

Mgr Paulina Przybylska
Instytut Hodowli Zwierząt
Zakład Hodowli Bydła i Produkcji Mleka
Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt

Tytuł: Wybrane polimorfizmy pojedynczych nukleotydów (SNPs) genu FASN oraz inne czynniki wpływające na skład i zawartość tłuszczu mleka krów

Streszczenie

Na zawartość tłuszczu oraz profil kwasów tłuszczowych w mleku krowim wpływają zarówno czynniki genetyczne (m.in. rasa, polimorfizm genów), jak i środowiskowe (m.in. faza laktacji oraz wiek krów). W regulacji biosyntezy *de novo* długołańcuchowych kwasów tłuszczowych szczególną rolę odgrywa ekspresja genu FASN (syntaza kwasów tłuszczowych) oraz polimorfizmy pojedynczych nukleotydów (SNPs) genu FASN takie jak: g.841G/C (rs41920005), g.16024A/G (rs208645216), g.16039T/C (rs209734560), g.17924A/G (rs41919985). W dostępnej literaturze nie został jeszcze dobrze zbadany wpływ SNPu g.16060A/C (rs211379310) na kompozycję tłuszczu mleka krów, dlatego został on uwzględniony w badaniach.

Celem badań było określenie wpływu pięciu SNP-ów genu FASN (wraz z ich wariantami genotypowymi) na zawartość tłuszczu w mleku oraz profil kwasów tłuszczowych mleka krów trzech ras: polskiej czerwono – białej (ZR), polskiej czerwonej (RP) i polskiej holsztyńsko – fryzyjskiej odmiany czerwono – białej (RW). Ponadto określono frekwencje genotypów każdego z pięciu badanych SNP-ów genu FASN we wszystkich trzech badanych rasach bydła. Dodatkowym celem badań było określenie wpływu czynników środowiskowych takich jak: faza laktacji oraz wiek krów na zawartość tłuszczu w mleku oraz jego profil kwasów tłuszczowych w mleku krów trzech badanych ras.

Próbki mleka do badań pozyskiwane były podczas próbnego udoju krów. Genotypowanie SNPs przeprowadzono metodą PCR – HRM. W mleku oznaczano zawartość tłuszczu w oraz profil kwasów tłuszczowych przy zastosowaniu chromatografii gazowej z detektorem FID. Do weryfikacji normalności rozkładów analizowanych zmiennych zastosowano test Kołmogorowa-Smirnowa. Do weryfikacji istotności różnic zastosowano wieloczynnikową analizę wariancji oraz testy wielokrotnych porównań post-hoc Bonferroniego. Wszystkie analizy wykonano przy pomocy pakietu Statistica v.13.1.

W wyniku przeprowadzonych badań wykazano najczęstszy istotny związek ($p < 0,05$, $p \leq 0,01$) analizowanych SNP-ów (wraz z konkretnymi genotypami) z zawartością takich kwasów tłuszczowych nasyconych (SFA) jak: C10:0 i C18:0 (niekorzystnych dla zdrowia) oraz kwasów tłuszczowych nienasyconych (UFA) takich jak: C18:1n9t i C18:2n6c (korzystnie wpływających na zdrowie). Zanotowano również najczęstszy istotny ($p < 0,05$, $p \leq 0,01$) związek fazy laktacji oraz wieku krów badanych ras z zawartością takich kwasów SFA jak: C8:0, C14:0, C16:0, C17:0, C18:0 oraz następujących pożądaných w diecie kwasów UFA: C16:1, C18:1n7t, C18:1n8c (11c), C18:1n9t, CLA, C18:3n3.

Stwierdzono, iż tłuszcz mleczny krów rasy ZR (wariant genotypowy AA i A/G SNP g.16024A/G oraz AA i A/C SNP g.16060A/C) i RP (wariant genotypowy T/C SNP g.16039T/C) często wykazywał korzystniejszy dla zdrowia ludzi profil kwasów tłuszczowych niż tłuszcz mleczny krów rasy RW. W przypadku SNP g.841G/C najlepsze walory dietetyczne mleka związane były z genotypem GG rasy RP. Z kolei warianty genotypowe AA i GG rasy RW, A/G rasy RP oraz A/G i AA rasy ZR SNP g.17924A/G genu FASN związane były z najkorzystniejszym profilem kwasów tłuszczowych. Wykazano, iż mleko krów RP pochodzące z trzeciej fazy laktacji oraz produkowane przez krowy młodsze (1. – 3. laktacja) było najlepszym z uwagi na najbardziej korzystny profil kwasów tłuszczowych w porównaniu do pozostałych badanych ras krów.

Słowa kluczowe: SNP, FASN, kwasy tłuszczowe, laktacja, wiek krów, mleko, bydło

Paulina Popyłowska

Mgr Paulina Przybylska

Institute of Animal Husbandry

Department of Cattle Breeding and Milk Production

Faculty of Biology and Animal Breeding

Title: Selected single nucleotide polymorphisms (SNPs) of the FASN gene and other factors influencing the composition and fat content of cows' milk

Abstract

The fat content and fatty acid profile in cow's milk are influenced by both genetic factors (including breed, gene polymorphism) and environmental factors (including lactation phase and age of cows). In the regulation of *de novo* biosynthesis of long-chain fatty acids, a special role is played by the expression of the FASN gene (fatty acid synthase) and single nucleotide polymorphisms (SNPs) of the FASN gene such as: g.841G/C (rs41920005), g.16024A/G (rs208645216), g.16039T/C (rs209734560), g.17924A/G (rs41919985). In the available literature, the effect of the SNP g.16060A/C (rs211379310) on the fat composition of cow's milk has not yet been well studied, which is why it was included in the study.

The aim of the study was to determine the effect of five SNPs of the FASN gene (along with their genotypic variants) on the fat content and fatty acid profile of milk from three cow breeds: Polish Red-and-White (ZR), Polish Red (RP) and Polish Holstein Friesian Red-and-White (RW). In addition, the frequencies of genotypes of each of the five studied SNPs of the FASN gene were determined in all three cattle breeds studied. An additional aim of the study was to determine the effect of environmental factors such as lactation phase and cows' age on the fat content and fatty acid profile of milk from three cow breeds studied.

Milk samples for the study were obtained during the test milking of cows. SNPs genotyping was performed using the PCR-HRM method. Fat content in milk and fatty acid profile were determined using gas chromatography with FID detector. The Kolmogorov-Smirnov test was used to verify the normality of the distribution of the analyzed variables. Multifactorial analysis of variance and Bonferroni's post-hoc multiple comparison tests were used to verify the significance of differences. All analyses were performed using the Statistica v.13.1 package.

The conducted studies demonstrated the most frequent significant association ($p < 0.05$, $p \leq 0.01$) of the analysed SNPs (along with specific genotypes) with the content of saturated fatty acids (SFA) such as: C10:0 and C18:0 (unfavorable for health) and unsaturated fatty

acids (UFA) such as: C18:1n9t and C18:2n6c (beneficial for health). The most frequent significant ($p < 0,05$, $p \leq 0,01$) relationship was noted between the lactation phase and age of cows of the studied breeds and the content of SFA acids such as: C8:0, C14:0, C16:0, C17:0, C18:0 and the following desirable UFA acids in the diet: C16:1, C18:1n7t, C18:1n8c (11c), C18:1n9t, CLA, C18:3n3.

It was found that milk fat of ZR cows (genotype variant AA and A/G SNP g.16024A/G and AA and A/C SNP g.16060A/C) and RP cows (genotype variant T/C SNP g.16039T/C) often showed a more beneficial fatty acid profile for human health than milk fat of RW cows. In the case of SNP g.841G/C, the best dietary values of milk were associated with the GG genotype of the RP breed. In turn, genotype variants AA and GG of the RW breed, A/G of the RP breed and A/G and AA of the ZR SNP g.17924A/G breed of the FASN gene were associated with the most favorable fatty acid profile. It was shown that milk of RP cows from the third phase of lactation and produced by younger cows (1st - 3rd lactation) was the best due to the most favorable fatty acid profile in comparison to the other cow breeds studied.

Key words: SNP, FASN, fatty acids, lactation, cows' age, milk, cattle

Paulina Szpytka