κ . Białka te występują w połączeniu z fosforanem wapnia w postaci koloidowych cząsteczek – miceli. Przyjmuje się, że zasadniczą część umownie przyjętego wnętrza miceli stanowią monomery α_s , β i inne śladowe frakcje kazeinowe. Umowną zewnętrzną powłokę miceli stanowią cząsteczki κ -kazeiny (choć część cząsteczek tej frakcji znajduje się także we wnętrzu miceli), które są zasocjowane z α_s -kazeiną lub też z β -kazeiną. Hydroliza κ -kazeiny przez chymozynę (podpuszczkę) prowadzi do destabilizacji miceli i do powstania strątu kazeinowego, który zatrzymuje dodatkowo znaczne ilości tłuszczu i białek serwatki, dzięki czemu staje się półproduktem w procesie wytwarzania serów [1]. Kazeina odgrywa również zasadniczą rolę w odchowcie potomstwa, związane jest to z jej wysoką wartością odżywczą, która wynika z faktu, że jej cząsteczka zbudowana jest z około 20 różnych aminokwasów. Jest ona także głównym źródłem wapnia i fosforu dla młodego organizmu. Wartość biologiczna kazeiny dorównuje białku mięsa i znacznie przewyższa wartość białek zbóż oraz roślin strączkowych [34].

Obok białek kazeinowych w mleku występują także białka serwatkowe reprezentowane przez: β -laktoglobulinę, α -laktalbuminę, albuminę i immunoglobuliny. Występują one w mleku głównie w rozproszeniu molekularnym. Są enzymami biorącymi udział w metabolizmie komórek gruczołu mlekowego [25, 39]. Białka serwatkowe charakteryzują się dużym udziałem aminokwasów egzogennych, decydujących o znakomitej wartości odżywczej tych białek [20]. Wyniki niektórych badań wskazują, że β -laktoglobulina uczestniczy w transporcie witaminy A oraz kwasów tłuszczowych w jelitach. Alfa-laktalbumina natomiast bierze udział w syntezie laktozy [18]. Według najnowszych badań, białka serwatkowe posiadają właściwości przeciwrakowe i przyspieszają wzrost tkanki kostnej u potomstwa [19]. Głównym jednak białkiem serwatkowym jest β -laktoglobulina, która odgrywa kluczową rolę w kształtowaniu cech fizyczno-chemicznych mleka oraz jego przetworów [18].

W obrębie poszczególnych frakcji białek mleka stwierdzony został polimorfizm i występowanie wielu ich genetycznych wariantów, uwarunkowanych kodominującymi allelami wielokrotnymi [37]. Genetyczny polimorfizm białek mleka istnieje w przypadku obecności dwóch lub większej liczby alleli w jednym locus. Zmiany w sekwencji nukleotydów w genach białek

mleka (występujące na skutek mutacji) prowadzą do zastąpienia w danej pozycji jednego lub kilku aminokwasów przez inne [8, 16, 43, 46]. W rezultacie powstają odmiany genetyczne tych białek. Różnią się one strukturą pierwszorzędową, czyli sekwencją aminokwasów. Tak stosunkowo niewielkie zmiany w łańcuchu polipeptydowym białek mają znaczący wpływ na skład chemiczny i właściwości fizyczno-chemiczne mleka jako surowca. Decydują o jego przydatności technologicznej, a także podatności na działanie enzymów proteolitycznych w procesie trawienia [13, 33].

Dziedziczenie odmian przebiega według praw Mendla, bez dominowania. Fenotyp odpowiada więc ściśle genotypowi [2]. Umożliwia to prowadzenie selekcji na pożądany wariant białka.

Badania nad genetycznym polimorfizmem białek mleka zostały zapoczątkowane przez Aschaffenburga i Drewry [2] w latach 50. XX wieku. Pierwszym białkiem, w którym stwierdzono występowanie różnych form polimorficznych była β -laktoglobulina. W ciągu kolejnych lat odkryto polimorfizm β -kazeiny [3], a następnie α_{s1} -kazeiny [24] oraz κ -kazeiny [44].

Obecnie wyróżnia się 6 głównych frakcji białek występujących w mleku krowim. Należą do nich α -laktalbumina, β -laktoglobulina, α_{s1} -kazeina, α_{s2} -kazeina, β -kazeina i κ -kazeina, różniące się zarówno koncentracją, jak i liczbą form polimorficznych (tab. 1).

Geny białek kazeinowych w kariotypie bydła rozmieszczone są na 6. parze chromosomów i zajmują przestrzeń około 200 tys. par zasad. Geny te są sprzężone i wykazują następującą kolejność loci: $\alpha_{s1} \rightarrow \beta \rightarrow \kappa$. Gen α -laktalbuminy zlokalizowany jest u bydła na 5. chromosomie, natomiast locus β -laktoglobuliny wyznaczono na chromosomie 11. Gen tego białka ma długość około 7800 pz [7].

Do niedawna rozdziału białek dokonywano przede wszystkim za pomocą elektroforezy na żelach skrobiowych lub poliakrylamidowych. Metody te pozwalają oznaczyć warianty genetyczne białek mleka tylko u samic w czasie laktacji. Oznaczenie genotypu buhajów możliwe było tylko pośrednio, na podstawie analizy mleka córek i matek tych buhajów. Najnowsze metody (PCR/RFLP), oparte na analizie odcinków DNA, pozwalają określić genotyp białek mleka nawet u jałówek i buhajów, co ma duże znaczenie w selekcji bydła [45, 46].

Badania polimorfizmu białek mleka umożliwiły określenie różnic i podobieństw między stadami w obrębie ras oraz rejestrację zmian genetycznych spowodowanych selekcją hodowlaną i naturalną. Kierunki dynamiki zmian genetycznych są niekiedy zaskakujące, czego przykładem jest hodowla bydła rasy jersey w Danii. W okresie dwudziestu lat hodowli tej rasy, na skutek importu buhajów z USA i Nowej Zelandii, frekwencja genu α_{s1} -Cn C zwiększyła się z 0,05 do 0,30, natomiast allelu κ -Cn B wzrosła z 0,48 do 0,69. W tym samym czasie u rasy czarno-białej duńskiej, pod wpływem buhajów h.f., odnotowano zmniejszenie frekwencji allelu κ -Cn B z 0,32 do 0,15. Jednocześnie u bydła czerwonego duńskiego hodowanego w czystości rasy nie obserwowano zmian frekwencji [6].

Od wielu lat prowadzone są badania nad ustaleniem zależności między obecnością różnych markerów genetycznych a cechami produkcyjnymi zwierząt. W hodowli bydła szczególną uwagę zwrócono na geny białek mleka. Na szeroką skalę badane są współzależności między cechami produkcyjnymi i dziedziczną różnorodnością białek mleka. Mają one na celu znalezienie ewentualnych markerów cech pożądanych dla hodowcy [5, 25, 26, 28, 40, 42]. W odniesieniu do bydła ras mlecznych badania te koncentrują się wokół zagadnień dotyczących zależności między formami polimorficznymi białek mleka a wydajnością mleka, jego składem chemicznym oraz właściwościami fizyczno-chemicznymi [5, 14, 16, 22, 28, 29, 31, 32, 39, 43].

Tabela 1
Charakterystyka białek mleka [42]

Rodzaj białka	Masa molowa	L. reszt aminokwasowych/mol	Zawartość w mleku (g/l)	Udział w białku ogólnym mleka (%)	Wariant genetyczny
Białko ogólne			31,9	100,0	
Białka kazeinowe			25,2	79,5	
α _{s1} -kazeina (α _{s1} -Cn)	23,6 x 10 ³	199	10,0	30,6	A,B,C,D,E
α _{s2} -kazeina (α _{s2} -Cn)	25,2 x 10 ³	207	2,6	8,0	A,B,C,D
β-kazeina (β-Cn)	23,9 x 10 ³	209	9,3	30,8	A ₁ ,A ₂ ,A ₃ ,B,C,D,E
κ-kazeina (κ-Cn)	19,0 x 10 ³	169	3,3	10,1	A,B,C,E,F,G
Białka serwatki			6,3	19,3	
α-laktoalbumina (α-La)	14,1 x 10 ³	123	1,2	3,7	A,B,C
β-laktoglobulina (β-Lg)	18,3 x 10 ³	162	3,2	9,8	A,B,C,D,E,F,G,H,W,X
albuminy surowicy	66,2 x 10 ³	582	0,4	1,2	A
białko membran tłuszczowych			1,5	4,6	
Inne			0,4	1,2	

Coraz większą uwagę zwraca się na praktyczne wykorzystanie genetycznych wariantów białek mleka w selekcji bydła mlecznego. Według Reklewskiego i Łukaszewicza [38], selekcjonując bydło mleczne na podstawie tych markerów można uzyskać o około 5% wyższy postęp genetyczny niż w przypadku stosowania tradycyjnej selekcji. Wiele stacji zajmujących się inseminacją bydła mlecznego, zarówno w Europie jak i w Ameryce Północnej, zamieszcza już określony genotyp κ-kazeiny każdego buhaja w katalogach handlowych jako molekularny marker genetyczny.

Analogicznie do bydła mlecznego podejmuje się również badania zmierzające do określenia polimorfizmu białek mleka u krów ras mięsnych i mięsno-mlecznych [4, 10, 12, 27, 46]. Ponadto prowadzone są badania nad określeniem wpły-

wu wariantów genetycznych tych białek na wydajność mleczną krów mięsnych, skład chemiczny i właściwości fizyczno-chemiczne mleka. Cechy te mogą wpływać znacząco na jego wartość odżywczą, a w konsekwencji na efektywność odchowu cieląt, którego celem jest uzyskanie jak największych przyrostów masy ciała [11, 17, 27].

Na terenie środkowowschodniej Polski utrzymywane jest bydło mleczne, ale również coraz częściej pojawiają się stada bydła mięsnego. Dlatego też porównano genetyczny polimorfizm białek mleka krów mlecznych i mięsnych.

Badaniami objęto łącznie 886 sztuk bydła, w tym: 125 krów czarno-białych, 437 mieszańców c.b. z różnym udziałem genów h.f., 87 rasy jersey i ich mieszańców F₁ (c.b. x jersey), 81 hereford oraz mieszańców F₁ i R₁ (c.b. x hereford), 98 limousine oraz mieszańców F₁ i R₁ (c.b. x limousine) i 58 krów rasy simentalskiej. U wszystkich analizowanych zwierząt do-

konano rozdzielenie białek mleka za pomocą elektroforezy poziomej na żelu skrobiowym, według metody Mitjutko i wsp. [36] z pewnymi modyfikacjami.

W tabeli 2 przedstawiono procentowy udział fenotypów β-laktoglobuliny i α_{s1}-, β- i κ-kazeiny u analizowanych grup zwierząt.

W układzie α_{s1}-kazeiny stwierdzono występowanie sześciu fenotypów: BB, BC, CC, BE, AC, AE (tab. 2). Wszystkie te genotypy zaobserwowano u krów limousine i ich mieszańców z c.b., przy czym udział genotypów AC i AE był niewielki i wynosił po 2,04%. W grupie krów rasy hereford stwierdzono występowanie pięciu fenotypów α_{s1}-Cn: BB, BC, CC, BE i AC. Ponad 48% w tej grupie zwierząt stanowiły krowy z genotypem BB. Najniższy udział miały fenotypy CC (1,23%) i AC (4,94%).

U krów rasy simentalskiej zaobserwowano występowanie trzech fenotypów, tj. BB, BC i CC. Podobnie jak w pozostałych analizowanych grupach zwierząt przeważały homozygoty α_{s1}-Cn BB (56,9%). U krów mlecznych występowały tylko genotypy BB i BC, przy czym udział tych pierwszych był zdecydowanie wyższy, tj.: czarno-biała – 70,40%, mieszańce c.b. x h.f. – 86,73% oraz jersey i ich mieszańce z c.b. – 75,32% (tab. 2). Wariant B i C α_{s1}-Cn zaobserwowano we wszystkich analizowanych grupach zwierząt, przy czym frekwencja allelu B znacznie przewyższała częstotliwość allelu C (tab. 3). Dodatkowo należy zaznaczyć, że u krów ras mlecznych frekwencja genu B α_{s1}-Cn była wyższa od częstotliwości występowania tego genu wśród zwierząt ras mięsnych. U krów mięsnych, z wyjątkiem rasy simentalskiej, wykazano występowanie dodatkowo alleli A i E, choć udział ich był niewielki. Według Walawskiego i wsp. [41] przewaga częstotliwości genu α_{s1}-Cn B nad α_{s1}-Cn C jest charakterystyczna dla wszystkich ras bydła europejskiego. Podobne wyniki uzyskali Michalak [35], Sowiński [39], Litwińczuk i Bartłowska [31] oraz Curik i wsp. [9].

Tabela 2
Procentowy udział genotypów α_{s1}-, β- i κ-kazeiny oraz β-laktoglobuliny u różnych ras bydła utrzymywanych w środkowowschodniej Polsce

Genotyp	Rasy bydła					
	mleczne			mięsne		
	czarno-biała n=125	mieszańce c.b. x h.f. n=437	jersey i mieszańce F ₁ (c.b. x jersey) n=87	hereford oraz mieszańce F ₁ i R ₁ (c.b. x hereford) n=81	limousine oraz mieszańce F ₁ i R ₁ (c.b. x limousine) n=98	simentalska n=58
α _{s1} -Cn						
BB	70,40	86,73	75,32	48,15	35,71	56,90
BC	29,60	13,27	24,68	19,75	24,49	36,21
CC	–	–	–	1,23	8,16	6,89
BE	–	–	–	25,93	27,56	–
AC	–	–	–	4,94	2,04	–
AE	–	–	–	–	2,04	–
β-Cn						
AA	73,60	75,51	57,14	67,91	58,16	68,96
AB	26,40	18,54	40,26	29,63	35,72	18,97
BB	–	5,95	2,60	1,23	2,04	5,17
AC	–	–	–	–	2,04	6,90
AE	–	–	–	1,23	2,04	–
κ-Cn						
AA	34,40	35,93	31,17	60,49	36,73	43,10
AB	40,80	51,72	45,45	23,46	47,96	46,55
BB	24,80	12,36	23,38	16,05	15,31	6,90
AE	–	–	–	–	–	3,45
β-Lg						
AA	21,60	19,45	12,99	7,41	26,53	8,62
AB	57,60	52,63	48,05	40,74	51,02	58,62
BB	20,80	27,92	38,96	51,85	22,45	32,70

Tabela 3

Frekwencja genów determinujących polimorfizm α_{S1} , β - i κ -kazeiny oraz β -laktoglobuliny u różnych ras bydła utrzymywanych w środkowowschodniej Polsce

Genotyp	Rasy bydła					
	mleczne			mięsne		
	czarno-biała n=125	mieszane c.b. x h.f. n=437	jersey i mieszane F ₁ (c.b. x jersey) n=87	hereford oraz mieszane F ₁ i R ₁ (c.b. x hereford) n=81	limousine oraz mieszane F ₁ i R ₁ (c.b. x limousine) n=98	simentalska n=58
α_{S1} -Cn						
A	–	–	–	0,025	0,020	–
B	0,852	0,934	0,877	0,710	0,617	0,750
C	0,148	0,066	0,123	0,136	0,214	0,250
E	–	–	–	0,130	0,148	–
β -Cn						
A	0,868	0,848	0,773	0,833	0,781	0,819
B	0,132	0,152	0,227	0,161	0,199	0,147
C	–	–	–	–	0,010	0,034
E	–	–	–	0,006	0,010	–
κ -Cn						
A	0,548	0,618	0,539	0,722	0,607	0,681
B	0,452	0,382	0,461	0,277	0,393	0,302
E	–	–	–	–	–	0,017
β -Lg						
A	0,504	0,458	0,370	0,278	0,520	0,379
B	0,496	0,542	0,630	0,722	0,480	0,621

W obrębie β -kazeiny stwierdzono występowanie pięciu genotypów, tzn.: AA, AB, BB, AC, AE (tab. 2). Jedynie u krów czarno-białych wystąpiły dwa genotypy, tj. AA (73,6%) i AB (26,4%). W pozostałych grupach rasowych stwierdzono dodatkowo występowanie genotypu BB, ale udział jego był niewielki – od 1,23% u krów hereford i ich mieszańców z c.b. do ponad 5% u mieszańców c.b. x h.f. i simentali. U krów ras mięsnych stwierdzono dodatkowe genotypy: u krów hereford i ich mieszańców z c.b. – AE (1,23%), u limousine i ich mieszańców z c.b. – AC i AE (po 2,04%) oraz simentali – AC (6,9%). We wszystkich grupach rasowych przeważały homozygoty AA β -Cn (tab. 2). Tak wysoki udział tych homozygot jest odzwierciedleniem wysokiej frekwencji genu A, która wahała się od 0,773 u krów rasy jersey i ich mieszańców z c.b. do 0,868 u krów czarno-białych. Frekwencja genu B β -Cn była dość niska (poniżej 0,2), z wyjątkiem krów rasy jersey, u których udział tego genu wynosił 0,227. Zdecydowanie wyższą frekwencję genu β -Cn A nad β -Cn B zaobserwowali również inni autorzy [15, 39]. U krów ras mięsnych zaobserwowano dodatkowo występowanie genu C i E β -Cn, ale ich udział był znikomy.

W układzie κ -kazeiny we wszystkich analizowanych grupach rasowych zaobserwowano występowanie trzech fenotypów, tzn.: AA, AB i BB, a u krów rasy simentalskiej wystąpił dodatkowo genotyp AE κ -Cn (3,45%) – tabela 2. U wszystkich badanych ras, z wyjątkiem krów hereford i ich mieszańców z c.b. (przewaga homozygot AA – 60,49%), przeważały zwierzęta heterozygotyczne κ -Cn AB. Udział ich wahał się od 40,8% do 51,72%. Analizując frekwencję genów kontrolujących polimorfizm tej frakcji białka wykazano zdecydowaną przewagę allelu A κ -Cn nad B κ -Cn we wszystkich grupach rasowych (tab. 3). Badania prowadzone na rasach mlecznych przez Litwińczuk i wsp. [30], Litwińczuk i Barłowską [31] oraz Sowińskiego [39] potwierdzają przewagę genu κ -Cn A nad B.

W badaniach własnych najwyższą frekwencję genu A κ -kazeiny stwierdzono u krów rasy hereford i ich mieszańców z c.b. – 0,722, a najniższą u jersey i ich mieszańców z c.b. – 0,539. U simentali zaobserwowano ponadto allel E κ -kazeiny. Jego udział był bardzo mały i wynosił 0,017. Baranyi i wsp. [4] wykryli gen κ -Cn E u węgierskiego bydła pstrego (Hungarian Spotted) o użytkowości mięsno-mlecznej oraz

u bydła rasy hungarian holstein i hungaro-friesian w typie jednostronnie mlecznym. Stwierdzili oni następujące frekwencje allelu E κ -Cn, odpowiednio: 0,003; 0,066 i 0,019.

W obrębie β -laktoglobuliny u wszystkich grup zwierząt stwierdzono występowanie trzech genotypów: AA, AB i BB. W większości grup przeważały heterozygoty β -Lg AB. Jedynie u herefordów i ich mieszańców z c.b. stwierdzono najwyższy procentowy udział genotypu BB, wynoszący 51,85%. Należy jednak zaznaczyć, że w grupie tej udział heterozygot AB również był wysoki i wyniósł 40,74%.

Rozpatrując frekwencję genów kontrolujących polimorfizm β -laktoglobuliny wykazano, że w grupie krów czarno-białych i ich mieszańców z h.f. oraz limousine częstotliwość występowania genu A i B była zbliżona do stosunku 1:1. Podobne wyniki uzyskał Janicki [21], analizując frekwencję genów β -laktoglobuliny u bydła czarno-białego (β -LgA – 0,473, β -LgB – 0,527).

U pozostałych analizowanych ras stwierdzono wyższą częstotliwość występowania genu β -Lg B. U krów rasy jersey wynosiła ona 0,630, u hereford – 0,722, a u simentalskiej – 0,621 (tab. 3). O wyższej frekwencji genu β -Lg B nad β -Lg A donoszą również Litwińczuk i wsp. [30], Sowiński [39] oraz Dobicki i wsp. [10]. Przewagę genu B obserwowano także u bydła węgierskiego [4]. Juszcak i wsp. [22] u krów rasy polskiej czerwonej odnotowali dodatkowo obecność genu C β -Lg.

Reasumując należy stwierdzić, że wystąpiły duże różnice genetyczne pomiędzy rasami mlecznymi i mięsnymi bydła w obrębie trzech analizowanych frakcji kazeinowych mleka, tj. α_{S1} , β i κ . Jest to prawdopodobnie związane z różnym pochodzeniem tych ras. Ponadto, wśród ras mięsnych zaobserwowano większą ilość alleli kodujących polimorfizm frakcji kazeinowych. Jedynie w obrębie β -laktoglobuliny u wszystkich ras stwierdzono występowanie tylko dwóch genów, tj. A i B.

Literatura: 1. Aggen A., Fries R., 1995 – *Animal Genetics* 26, 215-216. 2. Aschaffenburg R., Drewry J., 1955 – *Nature* 176, 30. 3. Aschaffenburg R., 1961 – *Nature* 4, 431-432. 4. Baranyi M., Bosze Zs., Buchberger J., Krause I., 1993 – *Journal of Dairy Science*, vol. 76, nr 2, 630-636. 5. Barłowska J., 1999 – Ocena polimorfizmu białek mleka oraz jego związków z produktywnością krów w regionie środkowo-wschodniej Polski. Rozprawa doktorska, AR Lublin. 6. Bech A.M., Kristiansen K.R., 1990 – *Journal of Dairy Research* 57, 1, 53-62. 7. Bovenhuis H., Van Arendonk J.A.M., Korver S., 1992 – *Journal of Animal Science* 75, 2549-2559. 8. Creamer L.K., Harris D.P., 1997 – Proceedings of the IDF Seminar „Milk Protein Polymorphism II”, North Palmerston, New Zealand, February 1997. 9. Curik I., Havranek J., Samarzija D., 1997 – Proceedings of the IDF Seminar „Milk Protein Polymorphism II”, North Palmerston, New Zealand, 93-99, February 1997. 10. Dobicki A., Szulc T., Walawski K., Zachwieja A., 1996 – *Prace i Materiały Zoot., Zeszyt Specjalny* 6. 11. Dobicki A., Szulc T., Zachwieja A., Nowakowski P., 1997 – Interactions between genetic polymorphism of milk proteins genotype, related chemical milk composition and calf growth in a suckler cowherd. 48th Annual Meeting of the EAAP, Vienna, August 1997. 12. Erhardt G., Prinzenberg E.M., Buchberger J., Krick-Saleck H., Krause I., Muller M., 1997 – Bovine kappa-casein G: detection, occurrence, molecular genetic characterisation, genotyping and coagulation properties. Proceedings of the IDF Seminar „Milk Protein Polymorphism II”, North Palmerston, New Zealand, February 1997. 13. Farrell H.M., Thompson M.P., 1971 – *Journal of Dairy Science* 54, 8, 1219-1227. 14. Feleniczak A., Gil Z., Ormian M., 2000 – *Roczniki Naukowe Zoot., Supl.*, z. 8, 9-13. 15. Feleniczak A., 1982 – *Zeszyty Naukowe AR w Krakowie* 175, 22, 175-191. 16. Fitzgerald R.J., 1997 – *Cab International „Milk composition, production and biotechnology”*, Hamilton, New

Zealand, 153-172. 17. Henderson D.A., Marshall D.M., 1996 – Journal of Animal Science, Supp. 1, vol. 74, 121. 18. Hill J.P., Thresher W.C., Boland M.J., Creamer L. K., Anema S.G., Manderson G., Otter D.E., Peterson G.R., Lowe R., Burr R.G., Motion R.L., Winkelman A., Wickham B., 1997 – A review. Cab International „Milk composition, production and biotechnology”. Hamilton, New Zealand, 173-201. 19. Hoch G.J., 1997 – Food Processing 3, 51-52. 20. Huffmann L.M., 1996 – Food Technology 2, 49-52. 21. Janicki C., 1973 – Roczniki AR w Poznaniu, Prace habilitacyjne 40. 22. Juszczak J., Erhardt G., Ziemiński R., Panicke L., 2000 – Arbeitstagung „DNA Polymorphismen beim milchrind”, Seebad Graal-Muritz, 100-107. 23. Kamieniecki H., Wójcik J., Szarkowski K., Surmacz F., 1998 – Zeszyty Naukowe AR we Wrocławiu, Konferencje XIX, 336, 129-133. 24. Kiddy C.A., Johnston J.O., Thompson M.P., 1964 – Journal of Dairy Science 47, 2, 147-151. 25. Klauzińska M., Szymanowska M., Zwierzchowski L., 2000 – Prace i Materiały Zoot. 57, 47-76. 26. Klauzińska M., Zwierzchowski L., Siadkowska E., Szymanowska M., Grochowska R., Żurkowski M., 2000 – Animal Science Papers and Reports 18, 2, 107-116. 27. Król J., 2001 – Polimorfizm białek mleka u krów ras mięsnych i jego związek z wynikami odchowu cieląt. Rozprawa doktorska, AR Lublin. 28. Litwińczuk A., 1988 – Ocena składu chemicznego mleka ze szczególnym uwzględnieniem białka i jego frakcji u krów czarno-białych i mieszanych z różnym udziałem krwi bydła holendersko-fryzyskiego. Rozprawa doktorska, AR Lublin. 29. Litwińczuk A., Bartłowska J., Florek M., Asarabowska A., 1996 – Annales UMCS, sec. EE, vol. XIV, 11, 59-63. 30. Litwińczuk A., Bartłowska J., Kędzińska M., Król J., 1999 – Zeszyty Naukowe Przeglądu Hodowlanego 44, 151-157. 31. Litwińczuk Z., Bartłowska J., 2001 – Proc. of the International Scientific Conference „Status and perspectives of Jersey cattle breeding in Poland and Europe”, Poznań, 153-161,

June 2001. 32. Lodes A., Buchberger J., Krause I., Aumann J., Klostermeyer H., 1997 – Milchwissenschaft 52, 3-8. 33. Marziali A.S., Ng-Kwai-Hang K.F., 1986 – Journal of Dairy Science 69, 1793-1798. 34. Mercier J.C., Vilotte J.L., 1993 – Journal of Dairy Science 76, 10, 3079-3098. 35. Michalak W., 1995 – Biuletyn Informacyjny IZ 4 (XXXIII), 5-18. 36. Mitjutko V.E., Żebrowski L.S., Pawluczenko T.A., 1974 – Metodiceskije ukazania. Leningrad, 113. 37. Pijanowski E., 1984 – Zarys chemii i technologii mleczarstwa. T.I, PWRiL, Warszawa. 38. Reklewski Z., Łukaszewicz M., 1997 – Mat. Międzynarodowej Konf. Nauk. „Tendencje w mlecznym użytkowaniu bydła w kraju i na świecie”, Balice, 87-110. 39. Sowiński G., 1993 – Acta Academiae Agriculturae Technicae Olstenensis, Zootechnica 38, Sup. B. 40. Strzałkowska N., Krzyżewski J., Ryniewicz Z., 1998 – Przegląd Hodowlany 10, 23-24. 41. Walawski K., Sowiński G., Czarnik U., Zabołewicz T., 1994 – Genetica Polonica 35, 1/2, 93-108. 42. Walawski K., 2000 – Zeszyty Naukowe AR we Wrocławiu, Konferencje XXIV, nr 375, 47-52. 43. Winkelman A.M., Wickham B.W., 1997 – Proc. of the IDF Seminar „Milk Protein Polymorphism II”, North Palmerston, New Zealand, 38-45, February 1997. 44. Woychik J.H., 1964 – Biochemical and Biophysical Research Communications 16, 267-271. 45. Zwierzchowski L., Żelazowska B., Grochowska R., 1995 – Animal Science Papers and Reports 13, 13-20. 46. Zwierzchowski L., 1993 – Mat. Symp. Nauk. „Markery genetyczne u zwierząt”, Jastrzębiec, 95-97.

Autorzy: prof. dr hab. Anna Litwińczuk, dr Joanna Bartłowska, dr Jolanta Król, mgr inż. Monika Kędzińska-Matysek; Akademia Rolnicza w Lublinie, Katedra Oceny i Wykorzystania Surowców Zwierzęcych, ul. Akademicka 13, 20-950 Lublin

Białogrzbiety – stara rodzima rasa bydła

Zygmunt Litwińczuk, Witold Chabuz,
Piotr Stanek, Przemysław Jankowski,
Ewa Ochap

Ochrona własnego dziedzictwa kulturowego jest ważna dla każdego narodu. W zjednoczonej Europie, bez granic, o odrębności narodowej świadczyć będzie kultura narodowa. Dotyczy to również rolnictwa, a w szczególności hodowli zwierząt i roślin. Dlatego ważnym dla zootechników zadaniem jest ochrona przed wyginięciem starych rodzimych ras zwierząt. Gwarantują one zachowanie wielu cennych właściwości, takich jak: silna konstytucja, długowieczność, wysoka płodność, łatwe porody, odporność na choroby, dobra jakość wytwarzanych produktów, małe wymagania pokarmowe, dobre przystosowanie do lokalnych warunków.

Dawniej rolnicy nastawieni byli głównie na zaopatrzenie własnej rodziny, dlatego utrzymywali rasy i odmiany lokalne – najlepiej przystosowane do miejscowych warunków klimatycznych. Podjęcie w XX wieku na szeroką skalę prac hodowlanych nad istniejącymi rasami zwierząt użytkowych ograniczyło znacznie różnorodność genetyczną [1, 19]. Współcześni rolnicy produkują przede wszystkim na rynek, a więc liczą się dla nich głównie te rasy i odmiany, które charakteryzują się dużą produkcją, np. w przypadku bydła preferowano rasy dające coraz więcej mięsa lub mleka [10]. Los wielu zwierząt użytkowych staje się coraz bardziej zagrożony przez współczesne metody produkcji rolniczej, oparte na technice i dążeniu do maksymalnej wydajności ekonomicznej [4, 5].

Wiele starych ras, znanych nawet już od setek lat, ustępuje wyraźnie „nowoczesnym rasom” pod względem cech użyteczności, takich jak: ilość mleka, dzienny przyrost masy ciała czy

wcześniejsza dojrzałość rzeźna. Posiadają one jednak wiele zalet, np. charakteryzują się lepszą jakością mięsa, często są też wyjątkowo niewybredne jeżeli chodzi o żywienie czy utrzymanie, są dobrze przystosowane do miejscowych warunków i odporne na choroby. Jednocześnie stare rasy stanowią ważne dziedzictwo kulturowe określonego regionu, a także cenny „bank” genów [3, 5]. Obecnie można mówić o nowej formie ochrony przyrody w rolnictwie, jaką jest utrzymanie starych ras zwierząt użytkowych. Dążenie do osiągnięcia maksymalnej wydajności i dużej produkcji w krótkim czasie przyczynia się do tego, że stare rasy i odmiany są coraz bardziej wypierane i giną.

Selekcja prowadzona przez człowieka i selekcja naturalna doprowadziły do powstania 4-5 tysięcy ras zwierząt gospodarskich, dostosowanych do szerokiego wachlarza istniejących warunków środowiskowych oraz zróżnicowanych potrzeb człowieka. Istniejąca różnorodność genetyczna, obejmująca wytworzoną przez człowieka różnorodność ras i odmian zwierząt gospodarskich, jest niezbędna do utrzymania obecnego poziomu produkcji rolniczej we wszystkich regionach świata [15]. Niestety różnorodność ta zmniejsza się w zaskakującym tempie. W Europie połowa ras występujących na początku XX wieku już wyginęła, a około 40% z pozostałych 1500 ras jest zagrożonych wyginięciem w ciągu najbliższych 20 lat. W Ameryce ponad jedna trzecia występujących ras zwierząt gospodarskich uważana jest za rasy rzadko występujące bądź o zmniejszającej się liczebności populacji. FAO szacuje, że na świecie około 30% ras zwierząt gospodarskich jest zagrożonych wyginięciem. Ponad połowa ras zagrożonych wyginięciem utrzymywana jest w krajach rozwijających się [3].

W Polsce problem zachowania starych ras staje się coraz bardziej aktualny. Szczególnie wiele ras zwierząt użytkowych występuje w Polsce południowej i wschodniej. Niektóre z nich zagrożone są wymarciem, wiele ras – charakterystycznych dla Polski – już wyginęło. W ostatnim okresie zachodzą niekorzystne zmiany zarówno w liczebności, jak i zróżnicowaniu utrzymywanych ras zwierząt gospodarskich. Pogłowie większości gatunków zwierząt, według danych GUS, zmniejsza się sukcesywnie, a dążenie do zwiększania wydajności