

Streszczenie rozprawy doktorskiej mgr inż. Joanny Grzegorzczak pt.:

„Charakterystyka struktury populacji oraz identyfikacja unikalnych cech genomu gęsi Białej Kołudzkiej®.”

Promotor: dr hab. Maria Oczkiewicz prof. IZ.

Data sporządzenia streszczenia: 27.08.2021.

Praca wykonana w Instytucie Zootechniki, Państwowym Instytucie Badawczym.

Hodowla gęsi w Polsce stała się ważną i ciągle rozwijającą się gałęzią przemysłu drobiarskiego. Obecnie gęś jest istotnym zwierzęciem gospodarskim, a jej hodowla jest rozpowszechniona na całym świecie, dzięki doskonałym właściwościom mięsa i pierza. W Polsce gęsi są objęte krajowym programem ochrony zasobów genetycznych zwierząt i utrzymywane w 14 rasach zachowawczych. Ponadto, jedną z najważniejszych ras handlowych jest gęś Biała Kołudzka®, pierwotnie wyhodowana w Instytucie Zootechniki PIB, stanowiąca obecnie około 98% populacji gęsi w Polsce. Jednakże profil genetyczny różnych ras gęsi oraz zmienność w ich obrębie nie zostały dokładnie zbadane, a możliwości najczęściej stosowanych narzędzi molekularnych jest silnie ograniczona u organizmów z wciąż nie w pełni opracowaną sekwencją genomu referencyjnego, do których należy gęś. Zatem można wnioskować, że polska populacja gęsi jest interesującym materiałem do badań różnorodności genetycznej oraz genetyki populacji, co więcej stanowi rezerwar wciąż nie odkrytych zasobów genetycznych. W celu charakterystyki polskiej populacji gęsi wybrano dwie metody molekularne: badanie *loci* mikrosatelitarnych oraz markerów polimorfizmu pojedynczego nukleotydu (SNP-ang. *single nucleotide polymorphism*). Metody te okazały się cennymi narzędziami pozwalającymi określić strukturę populacji, filogenezę i różnorodność rasową wielu gatunków.

W pierwszym etapie przebadano panel 15 *loci* mikrosatelitarnych, potwierdzając polimorficzność wybranych markerów oraz wykazując ich przydatność do badań genetyki populacji. W przeprowadzonych badaniach po raz pierwszy przebadano populację gęsi hodowanych w Polsce wykorzystując program Structure, dzięki czemu zaobserwowano wysoki stopień zróżnicowania w badanej populacji oraz brak wyraźniej odrębności rasowej. Następnie

po raz pierwszy u gęsi wykorzystano innowacyjną metodę genotypowania przez sekwencjonowanie (GBS-ang. *genotyping by sequencing*) w celu wytypowania polimorfizmów typu SNP, które mogłyby stanowić markery genetyczne pozwalające na rozróżnienie międzyrasowe tego gatunku. Nasze badania dowiodły, że GBS jest użytecznym narzędziem genetyki populacji, służącym do wykrywania polimorfizmów i analizy zróżnicowania genetycznego gatunków innych niż modelowe. Porównanie obu metod badawczych wykazały, że SNP uzyskane z analizy GBS mają większy potencjał niż markery mikrosatelitarne do wykrywania zróżnicowania genetycznego polskich gęsi. Uchwycono pewne wzorce zmienności, które odzwierciedlają pochodzenie geograficzne ras. Niemniej jednak przeprowadzone badania nie pozwoliły na identyfikację unikalnych cech genomu gęsi Białej Kołudzkiej®, a przeciwnie wskazały na brak wyraźniej odrębności rasowej na poziomie genetycznym. Przepuszczalnie, wraz z postępowaniem prac hodowlanych różnice na poziomie genetycznym pomiędzy rasą Białą Kołudzką®, a pozostałymi rasami będą coraz wyraźniejsze. Zidentyfikowane w badaniu markery: 791 nowych SNP o wysokiej jakości, w tym polimorfizmy w genie EDAR (ang. *Ectodysplasin A receptor-receptor* ektodysplazyny A), który jest odpowiedzialny za rozwój piór, będą przydatne w przyszłym monitoringu genetycznym populacji gęsi hodowanych w Polsce i na świecie.