

A szarvasmarha motilin gén mutációjának funkcionális vizsgálata

11. A projekt nem szakmai jellegű összefoglalója

A tejelő szarvasmarha állományok gyakori betegsége az oltógyomor bal oldalra történő helyzetváltoztatása. Ez a betegség főleg a jól tejelő, intenzív tartástechnológia mellett tartott Holstein-Fríz állatokat érinti, leginkább az ellést követő hónapokban. Az oltógyomor helyzetváltozása miatt az állat folyadékhiánytartása felborul, emésztése megváltozik, amelyek következtében az állat lefogyása és jelentős termelés kiesés következik be. A betegség műtéti beavatkozást igényel, amely növeli a telep költségeit. Hazai és nemzetközi viszonylatban is egyre nő az oltógyomor helyzetváltoztatásának következtében kialakult betegségek száma, ez mutatja, hogy szükség van a betegség pontos genetikai hátterének a megértésére.

A betegség kialakulása vélhetően köthető egy mutációhoz, amit a szarvasmarha motilin nevű génjében azonosítottak. Ugyanakkor ez a valószínűsíthető összefüggés még állatkísérletben nem nyert bizonyítást. A kísérleti munka célja, hogy bizonyítsa vagy megcáfolja azt a feltételezést, hogy a mutáció összefüggésben áll a betegség kialakulásával. Ehhez olyan állatmodell rendszert fogunk kialakítani, amelyben jelen van a motilin gén adott régiója a vad típusú, illetve a mutáns formában. Ebben a rendszerben képesek leszünk vizsgálni, hogy a mutáció megléte befolyásolja-e a motilin gén működését.

Ezekhez a vizsgálatokhoz két transzgenikus egérvonal előállítására van szükség. A vonalak előállítása előtt sejtenyészési munkák segítségével szeretnénk választ kapni különböző egyszerűbb felvetésekre a gén működését illetően. Ezek a sejtenyészési munkák helyettesítenek bizonyos állatokkal végzett kísérleteket. Az állatkísérleteinkhez két laboratóriumi egértörzset használunk fel. Az embriókat szuperovuláltatással nyerjük, így csökkentve a kísérleti állatok számát. A transzgenézishez olyan új, harmadik generációs módszereket használunk, amelyek a hagyományos módszerekhez képest jobb hatékonyságot biztosítanak. A genetikai módosítást tartalmazó egerekből két vonalat alakítunk ki. Állatkísérleteinkben 184 egeret használunk fel három év alatt. A kialakított mutáns és vad típusú egérvonalakban összehasonlítjuk a transzgen működését, illetve a termelődő fehérje mennyiségét. Ha a fehérjék termelődésében valamiféle különbséget tapasztalunk, akkor kísérletesen is bizonyítani tudnánk, hogy a mutációnak szerepe van a szarvasmarhák oltógyomrának balra helyeződésében.

Amennyiben az állatkísérletekkel képesek leszünk bizonyítani, hogy a mutáció hajlamosít a betegségre, úgy lehetőség lesz olyan szarvasmarha szelekciós programokat kialakítani, amelyek segítségével a betegség

jelentősen csökkenthető a tejelő szarvasmarha állományokban.