

Sesja 2: Genetyka zwierząt

Sesja druga dotyczyła zagadnień związanych z genetyką zwierząt. Zaprezentowano na niej dziesięć wystąpień. Ich zakres tematyczny rozpościerał się od zagadnień genetyki molekularnej po tematykę związaną z programami hodowlanymi.

Pierwsze wystąpienie, zaprezentowane przez zespół autorów: Halvoník A., Moravčíková N., Chalupková M., oraz Kasarda R., ze Słowackiego Uniwersytetu Rolniczego w Nitrze (Słowacja), zatytułowane „*Cross-Species Analysis of Highly Heterozygous Regions*”, miało na celu sprawdzenie, czy istnieją geny wykazujące dużą zmienność genetyczną (heterozygotyczność) u wielu różnych gatunków (bydło, psy, konie). Autorzy zidentyfikowali wspólne wzorce regionów genomu o wysokiej heterozygotyczności u różnych gatunków. Wyniki badań mogą pomóc w identyfikacji genów, które w stanie heterozygotycznym korzystnie wpływają na fenotyp. Badania te były finansowane przez Słowacką Agencję Badań i Rozwoju (numery grantów APVV-17-0060 i APVV-20-0161).

Cechy wzrostu, w tym efektywność wykorzystania paszy (FE), mają kluczowe znaczenie dla hodowli owiec, bezpośrednio wpływając na rentowność poprzez poprawę wskaźników wzrostu. FE jest regulowane przez wiele genów, w tym CAST, MTOR i UCP3, które wpływają na rozwój mięśni szkieletowych, metabolizm i kontrolę masy ciała. W drugim wystąpieniu pt. „*Expression of CAST, MTOR and UCP3 genes and their association with SNPs of gene and feed efficiency in sheep intensive grown in Latvia*”, zaprezentowanym przez Trapina I., Plavina S., Krasnevskaja N., Paramonovs J., Kairisa D., Paramonova N. z Uniwersytetu Łotewskiego oraz Łotewskiego Uniwersytetu Nauk o Życiu i Technologii, analizowano właśnie ekspresję genów CAST, MTOR i UCP3 oraz ich związek z polimorfizmami pojedynczego nukleotydu (SNP) i wykorzystaniem paszy u owiec. Badacze stwierdzili, że ekspresja tych genów, na którą wpływają genotypy SNP, może służyć jako cenny marker genetyczny w programach hodowlanych. Niniejsze badania zostały sfinansowane ze środków LFP-2021/1-0489 („Opracowanie innowacyjnego podejścia do identyfikacji biologicznych uwarunkowań związanych ze zmiennością międzyzwiązków w zakresie efektywności paszy w hodowli owiec”) oraz LFP-2024/1-0092 („Narzędzia genetyczne do efektywnej paszowości i zrównoważonej produkcji mięsa u łotewskich ras owiec”).

Zapalenie wymion to powszechna choroba krów mlecznych. W trzecim referacie pt. „*Alternative system of evaluation of mastitis in Slovakia*”, przedstawionym przez Chalupková M., Costa A., Candrák J., Moravčíková N., Halvoník A., Kasarda R. z Uniwersytetu Rolniczego w Nitrze (Słowacja) oraz Uniwersytetu Bolońskiego (Włochy), zaprezentowano ocenę nowych wskaźników do selekcji w kierunku odporności na mastitis u krów mlecznych. Wskaźniki były obliczane w oparciu o liczbę komórek somatycznych (LKS). Komponenty wariancji oszacowano na podstawie danych pochodzących od

6450 krów z okresami laktacji trwającymi od 5 do 500 dni. Wyniki wskazują, że zaproponowane nowe wskaźniki mogą być stosowane w selekcji w celu zapobiegania mastitis u krów mlecznych na Słowacji. Badania te zostały sfinansowane w ramach projektów DS-FR-22-0016 i APVV-20-0161.

Różnorodność genetyczna ras zwierząt gospodarskich jest częścią globalnej bioróżnorodności i wymaga starannego zarządzania dla zrównoważonego rozwoju i przyszłej dostępności. Unikanie inbrodu jest ważne nie tylko w przypadku ras zagrożonych, ale także w przypadku ras komercyjnych. Tej tematyki dotyczyło kolejne doniesienie pt. „*Demographic description of Danubia Alba and Debrecen White rabbit breeds*” autorstwa: Posta J., Demeter C., Németh Z., Sándor M., Juráskó R., Matics Z., Gerencsér Z. z Uniwersytetu w Debrecynie, oddziału Cargill Feed Ltd., firmy S&K-Lap Ltd., Uniwersytetu Nauk Weterynaryjnych, Tetrabbit Ltd., Węgierskiego Uniwersytetu Rolnictwa i Nauk o Życiu oraz Uniwersytetu Széchenyiego Istvána (Węgry). Przeprowadzone badania dotyczyły oceny danych rodowodowych, pochodzenia genów, inbrodu i efektywnej wielkości populacji dla ras królików Danubia Alba i Debrecen White. Stwierdzono, że wszystkie osobniki w badanych populacjach były zimbredowane na poziomie od 5% do 13%. Na podstawie przewidywanej efektywnej wielkości populacji uznano, że nie ma powodów do obaw o zachowanie każdej z ras.

Średni dzienny przyrost masy ciała jagniąt hodowanych na mięso, od urodzenia do odsadzenia, wraz z ich masą ciała w momencie odsadzenia, to istotne czynniki ekonomiczne wpływające na rentowność hodowli. Ponadto, masa ciała jagniąt w chwili odsadzenia może mieć kluczowe znaczenie dla przyrostów masy ciała w okresie tuczu i prawdopodobieństwa przeżycia jagniąt. W związku z tym zwiększenie masy ciała w wieku odsadzenia jest niezbędne dla zwiększenia produkcji mięsa jagnięcego. Jednak w przypadku wielu ras owiec mało jest informacji dotyczących wpływu genotypu na masę ciała w momencie odsadzenia jagniąt. Tym zagadnieniem poświęcony był piąty wykład pt. „*Association between rs427117280 genotypes and weaning weight and average daily gain until weaning weight in sheep*”, zespołu: Akyüz B., Daldaban F., Özdemir M., Karakuş F., Bayram D., Yağcı S., Atik A., Kökkaya Ş., Arslan K., Şirin E., Çınar M. U. z Uniwersytetu Erciyes, Uniwersytetu Van Yüzüncü Yıl, Ministerstwa Rolnictwa i Leśnictwa oraz Uniwersytetu Ahi Evran (Turcja). Autorzy skupili się na zbadaniu związku między genotypem SNP rs427117280 a masą ciała przy odsadzeniu i dziennymi przyrostami u tureckich lokalnych ras owiec. Analizy wykazały, że jagnięta z genotypem GG dla badanego SNP cechowały się najwyższą masą ciała w 90. dniu życia. Marker rs427117280 może być ważny z punktu widzenia hodowli dla cech wzrostu przed odsadzeniem i do momentu odsadzenia.

Postęp w genetyce mający na celu poprawę płodności loch jest jedną z głównych przyczyn obniżonej przeżywalności prosiąt w trakcie i po porodzie, ponieważ

zbyt liczne mioty (>16 prosiąt) skutkują wydłużeniem porodu i ryzykiem niedotlenienia i uduszenia, szczególnie wśród prosiąt urodzonych jako ostatnie. Obserwuje się jednak również liczne mioty bez martwo urodzonych prosiąt. Dlatego celem kolejnej pracy pt.: „*Genetic basis of stillborn piglets in hyperprolific sows based on a genome-wide association study*” autorstwa: Nowak B., Mucha A., Kruszyński W. z Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu (Polska), była analiza GWAS, która miała pozwolić na poznanie genetycznych podstaw występowania martwych urodzeń u bardzo plennych loch (rodzących ≥ 16 prosiąt). Do badania wybrano 144 hiperplenne lochy DanBred i podzielono je na dwie równe grupy. Grupę kontrolną stanowiły samice rodzące wyłącznie żywe prosięta w miocie podczas pierwszego i drugiego oproszenia, natomiast grupę badawczą stanowiły lochy rodzące co najmniej jedno martwe prosię w pierwszym i drugim miocie. Wszystkie zwierzęta genotypowano przy użyciu systemu iScan Illumina z mikromacierzą oricneSNP80v1 HTS, zawierającą prawie 80 000 markerów SNP. W badaniu wykryto 180 markerów SNP o statystycznie istotnym wpływie na występowanie martwych prosiąt. Cztery z tych markerów, o najwyższym poziomie istotności, znajdują się w obrębie genu KCNIP4.

Analiza heterozygotyczności u zwierząt gospodarskich jest rzadsza w porównaniu z badaniem wzorców homozygotycznych. Regiony bogate w heterozygotyczność (HRR) to regiony genomowe o wysokiej heterozygotyczności, które mogą zawierać ważne loci dla cech funkcjonalnych, takich jak odpowiedź immunologiczna, wskaźniki przeżywalności czy płodności. Siódme doniesienie pt. „*Analysis of genomic heterozygosity-rich regions in selected local horse breeds*”, zaprezentowane przez Vostra-Vydrová H., Moravčíková N., Kasarda R., Halvoník A., Hofmanová B., Vostry L. z Czeskiego Uniwersytetu Nauk o Życiu w Pradze (Czechy) oraz Uniwersytetu Rolniczego w Nitrze (Słowacja), dotyczyło badań, w których autorzy postawili sobie za cel zbadanie i scharakteryzowanie wzorców heterozygotyczności w genomach jedenastu ras koni. Uzyskane wyniki pokazały, że liczba i proporcja genomu pokryta przez regiony o wysokiej heterozygotyczności (HRR) różniły się między rasami. Najwyższą średnią długość HRR zaobserwowano u ras huculskiej, noriker murański i noriker śląski, a najniższą u rasy Shagya. Badania te były wspierane przez projekty GACR 24-14325L, QL25020022 oraz APVV-20-0161, APVV-17-0060.

Kolejna prezentacja pt. „*Introducing Single-step evaluation in Polish Holstein-Friesian cattle*” opisywała efekty wdrożenia nowej, jednostopniowej metody oceny wartości hodowlanej u polskiego bydła holsztyńsko-fryzjskiego. Pracę przedstawił zespół w składzie: Pszczoła M., Savoia S., Graczyk-Bogdanowicz M., Jagusiak W., Suchocki T., Stachowicz K., Zhang L., Żukowski K., Rzewuska K., Skarwecka M., Mucha S., będący efektem szerokiej współpracy Centrum Genetycznego PFH-BiPM, Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu, Instytutu Zootechniki - PIB w Krakowie/Balicach, Uniwersytetu Rolniczego w Krakowie, Uniwersytetu Przyrodniczego

we Wrocławiu (Polska) oraz AbacusBio International Limited (Nowa Zelandia). Autorzy wykazali, że nowy system oceny poprawił korelację między polskimi a międzynarodowymi wartościami hodowlanymi oraz zwiększył wiarygodność polskich wartości hodowlanych.

Dziewiąte doniesienie, zatytułowane „*Heritability estimations of test day milk yield in Patch-faced Maritza sheep breed using different test day models*”, dotyczyło szacowania odziedziczalności dziennej wydajności mlecznej u owiec rasy Maritza plamista. Zostało zaprezentowane przez Dimov D., Zhelyazkova P., Andonov S. z Uniwersytetu Rolniczego w Płowdiw, Uniwersytetu Trakia (Bułgaria) oraz Szwedzkiego Uniwersytetu Nauk Rolniczych w Uppsali (Szwecja). Badacze analizowali różne modele liniowe do oszacowania odziedziczalności (h^2) dziennej wydajności mlecznej. Zaobserwowano, że przy ograniczonej liczebności zwierząt modele powtarzalnościowe sprawdziły się lepiej niż modele wykorzystujące regresję losową.

Bydło (*Bos taurus*) jest gatunkiem monotonicznym, co oznacza, że w typowych warunkach fizjologicznych podczas każdej ciąży rozwija się jeden płód. Cięża mnoga jest zatem uważana za odstępstwo od normy i występuje stosunkowo rzadko; jednak częściej występuje u ras mlecznych. Na zwiększone ryzyko ciąży bliźniaczych u bydła wpływa kilka czynników, w tym predyspozycje genetyczne, rasa, wydajność mleczna, wahania sezonowe i programy hormonalne. W ostatnim, dziesiątym wystąpieniu pt. „*The effect of conception season on the occurrence of twin pregnancies in Holstein-Friesian cattle - preliminary study*” autorstwa Żelazko K., Kaczmarczyk J., Para J., Nowak B., Zielak-Steciwno A.E. z Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu (Polska), badano wpływ sezonu zacielenia na występowanie ciąży bliźniaczych u bydła rasy holsztyńsko-fryzyskiej. W badaniu wykorzystano dane pochodzące z dokumentacji oborowej, obejmującej 902 wycielenia zaobserwowane w latach 2016–2024. Na podstawie zebranych danych wykonano statystyki opisowe, a analizę statystyczną przeprowadzono za pomocą testu chi-kwadrat niezależności przy poziomie istotności 0,05. Nie stwierdzono statystycznie istotnego związku między sezonem zapłodnienia krów a występowaniem ciąży mnogich.

Sesja 3: Żywnienie zwierząt i nutrigenomika

Pierwsze wystąpienie pt. „*Can effective grazing management affect the rumen environment in lambs with haemonchosis?*” autorstwa Petrič D., Leško M., Demčáková K., Komáromyová M., Sidoruk P., Cieslak A., Ślusarczyk S., Várady M., Váradyová Z. ze Słowackiej Akademii Nauk w Koszycach (Słowacja), Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu oraz Uniwersytetu Medycznego we Wrocławiu (Polska) dotyczyło wpływu wypasu jagniąt, zarażonych pasożytem *Haemonchus contortus*, na pastwisku wzbogaconym cykorią na ich parametry wzrostu i środowisko żwacza. W toku badań stwierdzono, że pastwiska z cykorią zwiększyły efektywność wykorzystania składników odżywczych i poprawiły masę