

FAKTORY OVLIVŇUJÍCÍ HODNOTY LINEÁRNÍHO SKÓRE POČTU SOMATICKÝCH BUNĚK V KRAVSKÉM MLÉCE

Jindřich Čítek¹, Michaela Brzáková², Lenka Hanusová¹, Oto Hanuš³, Libor Večerek¹, Eva Samková¹, Eva Jozová¹, Irena Hoštičková¹, Jan Trávníček¹, Karolína Hállová¹, Lucie Hasoňová¹

¹ Jihočeská univerzita v Českých Budějovicích, Zemědělská fakulta

² Výzkumný ústav živočišné výroby, Praha

³ Výzkumný ústav mlékárenský, Praha

Factors affecting linear somatic cell score in cow's milk

Abstrakt

Cílem studie bylo vyhodnotit vliv genových polymorfismů a negenetických faktorů na lineární skóre počtu somatických buněk (SCS) v mléce holštýnských (n=148) a českých strakatých dojníc (n=73) a jejich kříženců (n=6). Byly genotypovány polymorfismy v genech *CSN1S1*, *CSN2*, *CSN3*, *LGB*, *DGATI*, *LEP*, *FASN*, *SCD1* a *AGPAT6* a byla provedena asociační analýza k SCS v kravském mléce. Dále byl analyzován vliv plemene, farmy, roku, měsíce roku, pořadí a fáze laktace na SCS. Byl zjištěn významný vliv polymorfismů v genech *CSN2*, *CSN1S1* a *DGATI* na SCS. Jiné polymorfismy nebyly významné. SCS mělo významnou souvislost s kombinovaným účinkem farmy a roku, dále s vlivem fáze laktace a měsíce roku. Pořadí laktace a plemeno dojnice neměly významný vliv.

Klíčová slova: dojnice, počet somatických buněk, geny, polymorfismus, farma, laktace

Abstract

The goal of the study was to evaluate the influence of gene polymorphisms and non-genetic factors on the linear score of somatic cell count (SCS) in milk of Holstein (n=148), Czech Simmental (n=73) and crossbred (n=6) cows. The polymorphisms in genes of *CSN1S1*, *CSN2*, *CSN3*, *LGB*, *DGATI*, *LEP*, *FASN*, *SCD1* and *AGPAT6* were genotyped, and the association analysis to SCS in cow's milk was done. Additionally, the effect of breed, farm, year, month of year, parity and lactation stage was evaluated. Significant effect of polymorphisms in *CSN2*, *CSN1S1* and *DGATI* genes on the SCS was found. Other polymorphisms were not significant. SCS was significantly influenced by the combined effect of farm and year, further by lactation stage and month of the year. Lactation parity and cow's breed were not significant.

Keywords: dairy cows, somatic cell count, genes, polymorphism, farm, lactation

Úvod

Mastitida je jedním z nejvýznamnějších zdravotních problémů v chovech dojeného skotu. Způsobuje obrovské finanční ztráty v důsledku snížené produkce a kvality mléka, předčasného vyřazování dojníc a zvýšených nákladů na ošetření. Rezidua veterinárních léčivých přípravků používaná k léčbě mastitid pak mohou negativně ovlivnit zpracování mléka a lidské zdraví (Halasa et al., 2007).

Mastitida je multifaktoriální onemocnění, jehož dědivost je velmi nízká. V české populaci dojníc byla zjištěna dědivost 0,10 a opakovatelnost 0,19 (Kašná et al., 2018). Pokud se týče vlivu major genů (geny tzv. velkého účinku), byly provedeny analýzy zaměřené na identifikaci polymorfismů spojených se zdravím mléčné žlázy. Byl studován mimo jiné vliv polymorfismu v genu pro serinovou proteinázu 1 s přidruženým lektinem vázajícím manózu – (*MASP1*). Zhang et al. (2019) našli v tomto genu asociaci *g.5766A>G* s obsahem bílkovin v mléce, avšak nikoliv s obsahem tuku, dojivostí a lineárním skóre počtu somatických buněk (SCS). Jiní autoři (Pokorska et al., 2020) zjistili významný dopad polymorfismů v genu lipocalin-2 (*LCN2*) na průměrné hodnoty SCS, nikoli však na produkci mléka, obsah bílkovin, tuku a laktózy nebo výskyt mastitidy u dojníc. Další zdroj uvádí výsledky analýzy tří polymorfismů v genu *FADS2* pro desaturázu 2 (Li et al., 2020). Enzym hraje klíčovou roli v biosyntéze polynenasycených mastných kyselin a předchozí studie prokázaly, že *FADS2* byl jedním z genů s nejvíce sníženou aktivitou během negativní energetické bilance u dojníc v poporodním období. Polymorfismy v genu byly významně asociovány s dojivostí v testovacím dni, obsahem tuku a 305 denní produkcí mléka, tuku a bílkovin, obsahem bílkovin a SCS. Rovněž byl zjištěn vliv na zastoupení mastných kyselin mléčného tuku (Proskura et al., 2019). Je tedy zřejmé, že existují geny velkého účinku, které mají potenciál ovlivnit produkci mléka, zlepšit zdraví mléčné žlázy a zvýšit tak odolnost proti mastitidě.

Cílem této studie bylo vyhodnotit dopad vybraných faktorů na SCS v mléce dojníc holštýnského a českého strakatého skotu. Byly genotypovány polymorfismy v genu (*CSN1S1*) pro kasein alfa S1, genu (*CSN2*) beta-kaseinu, genu (*CSN3*) kappa-kaseinu, genu (*LGB*) beta-laktoglobulinu, genu (*DGATI*) acyl-CoA diacylglycerol transferázy 1, genu leptinu (*LEP*), genu (*FASN*) syntázy mastných kyselin, genu stearoyl CoA desaturázy 1 (*SCD1*) a genu 1-acylglycerol-3-fosfát O-acyltransferázy 6 (*AGPAT6*) a byla provedena asociační analýza.

Materiál a metodika

Analýzovanou skupinu (n=227) tvořily dojnice holštýnského (n=148), českého strakatého (n=73) plemene

a jejich kříženců ($n=6$). Dojnice byly ustájené na pěti farmách s volným ustájením a celoročně krmené jednotnou krmnou dávkou sestávající z kukuřičné siláže, travní siláže, sena a produkční krmné směsi. Dojnice byly otehlené v letech 2015–2017.

Odběry mléka byly prováděné v průběhu celého roku během dvou za sebou následujících laktací, dojnice byly na 1. až 6. laktaci. Vzorky mléka byly analyzovány v akreditované laboratoři Českomoravské společnosti chovatelů a.s. za pomoci průtokového cytometru Somacount (Bentley Instruments, Chaska, Minnesota, USA). SCS bylo vypočteno podle vzorce: $SCS = \log_2 (PSB/100\ 000) + 3$, kde PSB je počet somatických buněk v tis./ml.

DNA byla izolována ze vzorků mléka pomocí extraktoru DNA / RNA MagCore HF16 Plus (RBC Bioscience, New Taipei, Tchaj-wan). Genotypizace byla provedena metodou PCR / RFLP. Alely *B* a *C* genu *CSN1S1* byly genotypovány podle *Ardicli et al. (2018)* a *Kučerová et al. (2006)*; alely *A* a *B* genu *CSN2* podle *Medrano a Sharrow (1991)*; alely *A1* a *A2* podle *Miluchová et al. (2013)*; alely *A*, *B*, *C* a *E* genu *CSN3* podle *Barroso et al. (1998)*; alely *A*, *B* genu *LGB* podle *Strzalkowska et al. (2002)*; alely *A* (alanin) a *K* (lysin) genu *DGAT1* podle *Kuhn et al. (2004)*; alely *M* a *W* genu *LEP* podle *Buchanan et al. (2002)*; alely *A* a *G* genu *FASN* podle *Roy et al. (2006)*; alely *C* a *T* genu *SCD1* podle *Inostroza et al. (2013)*; alely *C* a *T* genu *AGPAT6* podle *Littlejohn et al. (2014)*.

Statistické analýzy byly prováděny pomocí SAS (SAS 9.3, SAS Institute, Cary, NC, USA). Soubor dat obsahoval opakovaná měření PSB transformovaných na SCS na dojnicích. Počet analyzovaných vzorků byl 300 (Tabulka 1). K analýze účinků polymorfismů a dalších účinků na SCS byl použit následující lineární smíšený model (MIXED) postup systému SAS s opakovanými měřeními) a metoda LSM:

$$SCS_{ijklmn} = \mu + CSN1S1_i + CSN2AB_j + CSN2A1A2_k + CSN3_l + LGB_m + DGAT1_n + LEP_o + FASN_p + SCD1_q + AGPAT6_r + FR_s + lak_t + m\text{ěs}_u + porlak_v + plem_w + otec_x + doj_y + e_{ijklmnopqrstuvwxy}$$

kde SCS_{ijklmn} = lineární skóre PSB; $CSN1S1_i$ = fixní efekt genotypu *CSN1S1* (třídící efekt; $i = 1, 2$); $CSN2AB_j$ = fixní efekt genotypu *CSN2AB* (třídící efekt $j = 1, 2, 3$); $CSN2A1A2_k$ = fixní efekt genotypu *CSN2A1A2* (třídící efekt $k = 1, 2, 3$); $CSN3_l$ = fixní efekt genotypu *CSN3* (třídící efekt $l = 1, \dots, 7$); LGB_m = fixní efekt genotypu *LGB* (třídící efekt $m = 1, 2, 3$); $DGAT1_n$ = fixní efekt genotypu *DGAT1* (třídící efekt $n = 1, 2$); LEP_o = fixní efekt genotypu *LEP* (třídící efekt $o = 1, 2, 3$); $FASN_p$ = fixní efekt genotypu *FASN* (třídící efekt $p = 1, 2$); $SCD1_q$ = fixní efekt genotypu *SCD1* (třídící efekt $q = 1, 2, 3$); $AGPAT6_r$ = fixní efekt genotypu *AGPAT6* (třídící efekt $r = 1, 2, 3$); FR_s = kombinovaný fixní efekt farmy a roku (třídící efekt $s = 1, \dots, 5$); lak_t = fixní efekt laktační fáze (třídící efekt $t = 1, 2, 3$ na den laktace 1-99, 100-200, 201-305); $m\text{ěs}_u$ = fixní efekt kalendářního měsíce podle vzorkování (třídící efekt $u = 1, \dots, 10$); $porlak_v$ = fixní

efekt pořadí laktace (třídící efekt $v = 1, \dots, 6$); $plem_w$ = fixní efekt plemene (třídící efekt $w = 1, 2, 3$); $otec_x$ = náhodný efekt otce dojnice; doj_y = trvalý vliv prostředí na dojnicích (opakované měření); $e_{ijklmnopqrstuvwxy}$ = náhodný reziduální efekt.

Do výpočtu byly zapojeny pouze dojnice se všemi genotypy. Model pro efekt alely byl stejný jako u genotypů, avšak místo efektu genu byla fixním efektem alela (třídící efekt $l = 1, 2, 3$ pro alely *CSN3*; $l=1, 2$ pro alely ostatních genů). Pro *post-hoc* analýzu byl použit Tukey-Kramerův test. K vyloučení falešně pozitivních výsledků byla použita Bonferroniho korekce, kdy je práh významnosti dělen počtem genů v analýze, hodnota p musí být (v našem případě) $<0,005$.

Výsledky a diskuze

Jak ukazuje Tabulka 1, významný efekt genových polymorfismů na SCS byl ojedinělý. Kromě genotypu

Tab.1 Lineární skóre počtu somatických buněk v závislosti na sledovaných genech a genotypech

Gen	Genotyp	n	LSM±SE	Efekt genotypu (p-hodnota)	Efekt alely (p-hodnota)
CSN1S1	BB	261	2,519±0,653	0,303	0,030
	BC	39	2,898±0,763		
CSN2	AA	7	1,994±1,041	0,397	0,981
	AB	108	3,092±0,630		
	BB	185	3,040±0,619		
CSN2	A1A1	27	3,407 ^{ab} ±0,771	0,019	0,263
	A1A2	110	2,206 ^b ±0,696		
	A2A2	163	2,512 ^b ±0,685		
CSN3 ¹	AA	124	2,800±0,691	0,725	A:B 0,754 A:B 0,103 B:E 0,831
	AB	141	2,511±0,674		
	AE	11	3,078±0,858		
	BB	14	2,408±0,841		
	BE	10	2,746±0,841		
LGB	AA	15	2,658±0,815	0,819	0,921
	AB	234	2,833±0,712		
	BB	51	2,635±0,711		
DGAT1	AA	274	2,644±0,692	0,770	0,024
	KA	26	2,773±0,748		
LEP	MM	217	2,856±0,685	0,786	0,975
	MW	73	2,696±0,682		
	WW	10	2,574±0,885		
FASN	AG	89	2,609±0,728	0,454	0,618
	GG	211	2,809±0,668		
SCD1	CC	94	2,796±0,694	0,877	0,937
	TC	172	2,732±0,676		
	TT	34	2,598±0,766		
AGPAT6	CC	96	2,984±0,631	0,387	0,883
	CT	200	3,168±0,583		
	TT	4	1,975±1,154		

n = počet vzorků od dojnic s příslušným genotypem; LSM = least square mean (nejmenší průměrný čtverec); SE = standard error (standardní chyba)

^{a,b} LSM s odlišnými horními indexy ve stejném sloupci ukazují statistickou významnost mezi genotypy na hladině $p < 0,05$

^{A,B} LSM s odlišnými horními indexy ve stejném sloupci ukazují statistickou významnost mezi genotypy na hladině $p < 0,01$

¹ u genu *CSN3* byla četnost genotypů *BC* a *EE* příliš nízká pro provedení analýzy

CSN2 ($p < 0,05$) nevykazovaly ostatní geny statisticky významný vliv na SCS. Rovněž efekt alel byl většinou statisticky nevýznamný, pouze rozdíly mezi alelami *B* a *C* v genu *CSN1S1*, alelami *A* a *K* v genu *DGAT1* byly statisticky významné ($p < 0,05$). V genu *CSN1S1* byla alela *B* lepší (nižší SCS) a efekt genotypu *BB* byl také lepší než *BC*, i když nevýznamně. Pokud jde o polymorfismy genu *DGAT1*, efekt genotypu i alely měly stejnou tendenci, tj. genotyp *AA* byl nevýznamně lepší než genotyp *KA* a alela *A* lepší než alela *K*. V genu *CSN2* byl vliv genotypu *A1A1* horší než genotypů *A1A2* a *A2A2*, ale tendence alelového efektu byla opačná. Rozdíl mezi alelami byl však nevýznamný a musí být interpretován opatrně.

Gen *DGAT1* kóduje příslušný enzym, který katalyzuje poslední krok syntézy triglyceridů. Sanders *et al.* (2006) uvádí, že varianta lysinu mutace genu *DGAT1* K232A vykazovala významné účinky na většinu znaků produkce mléka. Rovněž specifická alela promotoru VNTR genu *DGAT1* vykazovala ve srovnání s ostatními alelami významné účinky na vlastnosti a obsah laktózy, obsah mléčné energie a SCS.

Pro *DGAT1* Sanders *et al.* (2006) uvádějí vliv alel *K* a *A* a polymorfismu v promotoru na SCS, ale jejich haplotypy nevykazovaly významný efekt, podobně interakce polymorfismů. Mömke *et al.* (2011) poukazují na význam účinku alely *DGAT1* na produkci mléka a tuku a obsah tuku a bílkovin, ale ne pro SCS. V další práci byl zjištěn vliv polymorfismů *CSN3* na SCS (Viale *et al.*, 2017). V této souvislosti je však třeba zmínit vztah SCS k výskytu klinické mastitidy. V některých případech, i když byl uveden vliv polymorfismů některých genů na SCS, nebyl zjištěn jejich vliv na výskyt mastitid (Pokorska *et al.*, 2020).

Při použití Bonferroniho korekce nebyla hranice $p < 0,005$ překročena v žádném analyzovaném polymorfismu, potvrzuje se tak nevýznamnost jejich účinku na SCS v kravském mléce. Počet odebraných vzorků od jedné dojnice byl jeden až pět. Pokud byly z analýzy vyloučeny dojnice s pouze jedním vzorkem, lišily se výsledky od kompletního datového souboru pouze zanedbatelně (data nejsou uvedena). Celkově lze konstatovat, že zařazení některých polymorfismů do šlechtitelských programů s cílem snížit frekvenci mastitid by bylo v současné době předčasné.

Kombinovaný účinek farmy a roku byl významný a rozdíly byly značné (Tabulka 2). Tato zjištění zdůrazňují význam podmínek v konkrétních mléčných farmách, i když v našem výzkumu byl systém chovu podobný, neboť na všech farmách byly dojnice volně ustájeny a celoročně krmeny konzervovaným krmivem. Na začátku laktace bylo SCS nejnižší a poté, ve 2. a 3. fázi, vykazovalo statisticky významné zvýšení. Vliv měsíce byl rovněž významný, v dubnu byla jasná tendence ke zhoršení kvality mléka, přičemž nejlepší byl červen až srpen. Rovněž další autoři uvádějí (Dobranic *et al.*, 2008), že sezóna i měsíc měly významný vliv na PSB v mléce. Pořadí laktace a plemeno nebyly v naší práci

zjištěny jako významné, i když hodnoty SCS pro dojnice českého strakatého plemene byly nižší než hodnoty u holštýnských dojnic.

Tab. 2 Vliv vybraných faktorů na hodnoty lineárního skóre počtu somatických buněk (SCS)

Faktor	SCS (p -hodnota)
Farma x rok	0,020
Fáze laktace	0,022
Pořadí laktace	0,803
Měsíc roku	0,027
Plemeno	0,752

Závěr

Obecně byl dopad deseti polymorfismů v devíti genech na hodnoty lineárního skóre počtu somatických buněk v kravském mléce slabý, významnost vykazovaly pouze genotypy *A1A2 CSN2* a alely *CSN1S1* a *DGAT1*. Byl potvrzen rozhodující význam faremního managementu, stejně jako význam laktací fáze a měsíce roku. Efekt pořadí laktace a plemene nebyly statisticky významné.

Poděkování

Tento výzkum byl podpořen Ministerstvem zemědělství ČR, projekty QJ1510336 a MZe-RO0719 a dále Grantovou agenturou Jihočeské univerzity, projektem GAJU 028/2019/Z.

Seznam literatury

- ARDICLI S., SOYUDAL B., SAMLI H., DINCEL D., BALCI F. (2018): Effect of *STAT1*, *OLR1*, *CSN1S1*, *CSN1S2* and *DGAT1* genes on milk yield and composition traits of Holstein breed. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 47, 1–9.
- BARROSO A., DUNNER S., CAÑÓN, J. (1998): Technical note: Detection of bovine kappa-casein variants *A*, *B*, *C* and *E* by means of polymerase chain reaction-single strand conformation polymorphism (PCR-SSCP). *Journal of Animal Science*, 76, 1535–1538.
- BUCHANAN F. C., FITZSIMMONS C. J., VAN KESSEL A. G., THUE T. D., WINKELMAN-SIM D. C., SCHMUTZ S. M. (2002): Association of a missense mutation in the bovine leptin gene with carcass fat content and leptin mRNA levels. *Genetics Selection Evolution*, 34, 105–116.
- DOBRAŇIČ V., NJARI B., SAMARDŽIJA M., MIKOVIČ B., RESANOVIČ R. (2008): The influence of the season on the chemical composition and the somatic cell count of bulk tank cow's milk. *Veterinarski Arhiv*, 78, 235–242.
- HALASA T., HUIJPS K., ØSTERDS O., HOVEGEEN H. (2007): Economic effects of bovine mastitis and mastitis management: A review. *Veterinary Quarterly*, 29, 18–31.
- INOSTROZA K. B., SCHEUERMANN E. S., SEPULVEDA N.A. (2013): Stearoyl CoA desaturase and fatty acid synthase gene polymorphisms and milk fatty acid composition in Chilean Black Friesian cows. *Revista Colombiana De Ciencias Pecuarias*, 26, 263–269.
- KAŠNÁ E., ZAVADILOVÁ L., ŠTÍPKOVÁ M. (2018): Genetic evaluation of clinical mastitis traits in Holstein cattle. *Czech Journal of Animal Science*, 63, 443–451.
- KUČEROVÁ J., MATĚJČEK A., JANDUROVÁ O.M., SØRENSEN P., NĚMCOVÁ E., ŠTÍPKOVÁ M., KOTT T., BOUŠKA J., FRELICH J. (2006): Milk protein genes *CSN1S1*, *CSN2*, *CSN3*, *LGB* and their relation to genetic values of milk production parameters in Czech Fleckvieh. *Czech Journal of Animal Science*, 51, 241–247.

- KUHN C., THALLER G., WINTER A., BININDA-EMONDS O. R. P., KAUPE B., ERHARDT G., BENNEWITZ J., SCHWERIN M., FRIES R. (2004): Evidence for multiple alleles at the *DGAT1* locus better explains a quantitative trait locus with major effect on milk fat content in cattle. *Genetics*, 167, 1873–1881.
- LI M., GAO Q., WANG M., LIANG Y., SUN Y., CHEN Z., ZHANG H., KARROW N. A., YANG Z., MAO Y. (2020): Polymorphisms in fatty acid desaturase 2 gene are associated with milk production traits in Chinese Holstein cows. *Animals*, 10, 671.
- LITTLEJOHN M. D., TIPLADY K., LOPDELL T., LAW T. A., SCOTT A., HARLAND C., SHERLOCK R., HENTY K., OBOLONKIN V., LEHNERT K., MACGIBBON A., SPELMAN R. J., DAVIS S. R., SNELL R. G. (2014): Expression variants of the lipogenic *AGPAT6* gene affect diverse milk composition phenotypes in *Bos taurus*. *Plos One*, 9, 1–12.
- MEDRANO J. F., SHARROW L. (1991): Genotyping of bovine beta-casein loci by restriction site modification of polymerase chain reaction (PCR) amplified DNA. *Journal of Dairy Science*, 74, 282.
- MILUCHOVÁ M., GÁBOR M., TRAKOVICKÁ A. (2013): Analysis of Slovak Spotted breed for bovine beta casein *A1* variant as risk factor for human health. *Acta Biochimica Polonica*, 60, 799–801.
- MÖMKE S., BRADE W., DISTL O. (2011): Co-segregation of quantitative trait loci (QTL) for milk production traits and length of productive life with QTL for left-sided displacement of the abomasum in German Holstein dairy cows. *Livestock Science*, 140, 149–154.
- POKORSKA J., KUŁAJ D., OCHREM A. (2020): Impact of bovine lipocalin-2 haplotype on milk composition, somatic cell score and incidence of mastitis in Polish Holstein-Friesian cattle. *Journal of Applied Animal Research*, 48, 51–56.
- PROSKURA W. S., LIPUT M., ZABORSKI D., SOBEK S., YU Y.H., CHENG Y.H., DYBUS A. (2019): The effect of polymorphism in the *FADS2* gene on the fatty acid composition of bovine milk. *Archives Animal Breeding*, 62, 547–555.
- ROY R., ORDOVAS L., ZARAGOZA P., ROMERO A., MORENO C., ALTARRIBA J., RODELLAR C. (2006): Association of polymorphisms in the bovine *FASN* gene with the milk fat content. *Animal Genetics*, 37, 215–218.
- SANDERS K., BENNEWITZ J., REINSCH N., THALLER, PRINZENBERG E.-M., KÜHN C., KALM E. (2006): Characterization of the *DGAT1* mutations and the *CSN1S1* promoter in the German Angeln dairy cattle population. *Journal of Dairy Science*, 89, 3164–3174.
- STRZALKOWSKA N., KRZYZEWSKI J., ZWIERZCHOWSKI L., RYNIOWICZ Z. (2002): Effects of κ -casein and β -lactoglobulin loci polymorphism, cows' age, stage of lactation and somatic cell count on daily milk yield and milk composition in Polish Black-and-White cattle. *Animal Science Papers and Reports*, 20, 21–35.
- VIALE E., TIEZZI F., MARETTO F., DE MARCHI M., PENASA M., CASSANDRO M. (2017): Association of candidate gene polymorphisms with milk technological traits, yield, composition, and somatic cell score in Italian Holstein-Friesian sires. *Journal of Dairy Science*, 100, 7271–7281.
- ZHANG H., WEI Y., ZHANG F., LIU Y., WANG H., LI Y., LI G. (2019): Polymorphisms of mannose-binding lectin-associated serine protease 1 (*MASP1*) and its relationship with milk performance traits and complement activity in Chinese Holstein cattle. *Research in Veterinary Science*, 124:346–351.

Kontaktní adresa: prof. Ing. Jindřich Čítek, CSc.,
Katedra genetiky a zemědělských biotechnologií,
Zemědělská fakulta, Jihočeská univerzita
v Českých Budějovicích, Studentská 1668,
370 05 České Budějovice, e-mail: citek@zf.jcu.cz

Přijato do tisku: 31. 8. 2021
Lektorováno: 27. 9. 2021

PREBIOTICKÁ AKTIVITA POLYSACHARIDOVÝCH FRAKČÍ IZOLOVANÝCH Z BIOMASY MIKROŘASY *CHLORELLA* *VULGARIS*

**Kateřina Mazancová¹, Gabriela Krausová²,
Ivana Hyršlová², Tamilla Mirzayeva¹, Roman Bleha¹,
Tomáš Brányik¹**

¹ Vysoká škola chemicko-technologická v Praze, fakulta
potravinářské a biochemické technologie

² Výzkumný ústav mlékárenský s.r.o., Praha

Prebiotic activity of fractions from alga *Chlorella vulgaris*

Abstrakt

Práce se zaměřuje na izolaci frakcí z biomasy řasy *Chlorella vulgaris*, jejich charakterizaci pomocí infračervené spektroskopie. Dále byla sledována prebiotická aktivita získaných frakcí, a to, na základě stanovení růstu tří kmenů z rodu *Lactobacillus* denzitometricky a na základě produkce kyseliny mléčné a octové v médiích s přidávkem těchto frakcí. Významnou prebiotickou aktivitu projevila frakce s označením F3, která stimulovala růst testovaných kmenů nejvíce, což bylo potvrzeno i vysokou produkcí organických kyselin. Tato frakce byla získána promytím řasové biomasy organickými rozpouštědly, následnou extrakcí horkou vodou a částečným enzymatickým odstraněním proteinů. V porovnání s ostatními frakcemi obsahovala nejvyšší podíl polysacharidů. Z naměřených spekter pomocí FTIR spektroskopie je patrné, že se jedná převážně o škrob, zásobovací polysacharid řas a vyšších rostlin. Pokud jde o metabolickou aktivitu testovaných laktobacilů, byla v médiích s přidávkem řasových frakcí zaznamenána vyšší produkce kyseliny octové. Její možný vliv na senzorycké vlastnosti fermentovaných mléčných výrobků s přidávkem řasových frakcí bude třeba ověřit.

Klíčová slova: *Chlorella vulgaris*, frakce, bakterie rodu *Lactobacillus*, prebiotická aktivita

Abstract

The work focuses on the isolation of fractions from the biomass of the alga *Chlorella vulgaris*, their characterization by using infrared spectroscopy. Furthermore, the prebiotic activity of the obtained fractions was evaluated on the basis of the growth of three strains of the genus *Lactobacillus* determined densitometrically and on the basis of the production of lactic and acetic acid in the media with the added fractions. Significant prebiotic