

Koń jako gatunek udomowiony towarzyszy człowiekowi od około 5500 lat, a badania wykopaliskowe wskazują, że jednym z pierwszych typów użytkowania tego gatunku było użytkowane mleczne. W późniejszym okresie, ze względu na powszechne wykorzystywanie bydła, jako wysokowydajnego źródła mleka, mleko pochodzące od klaczy w większości krajów świata popadło w zapomnienie. Tymczasem, współczesna wiedza dotycząca składu mleka koni oraz jego właściwości prozdrowotnych powoduje, że zainteresowanie tym cennym surowcem zaczyna się na nowo odradzać. Pomimo faktu, iż zainteresowanie mlekiem klaczy jako surowcem spożywczym jest stosunkowo nowym zjawiskiem w europejskim kręgu kulturowym, w krajach azjatyckich jest ono spożywane bez przerwy od wielu wieków, ze względu na tradycje wytwarzania kumysu - niskoalkoholowego napoju na bazie sfermentowanego mleka. W krajach europejskich oraz w USA coraz większą wagę poświęca się mleku klaczy, jako środkowi wspomagającemu leczenie schorzeń wątroby, żołądka, woreczka żółciowego, trzustki, a także chorób układu oddechowego: gruźlicy, krztuśca chronicznego, zapalenia oskrzeli oraz astmy. Między innymi z tego względu, coraz prężniej rozwijają się farmy specjalizujące się w produkcji mleka końskiego. Przykładem tego typu działalności może być niemiecka stadnina Haflinger Gestüt Meura, gdzie mleko dojone jest mechanicznie, a sprzedaż samego mleka jak i jego pochodnych (kosmetyki, likiery itp.) cieszy się dużym zainteresowaniem. Mleko klaczy pod względem chemicznym cechuje się składem podobnym do mleka kobycego i odmiennym do mleka krowiego. Z tego też względu jest ono traktowane coraz częściej jako wartościowy substytut mleka kobycego (zwłaszcza dla dzieci z alergią na białka mleka krowiego). Mleko kobyłe, cechuje się wysoką zawartością laktozy oraz niskim poziomem tłuszczu. We frakcji białkowej mleka klaczy na szczególną uwagę zasługuje niski poziom kazein (uważanych za jedne z ważniejszych alergenów mleka) oraz wysoki w stosunku do innych gatunków, poziom białek o charakterze bioaktywnym – lizozymu i laktoferyny. Badania prowadzone na przeżuwaczach wskazują na istnienie związku polimorfizmów białek mleka (w tym  $\beta$ -laktoglobuliny i  $\alpha$ -laktoalbuminy) z ich alergiennością oraz ze zmiennością cech składu mleka i wydajnością mleczną. Brak danych literaturowych dotyczących podobnych zależności dla konia domowego oraz wzrost zainteresowania mlekiem klaczy skłaniają do dokładnej analizy asocjacji polimorfizmów genów kodujących białka serwatkowe mleka klaczy z poziomem ich ekspresji oraz ze zmiennością cech składu mleka. **Hipoteza badawcza** projektu zakłada związek polimorfizmów genów kodujących białka serwatkowe mleka klaczy z poziomem ich ekspresji, czego efektem mogą być, obserwowane w dotychczasowych badaniach, różnice między- i wewnątrzrasowe w składzie mleka. **Celem niniejszego projektu jest** analiza molekularna genów kodujących najpowszechniej występujące białka serwatkowe mleka konia domowego (LALBA, LGB1 i LGB2) obejmująca poszukiwanie polimorfizmów w ich częściach strukturalnych (eksony i introny) oraz ocena ich rozprzestrzenienia w różnych rasach koni. Ponadto na podstawie analiz bioinformatycznych planuje się wytypować polimorfizmy zlokalizowane w miejscach potencjalnie ważnych z punktu widzenia regulacji ekspresji genów. Polimorfizmy te zostaną poddane badaniom asocjacyjnym z poziomem transkryptów i białek w mleku klaczy (wykorzystanie wyników uzyskanych w ramach projektu NCN SONATA, kierowanego przez dr Jakuba Cieślaka z Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu). Koń jako gatunek udomowiony, towarzyszący człowiekowi od ok. 3500 roku p.n.e cechuje się wyjątkową różnorodnością fenotypową, będącą efektem wielowiekowej, ukierunkowanej na osiągnięcie konkretnego celu hodowlanego selekcji. Mimo, iż sekwencja nukleotydowa konia domowego znana jest stosunkowo długo, to do dnia dzisiejszego nie udało się w pełni opisać na poziomie DNA molekularnego podłoża wspomnianego powyżej dużego zróżnicowania fenotypowego gatunku *Equus caballus*. Niniejszy projekt ma przyczynić się do poszerzenia wiedzy z zakresu genetyki molekularnej, w odniesieniu do genów kodujących najważniejsze białka serwatkowe występujące w mleku klaczy. Uzyskane wyniki dotyczące potencjalnych związków polimorfizmów z poziomem ekspresji genów, mogą w przyszłości przyczynić się do opisanego markerów genetycznych związanych ze składem mleka, które to z kolei mogą, zostać wykorzystane w selekcji mającej na celu pozyskiwanie surowca o jak najbardziej pożądanym składzie w kontekście wykorzystania go do celów konsumpcyjnych oraz jako surowiec w przemyśle kosmetycznym i farmaceutycznym, a także z punktu widzenia hodowlanego ze względu na korelację składu mleka klaczy z poprawą parametrów odchowu źrebiąt. Jednak podstawowym celem projektu jest przyczynienie się do lepszego zrozumienia mechanizmów regulacji ekspresji genów w gruczole mlekowym klaczy oraz wyjaśnienie molekularnych przyczyn występowania istotnych wewnątrz- i międzyrasowych różnic w składzie mleka koni. Z dotychczasowych badań własnych dotyczących polimorfizmu regionów 5'-flankujących genów LALBA, LGB1, LGB2 oraz ich ekspresji wynika, że istnieją znaczące różnice w poziomie mRNA i białka zarówno w obrębie rasy jak i pomiędzy rasami koni. Wstępne badania wykazały istotny wpływ rasy i fazy laktacji na poziom mRNA i białek w badanych próbach. Brak spektakularnych wyników asocjacji polimorfizmów w regionie 5'-flankującym z poziomem ekspresji genów, przy jednoczesnym dużym wewnątrz- i międzyrasowym zróżnicowaniu poziomu mRNA i białka dla analizowanych genów może sugerować istnienie polimorfizmów funkcjonalnych w części strukturalnej analizowanych genów (eksony i introny).