



Mgr inż. Barbara Elżbieta Kosińska-Selbi

Analiza struktury genetycznej wybranych ras bydła mlecznego

Streszczenie

Bydło (*Bos taurus*) wywodzi się z udomowienia *Bos primigenius primigenius*. Bydło było używane jako zwierzę hodowlane i od wieków odgrywało ważną rolę w ludzkim społeczeństwie, poprzez dostarczanie mleka, mięsa, skóry i energii. Pierwsza modyfikacja genomów bydła nastąpiła w wyniku selekcji naturalnej i w wyniku udomowienia. Doprowadziło to do zróżnicowania ras bydła, wykazujących zmienność w strukturze genetycznej. W dzisiejszych czasach zmienność genetyczna bydła jest wykorzystywana do produkcji zwierząt, które przyniosą zysk ekonomiczny. Dlatego tak ważne jest poznanie wszystkich mechanizmów kontrolujących ekspresję genów oraz pojedynczych markerów genetycznych, które mogą wpływać na wszelkie szlaki funkcjonalne. Zmienność genetyczna genomów bydła może być wykorzystana jako tło do zaprojektowania właściwego celu hodowlanego, który wskaże „właściwy” kierunek selekcji bydła.

W związku z powyższym celem niniejszej rozprawy doktorskiej było zbadanie zmienności genomowej obserwowanej u różnych ras bydła mlecznego lub ras o podwójnym przeznaczeniu. W pierwszym etapie rozprawy doktorskiej zbadalam strukturę genomów bydłych poprzez analizę długich niekodujących transkryptów RNA dostępnych w publicznej bazie danych NONCODE (wersja 5.0). Uzyskane wyniki wykazały, że adnotacja długich niekodujących transkryptów RNA dla *Bos taurus* jest gorsza w porównaniu z innymi organizmami modelowymi (*Homo sapiens* i *Mus musculus*) oraz innymi zwierzętami gospodarskimi (*Sus scrofa* i *Gallus gallus*). Przeprowadzony przegląd literatury wykazał, że długie niekodujące RNA odgrywa ważną rolę nie tylko w regulacji ekspresji genów, ale w różnych aspektach fizjologii i chorób zwierząt gospodarskich, w tym bydła. W drugim etapie moich badań interesowało mnie połączenie zmienności genetycznej wyrażanej przez zmienność pojedynczych nukleotydów, ze zmiennością fenotypową schorzeń nóg i racic. Wyniki pokazały, że pomimo bardzo podobnych fenotypów obserwowanych schorzeń nóg i racic między dwiema rasami (Fleckvieh i Braunvieh), wykryto znaczące różnice w strukturze genomowej. Postawiono hipotezę, że zaobserwowane różnice można wyjaśnić różnymi celami selekcji, Braunvieh w kierunku produkcji mlecznej i Fleckvieh w kierunku łączonej produkcji mleka i produkcji wołowiny. W końcowej fazie mojej rozprawy doktorskiej wykorzystałam wartości genetycznych odchyłeń standardowych, które zostały zaczerpnięte z opisu polskich systemów oceny genetycznej (Interbull, 2020) oraz wykorzystałam wyznaczone przez mnie wagi ekonomiczne dla rasy polskiego czerwonego bydła oraz polskiego holsztyńskiego bydła, aby wyprowadzić wagi względne dla cech funkcjonalnych wspomnianych ras bydła. Wyniki symulacji 40 lat, opartych na założeniach chowu zwierząt, parametrach biologicznych i parametrach genetycznych wykazały, że rasa polska holsztyńska może przynieść wyższy zysk ekonomiczny w porównaniu z polską czerwoną.

Kosińska-Selbi



MSc Eng. Barbara Elżbieta Kosińska-Selbi

The analysis of genetic structure of selected dairy cattle breeds

Abstract

Cattle (*Bos taurus*) originated from domestication of *Bos primigenius primigenius*. It has been used as a livestock animal and it has played an important role in human society for centuries, by supplying milk, meat, leather and energy. First modification of bovine genomes was due to natural and post-domestication selection. This leads to differentiation of cattle breeds, which shows variability in their genetic structure. Nowadays, the genetic variability of cattle is used in order to produce animals that will bring economic profit. That is why it is crucial to know all the mechanisms that control gene expression and single genetic markers that could influence any functional traits. Genetic variability of cattle genomes can be used as a background for designing a proper breeding goal, which will indicate the “right” direction of cattle selection.

Considering the above, the purpose of this doctoral dissertation was to explore the genomic variation observed in various dairy cattle breeds or dual purpose breeds. In the first stage of my doctoral dissertation, I studied the structure of the bovine genomes by analysing long non-coding RNA available in public database NONCODE (version 5.0). The obtained results showed that long non-coding RNA available for *Bos taurus* have a worse genomic annotation, compared to other model organisms (*Homo sapiens* and *Mus musculus*) and other livestock organisms (*Sus scrofa* and *Gallus gallus*). The conducted literature review indicated that long non-coding RNA plays an important role not only in regulation of gene expression, but in different aspects of physiology and diseases of livestock, including cattle. In the second stage of my study, I was interested in combining the genetic variability expressed by SNPs with the phenotypic variability of hoof and leg disorders. The results showed that despite very similar incidents of observed hoof and leg disorders between two breeds (Fleckvieh and Braunvieh), we detected significant differences detected among genomic structure. It was hypothesised that observed differences could be explained by different selection goals, Braunvieh toward dairy production and Fleckvieh towards combined milk and beef production. In the final stage of my doctoral dissertation, I used SDs taken from the description of the Polish genetic evaluation systems (Interbull, 2020) and estimated EVs for Polish Red and Polish Holstein to derive the RWs for functional traits of these breeds. Obtained results of simulations of 40 years based on management, biological and genetic assumptions showed that Polish Holstein could bring a higher economic profit, compared to Polish Red.

Kosińska-Selbi