

ją także obliczone współczynniki korelacji Pearsona (w latach 1976-1984): Holandia – $r=0,99$; Niemcy – $r=0,98$.

Po 1984 roku relacja cen zaczęła się wyraźnie poprawiać, a związek między ceną mleka a ceną pasz został wyraźnie osłabiony (współczynniki korelacji między tymi zmiennymi w latach 1984-2001 wynoszą: w Holandii – $r=-0,07$; w Niemczech – $r=-0,19$; we Francji – $r=0,12$; korelacja nie jest istotna statystycznie). Cena mleka wzrastała, natomiast ceny pasz w latach 1984-1990 zmniejszyły się o 20%. W krótkim czasie zaobserwowano od 40% do 60% wzrost relacji ceny mleka do ceny koncentratów, co mogło świadczyć o znacznej poprawie opłacalności produkcji mleka.

Pomimo ustabilizowania się cen mleka po 1990 roku, relacja ta – po niewielkim spadku – znów zaczęła wzrastać do niespotykanego, jak do tej pory, poziomu. Poprawę tę należy przypisać dalszemu zmniejszaniu się cen zbóż (spowodowane przez reformę Mc Sharry'ego). Oprócz zmniejszenia się kosztów żywienia po 1984 roku, zaobserwowano także znaczne zmniejszenie się cen oleju napędowego (w 1986 r. o 40%) oraz nawozów sztucznych (o 20%). Zmiany te z pewnością nie były stymulatorami wzrostu ceny mleka, która wzrastała w latach 1984-1989, pomimo zmniejszania się kosztów produkcji.

Przedstawione dotychczas obserwacje, dotyczące kształtowania się cen mleka w relacji do ceny kierunkowej oraz w relacji do cen wybranych środków produkcji, mogą świadczyć o tym, że czynnikiem, który podtrzymywał wzrost cen w latach 1984-1989 i zapobiegł większemu ich spadkowi po roku 1990, mógł być jedynie system kwot mlecznych.

Podsumowując można stwierdzić, że zaletą ograniczenia produkcji przez kwoty było podtrzymanie cen mleka i wzrostu dochodów rolników, a także ochrona gospodarstw o szczególnie niekorzystnych warunkach gospodarowania. Do wad systemu kwot zaliczyć należy spowolnienie procesów koncentracji produkcji, przemian strukturalnych na rynku mleka

oraz hamowanie procesu polaryzacji produkcji mleka. Proces ten był tym wolniejszy, im większa była redukcja produkcji w 1983 roku oraz im mniejszą skutecznością charakteryzowały się programy restrukturyzacji, prowadzone przez rząd w ramach programów wykupu kwot i zarządzania rezerwą kwot mlecznych. System kwot, ograniczając wzrost gospodarstw, przyczynił się do zmniejszenia ich konkurencyjności, a także w przypadku zbytnej liberalizacji prowadził do licznych spekulacji oraz powstania grup nieaktywnych producentów mleka. Zalety systemu kwot tracą swoje znaczenie w obliczu reform powziętych w ramach postanowień luksemburskich z 2003 roku oraz negocjacji ze Światową Organizacją Handlu. Przewidywane zmniejszenie się cen mleka na skutek tych reform podważa sens kontynuacji systemu kwot mlecznych. Znaczenie wad systemu rośnie szczególnie wobec większego otwarcia się rynku Unii na rynek światowy. Dlatego też korzystnym byłoby rozwiązanie, w którym system kwot stopniowo przestałby mieć znaczenie dla rynku mleka. Celowi temu sprzyjają najnowsze zmiany polityki Unii na rynku mleka.

Literatura: 1. Commission of the European Communities, 2002 – Report on Milk Quotas. SEC, 789, Bruksela. 2. Dillen M., Tollens E., 1989 – Milk quotas, their effects on agriculture in European Community. Vol.1, University Leuven, Belgia. 3. Oskam A.J., 1989 – Super levy - is there an alternative? Wissenschaftsverlag Vauk Kiel. 4. Rozporządzenie Rady nr 3950/92, wprowadzające opłaty dodatkowe na mleko i produkty mleczarskie („OJ” 1992 L 405/1), uchylające jednocześnie Rozporządzenie Rady 857/84, o wprowadzeniu systemu kwot mlecznych. 5. Rozporządzenie Rady 1255/99 z 17 maja 1999 r., w sprawie wspólnej organizacji rynku mleka i produktów mleczarskich („OJ” 1999, L 160/48), później zmienione. 6. Rozporządzenie Rady 1788/2003 z 29 września 2003 r., wprowadzające opłatę wyrównawczą w sektorze mleka i produktów mleczarskich, („OJ” 2003, L 270/123), unieważniająca Rozp. Rady nr 3950/92. 7. Zięta W., Runowski H., 2002 – Aktualna sytuacja i perspektywy rozwoju rynku mleka. Materiały szkoleniowe SAPARD-FAPA. 8. ZMP (1994), Dairy Market 1993/1994, Germany, World, EU. 9. ZMP, Dairy Review (Roczniki od 2000 do 2004).

Markery mikrosatelitarne w hodowli bydła

Beata Sitkowska

AT-R w Bydgoszczy

W ostatnich latach obserwuje się zintensyfikowany rozwój metod genetyki molekularnej, wykorzystywanych do szeroko rozumianej pracy hodowlanej na zwierzętach gospodarskich. Intensywne prace w tym zakresie prowadzone są również nad bydłem, gatunkiem, którego doskonalenie jest szczególnie ważne z punktu widzenia hodowcy i konsumenta. W momencie poznania przez człowieka sekwencji genomu bydła, przyszedł czas na przyjrzenie się jego składowym. W przypadku zwierząt domowych, naukowców interesują głównie sekwencje nazwane QTL (quantitative trait loci) – loci cech ilościowych. Cechy te u bydła dotyczą na przykład użytko-

wości mlecznej. Warunkowane są one genami kumulatywnymi, których efekty działania sumują się i w zależności od czynników środowiskowych dają określony poziom fenotypowy. Zachodzi ryzyko, że nawet gen zidentyfikowany jako locus cechy użytkowej może nim nie być, ponieważ jest jedynie w bliskim sprzężeniu z prawdziwym QTL bądź inne geny mogą utrudniać jego jednoznaczną identyfikację. Światowe badania mają na celu nie tylko określenie genów głównych, a więc o największym wpływie na poziom cech użytkowych, ale również genów o mniejszym wpływie, których efekty są także widoczne w obrazie fenotypowym cech, a wpływają na nie w zależności od swojej formy fenotypowej.

W chwili obecnej, rozszerzone niemal na całą Europę, wymogi rynku wymuszają konieczność podnoszenia jakości mleka i produktów pochodnych. Jednocześnie dąży się do maksymalizacji produkcji. Nacisk kładzie się na jakość higieniczną mleka oraz jego skład, od którego zależy przydatność technologiczna, a także zdrowotność i smakowość produktów mleczarskich. Zarówno hodowców, jak i indywidualnych konsumentów charakteryzują coraz wyższa świadomość i wrażliwość, co do cech związanych z rozrodem i zdrowotnością zwierząt. Prowadzona selekcja powinna więc mieć na

celu polepszenie tych cech. Jest to jednak trudne, ponieważ ich odziedziczalność jest niska – tylko niewielki procent zmienności między zwierzętami jest uwarunkowany genetycznie. Dodatkowo cechy te są niełatwe bądź kosztowne do zmierzenia.

Dla osiągnięcia opisanych rezultatów wykorzystuje się coraz częściej metody, jakie daje genetyka molekularna oraz zaawansowana statystyka matematyczna. W wielu krajach wprowadza się do szacowania wartości hodowlanej zwierząt dodatkowe cechy, tj. określa się tzw. QTL, prowadzi się selekcję wspomaganą markerami – MAS (marker assisted selection) oraz ostatnio selekcję opartą na MQR (multiple trait quantitative trait region). Zastosowanie tych metod niesie ze sobą nadzieję na znaczący postęp w doskonaleniu zwierząt, wpłynie na opłacalność produkcji ze względu na możliwość wcześniejszej selekcji, a także na odpowiedni dobór par do rozplodu.

W programach hodowlanych opartych na teorii dziedziczenia cech ilościowych (stosowanych obecnie w kraju) prognozowane różnice między zwierzętami w produkcji mleka opierają się na obserwacjach fenotypowych, zależnych zarówno od czynników genetycznych, jak i środowiskowych. Dane potrzebne do oceny można pozyskać od zwierząt w określonym wieku, kiedy osiągną one możliwości produkcyjne, co wymaga nakładów finansowych.

Analiza form fenotypowych i jednocześnie genotypów zwierząt może umożliwić ocenę ekspresji cech. Metody biologii molekularnej stwarzają możliwość określenia, z dużym prawdopodobieństwem, potencjalnych możliwości badanych zwierząt, wynikających z występowania u nich określonych genów, np. białek mleka odpowiedzialnych za poprawę jego właściwości technologicznych oraz sekwencji mikrosatelitarnych, będących rejonami, gdzie potencjalne markery mogą się znajdować. Precyzyjne określenie tych miejsc ma na celu przyspieszenie postępu hodowlanego i ograniczenie wydatków związanych z kwalifikacją zwierząt przeznaczonych do dalszej hodowli.

Jednym ze sposobów poszukiwania genów cech ilościowych jest znajomość funkcji fizjologicznych i biochemicznych różnych białek organizmu. Na tej podstawie wybiera się potencjalne geny kandydujące, które teoretycznie mogą w znaczący sposób wpływać na poziom danej cechy. Kiedy wytypowany gen zostanie zmapowany, określa się jego formy polimorficzne i bada czy mają one statystycznie wysoki wpływ na poziom cechy.

Innym sposobem poszukiwania genów jest polimorfizm markerów genetycznych, zwykle sekwencji niekodujących – głównie mikrosatelitarnych STRs (short tandem repeats) [1]. Sekwencje te są fragmentami DNA o długości od 60 do 300 par zasad (pz), występującymi głównie w rejonach niekodujących genów i rozproszonymi równomiernie w genomie co 6 do 10 tysięcy par zasad (kpz). Składają się one z 10 do 50 powtórzeń 1-6-nukleotydowego motywu i charakteryzują się wysokim polimorfizmem. Liczba mutacji w obrębie sekwencji mikrosatelitarnych jest wysoka i zwykle występuje duża liczba alleli w pojedynczym locus. Część badaczy sekwencji mikrosatelitarnych uważa, że mają one „cykl życia” podobny do istnienia gatunku: rodzą się, dorastają i ostatecznie giną. W genomie bydła wykryto dotychczas około 2000 markerów mikrosatelitarnych.

Mikrosatelity mają szerokie spektrum przeznaczenia. U bydła znalazły zastosowanie w programach mapowania genomu, analizie zróżnicowania wewnątrz- i międzyrasowego, identyfikacji osobniczej, identyfikacji i mapowania loci cech ilościowych, kontroli pochodzenia, diagnozowania chimerizmu komórkowego krwi i niepłodności jałówek pochodzących z różnopłciowych ciąż bliźniaczych.

Jedne z pierwszych genetycznych map bydła zostały skonstruowane przy wykorzystaniu od 468 [2] do 1250 markerów mikrosatelitarnych [6]. Wszechstronną mapę genetyczną genomu bydła, opartą na 3802 mikrosatelitach, opracował w 2004 roku zespół pod kierunkiem Naoya Ihara. Mapa została stworzona na podstawie ponad 880 000 genotypów. W niej chromosom 6. (na nim znajdują się najprawdopodobniej rejon odpowiedzialny za cechy związane z produktywnością mleka) został najszczegółowiej zbadany i określono tam aż 232 markery [5]. Ponad połowa (51%) całej długości mapy pokryta została markerami, między którymi przerwy wynosiły 2,0 centymorgany (cM) lub mniej, a największa przerwa, wynosząca 10,2 cM, znajdowała się na chromosomie X. Widoczne były różnice w długości utworzonej mapy genetycznej w zależności od płci zwierząt (samiec – 3158 cM, samica – 3132 cM). Ta nowa, bardzo szczegółowa mapa może przyspieszyć precyzyjne zlokalizowanie genów odpowiedzialnych za choroby bydła, ale również genów warunkujących cechy ważne z punktu widzenia ekonomicznego. Jest ona również cennym materiałem, który może pomóc przy badaniach genomu innych, pokrewnych gatunków zwierząt, tj. owiec i kóz.

Sekwencje mikrosatelitarne są znakomitymi markerami genetycznymi ze względu na ich wysoki polimorfizm oraz tworzoną przez nie ultrastrukturę topografii genomu. Baza genetyczna oparta na sekwencjach mikrosatelitarnych jest narzędziem do mapowania zarówno cech zależnych od pojedynczych par genów, jak i cech uwarunkowanych wieloma genami. Analiza sekwencji mikrosatelitarnych może służyć nie tylko do prac nad mapowaniem genomu, wykrywania polimorfizmu tych sekwencji między badanymi populacjami czy rasami [7], ale również do wyszukiwania genów bądź sekwencji o dużym znaczeniu w produkcji bydła mlecznego (m.in. wydajności mleka, zawartości w nim tłuszczu i białka). Liczne badania wskazują na przykład na chromosom 3., gdzie prawdopodobnie znajdują się rejon odpowiedzialny za procentową zawartość tłuszczu i wydajność białka w mleku, na chromosomie 6. – rejon wpływający na wydajność i skład mleka, na chromosomie 18. – na wskaźniki rozrodu. Warto zauważyć, że pierwsze QTL dla produktywności mleka na chromosomie 6. zmapowano w przypadku amerykańskiego bydła holsztyńskiego, holenderskiego, izraelskiego, niemieckiego i angielskiego czarno-białego. Przykładowo, w badaniach Heyena i wsp. [3] wzięto pod uwagę genotypy 8 najbardziej znanych buhajów północnoamerykańskiego bydła holsztyńsko-fryzyskiego, ich 1068 synów i wnuczki. Duży wpływ na procentową zawartość tłuszczu w mleku miały rejon zlokalizowane na chromosomie 3. i 14. Jednoznaczne sprecyzowanie genów odpowiedzialnych za tę cechę nie jest proste, ponieważ zawartość tłuszczu w mleku związana jest z wydajnością mleka oraz zawartością w nim wody i innych składników. Badacze wysunęli przypuszczenie, co do celowości wykorzystania zidentyfikowanych sekwencji QTL w selekcji MAS i do selekcji na geny warunkujące zawartość tłuszczu w mleku. Rozważań tego typu, dotyczących wydajności mle-

ka i jego składników warunkowanych przez regiony QTL, jest wiele i część z nich znalazła już swoje zastosowanie w hodowli.

Obecnie identyfikacja polimorfizmu STRs stanowi efektywną metodę rozpoznawania sprzężeń STRs/QTLs i jest wykorzystywana w konstrukcji programów hodowlanych MAS. Umożliwia to uzyskanie dużego postępu hodowlanego w stosunkowo krótkim czasie, dzięki eliminacji osobników o niekorzystnym genotypie. Na całym świecie prowadzone są liczne projekty badawcze, mające na celu zmapowanie genów odpowiedzialnych za cechy związane z produktywnością mleka u krów (Francja, Niemcy, Finlandia, USA i Kanada). Są i takie państwa, które wykorzystują wyniki uzyskane w programach MAS w praktyce hodowlanej [11]. Programy MAS cech użytkowości mlecznej bydła wprowadzono dotychczas do praktyki hodowlanej w Izraelu i Nowej Zelandii. W wielu krajach, w tym także w Polsce, prowadzone są badania uwzględniające możliwości wykorzystania „selektywnych zbiorów DNA” do identyfikacji loci cech użytkowości mlecznej bydła. Jak podają Sender i wsp. [10], istnieje możliwość wykorzystania markera 513 i genów DRB3, CD18, laktoferyny i lizozymu w programie zwalczania mastitis. Wymaga to jednak dalszych badań, które potwierdzą, czy zastosowanie tych genów w MAS przyniesie rzeczywisty postęp w zwalczaniu zapalenia wymienia u krów mlecznych.

Prowadzone projekty mapowania genomu różnią się nie tylko wykorzystanymi zwierzętami i spokrewnieniem między nimi, rozbieżności dotyczą również procedur pozyskiwania materiału genetycznego, sposobu doboru zwierząt do prób oraz metod późniejszych analiz diagnostycznych i statystycznych. Dla przykładu, liczne badania dotyczące poszukiwania związku pomiędzy sekwencjami mikrosatelitarnymi a cechami o wysokim znaczeniu ekonomicznym w produkcji mleka pozwoliły na wysunięcie wspólnego wniosku, co do istnienia możliwości zredukowania ilości branych pod uwagę osobników (ich genotypów) przez genotypowanie tylko na podstawie fenotypowo skrajnie różnych populacji osobników – metodę tę nazwano „selektywnym zbiorem DNA” (selective DNA pooling). W przypadku prowadzenia prac na całym genomie zwierzęcia procedura „selektywnego łączenia DNA” pozwala na znaczne ograniczenie liczby testowanych zwierząt, lecz jednocześnie jest ona kosztowna, ze względu na konieczność zastosowania STRs umiejscowionych we wszystkich parach chromosomów w odległości nie większej niż 10-20 cM.

W kontroli rodowodów i identyfikacji bydła do tej pory powszechnie wykorzystuje się informacje o polimorfizmie antygenów erytrocytarnych. W takim przypadku prawdopodobieństwo wykluczenia rodzicielstwa wynosi 98% [4]. Obecnie w hodowlach bydła rośnie współczynnik inbrodu między osobnikami. Badania serologiczne nie wystarczają, aby jednoznacznie ustalić ojcostwo, dlatego wykorzystuje się sekwencje mikrosatelitarne DNA. Wykazują one zmienność, co oznacza, że liczba powtórzonych jednostek w zgrupowaniu jest zróżnicowana u różnych przedstawicieli gatunku. Dzieje się tak w wyniku „poślizgu”, który może nastąpić w czasie kopiowania mikrosatelity podczas replikacji DNA, prowadząc do wstawienia lub delecji przynajmniej jednej z powtórzonych jednostek. Zróżnicowanie jest tak duże, że nie ma dwóch żyjących osobników, u których można stwierdzić taką samą kombinację alleli mikrosatelitarnych. Przy analizie dostatecznie dużej liczby sekwencji mikrosatelitarnych, dla każdego

zwierzęcia można ustalić unikalny profil genetyczny, co wykorzystuje się w kontroli pochodzenia. Już na podstawie 11 wysoko polimorficznych markerów mikrosatelitarnych stwierdzono, że można z 99,9% pewnością wykluczyć niewłaściwych rodziców [8]. W związku z zaleceniem wprowadzenia wybranego zestawu sekwencji mikrosatelitarnych do rutynowego systemu weryfikacji rodowodów przez Międzynarodowe Towarzystwo Genetyki Zwierząt (ISAG), istnieje konieczność oceny wybranych mikrosatelitów w badaniach populacji zwierząt. Badania tego typu dotyczą różnych gatunków zwierząt w Polsce: bydła, koni, owiec, psów. W chwili obecnej jest to jednak zalecenie, a nie obowiązek.

Sekwencje mikrosatelitarne, oprócz dających perspektywy rozwoju genetyki molekularnej wykrywalności chorób i poznania budowy poszczególnych genów, niosą również pewne zagrożenia, związane z nie do końca zrozumiałą i poznaną ich budową oraz zachodzącymi w ich obrębie mutacjami, a także występującymi korelacjami między cechami. Stwierdzono na przykład mutację w genie receptora hormonu wzrostu (chromosom 20.), która jest bardzo silnie związana z wydajnością i składem mleka. Selekcja wybranych cech zmienia jednocześnie obraz fenotypowy innych cech z nimi skorelowanych. Znak tych zależności może być różny, dlatego też efekt hodowlany jest nie zawsze satysfakcjonujący hodowcę. Silne korelacje między różnymi cechami wynikać mogą z bliskiego sąsiedztwa genów za nie odpowiedzialnych. Naukowcy w Norwegii wprowadzili więc model MQR, który uwzględnia te zależności. Wyniki badań obarczone są jednak dużym błędem, dlatego autorzy sugerują dalsze badania, które sprawdzą potencjalne konsekwencje użycia metody MQR do selekcji wspomaganej markerami [9].

Wykorzystanie sekwencji mikrosatelitarnych może zrewolucjonizować selekcję zwierząt, może pomóc przewidzieć potencjalne możliwości i wartość hodowlaną zwierząt. Markery DNA w przyszłości mogą być wykorzystane głównie nie dla cech związanych z produktywnością zwierząt, więc tych łatwo mierzalnych, ale dla określenia cech, które trudno bądź których nie można określić przyżyciowo (przede wszystkim odporność na choroby, jakość mięsa, ilość i skład mleka). Obecnie prowadzone badania dotyczące selekcji wspomaganej markerami w hodowli bydła dają podstawy do wdrożenia tych technik u innych gatunków zwierząt, np. u owiec. Selekcję taką stosują już w elitarnych stadach zwierząt duże organizacje hodowlane w bogatych krajach. W przyszłości niewątpliwie metody te staną się powszechniejsze, być może tańsze i oby wykonywane rutynowo. Będzie to możliwe, gdy wyniki badań zostaną szeroko udostępnione i będzie można z nich korzystać. Niewątpliwie długoterminowa polityka i wsparcie finansowe w zakresie badań nad sekwencjami mikrosatelitarnymi są najistotniejszymi elementami, które pozwolą doskonaląc obecną populację zwierząt. Należy pamiętać, że z lub bez określania sekwencji mikrosatelitarnych i badań nad nimi odkryte zostaną markery i nowe regiony genomu warunkujące określone cechy. W jaki sposób hodowla polska z nich skorzysta? Decyzja należy do hodowców. Trzeba jednak pamiętać, że zwierzę to żywy organizm, który musi zachować stan wewnętrznej harmonii i równowagi, aby prawidłowo funkcjonować.

Literatura: 1. Beuzen N.D., Stear M.J., Chang K.C., 2000 – *The Vet. J.* 160, 42-52. 2. Bishop M.D., Kappes S.M., Keele J.W., Stone R.T., Sunden S.L., Hawkins G.A., Toldo S.S., Fries R., Grosz M.D., Yoo J., Beattie C.W., 1994 – *Genetics* 136, 619-639. 3. Heyen D.W.,

Weller J.I., Ron M., Band M., Beever J.E., Feldmesser E., Da Y., Wiggans G.R., Van Raden P.M., Lewin H.A., 1999 – A genome scan for QTL influencing milk production and health traits in dairy cattle. <http://physiolgenomics.physiology.org> 4. Holm L.E., Bendixen C., 1996 – Anim. Genet. 27, 17-42. 5. Ihara N., Takasuga A., Mizoshita K., Takeda H., Sugimoto M., Mizoguchi Y., Hirano T., Itoh T., Watanabe T., Reed K.M., Snelling W.M., Kappes S.M., Beattie C.W., Bennett G.L., Sugimoto Y., 2004 – Genome Res. 14, 1987-1998. 6. Kappes S.M., Keele J.W., Stone R.T., McGraw R.A., Sonstegard

T.S., Smith T.P., Lopez-Corrales N.L., Beattie C.W., 1997 – Genome Res. 7, 235-249. 7. Radko A., Żyga A., Zębek T., Słota E., 2005 – J. Appl. Genet. 46(1), 89-91. 8. Radko A., Żyga A., Słota E., Kościelny M., Breja W., 2004 – Medycyna Wet. 60, 1212-1214. 9. Schroten C., Bink M.C.A.M., Bovenhuis H., 2004 – J. Dairy Sci. 87, 3550-3560. 10. Sender G., Korwin-Kossakowska A., Stępińska U., 2003 – Medycyna Wet. 59, 853-856. 11. Światoński M. i wsp., 2004 – Postępy genetyki molekularnej bydła i trzody chlewnej. Wyd. AR Poznań.

Fizjologiczne uwarunkowania żywienia krów mlecznych

Janusz Ryszard Mroczek

Uniwersytet Rzeszowski

Krowy są grupą produkcyjną, która ze względu na sposób użytkowania sprawia wiele problemów żywieniowych. Utrzymanie wysokiej wydajności mlecznej wymaga zapewnienia optymalnych warunków środowiska hodowlanego oraz racjonalnego żywienia, którego podstawą jest maksymalne pobranie suchej masy oraz optymalizacja procesów fermentacji bakteryjnej w żwaczu. Przy układaniu dawek pokarmowych konieczne jest precyzyjne bilansowanie: energii, białka, włókna, związków mineralnych i witamin. Wymaga to od hodowców staranności w doborze pasz oraz wiedzy z zakresu podstawowych procesów fizjologicznych związanych z czynnościami trawiennymi, zachodzącymi w przewodzie pokarmowym krów mlecznych.

Żołądek bydła składający się z czterech komór, a także obecność flory żwaczowej, stanowią swoiste przystosowanie do dobrego wykorzystania pasz objętościowych, zawierających dużo włókna. W wyniku aktywności bakterii celulolitycznych z polisacharydów uwalniane są cukry proste, które wykorzystywane są przez mikroorganizmy w przemianach energetycznych i przetwarzane w kwas pirogronowy, będący prekursorem lotnych kwasów tłuszczowych. Najwięcej powstaje kwasu octowego, propionowego i masłowego. Lotne kwasy tłuszczowe, szczególnie kwas octowy, są wykorzystywane do wytwarzania tłuszczu mleka. Dostarczają one organizmowi ponad połowę energii metabolicznej, a ich wchłanianie w przedżołądkach kształtuje się na poziomie około 90% [10, 11].

Strawność włókna uzależniona jest od zawartości ligniny i wynosi od 40 do 70%. Wysoka zawartość ligniny w ścianach komórkowych roślin utrudnia penetrację enzymów bakteryjnych. Powoduje to obniżenie strawności takich składników pokarmowych, jak białko i skrobia. W żywieniu bydła szczególną uwagę zwraca się na bilansowanie włókna w dawkach pokarmowych. Reakcja organizmu krowy na zbyt małe pobra-

nie pasz strukturalnych sprowadza się do obniżenia procentowej zawartości tłuszczu w mleku. Niedobór włókna może być także przyczyną niższej strawności masy pokarmowej w żwaczu. Włókno, oprócz roli energetycznej, decyduje o strukturze fizycznej dawki pokarmowej. Optymalna zawartość cukrów strukturalnych w postaci długich cząstek nadaje treści żwaczowej strukturę gąbki, co ułatwia procesy trawienne oraz pobudza odruchy przeżuwania i wydzielania śliny. Wpływa to korzystnie na odczyn żwacza. Długotrwały niedobór włókna, pochodzącego z pasz objętościowych, powoduje zmniejszenie pobierania paszy i ograniczenie strawności masy pokarmowej w żwaczu [2, 10].

Energia zawarta w paszy jest czynnikiem żywieniowym, wyraźnie wpływającym na produktywność krów. Jej niedobór ogranicza wydajność mleczną oraz powoduje obniżenie zawartości tłuszczu w mleku. Istnieją dwa sposoby poprawy wartości energetycznych dawki pokarmowej. Pierwszy z nich polega na zwiększeniu pobrania paszy przez zwierzęta, drugi sprowadza się do podniesienia koncentracji energii. Należy jednak pamiętać, że podstawowym źródłem energii dla krów są dobre pasze objętościowe, szczególnie kiszonka z kukurydzy. W żywieniu krów mlecznych bardzo często występują niedobory energii, które powodują utratę masy ciała oraz zaburzenia metaboliczne. Najlepszą formą wyrównania ujemnego bilansu energetycznego jest zwiększenie udziału w dawce pokarmowej pasz skrobiowych [6, 16]. Jednak nadmierne ilości pasz energetycznych, zdawanych bez niezbędnego okresu adaptacji, mogą być przyczyną obniżenia pH treści żwacza. Jest to zjawisko bardzo groźne dla mikroorganizmów żwaczowych, zwłaszcza bakterii celulolitycznych. Niskie pH powoduje zaburzenia w przeżuwaniu i motoryce przewodu pokarmowego, co dodatkowo ujemnie wpływa na strawność włókna i obniża mleczność krów [13].

W przedżołądkach mają miejsce intensywne procesy rozkładu i syntezy białek. Specyfiką przemian białkowych jest zdolność bakterii do syntezy białka nie tylko z aminokwasów, ale również z prostych związków azotowych. Z białka roślinnego oraz azotu niebiałkowego powstaje białko bakteryjne, które przez pierwotniaki jest częściowo trawione i wbudowywane w struktury komórkowe wspomnianych mikroorganizmów. W efekcie do trawieńca i jelita cienkiego trafia około 2-3 kg białka drobnoustrojów. Jest to białko o wysokiej wartości pokarmowej i stanowi dla organizmu główne źródło aminokwasów egzogennych, pokrywających potrzeby krowy o produktywności do 15 kg mleka [1]. Niepożądane jest przekarmienie białkowe, prowadzące do intensywnej dezaminacji bakteryjnej białka paszy. Powstały wówczas w żwaczu amo-