

Streszczenie rozprawy doktorskiej mgr Igora Jasielczuka pt.:

„Wykorzystanie markerów SNP do identyfikacji przynależności rasowej bydła”

Promotor: dr hab. Tomasz Ząbek, prof. IZ.

Promotor pomocniczy dr hab. Artur Gurgul, prof. UR.

Data sporządzenia streszczenia: 23.10.2020.

Praca wykonana w Instytucie Zootechniki, Państwowym Instytucie Badawczym.

Wraz z coraz częściej występującymi kryzysami żywnościowymi (np. epidemia gąbczastej encefalopatii bydła, ptasia i świńska grypa, afrykański pomór świń) oraz próbami fałszerstw w etykietowaniu cennych jakościowo produktów pochodzenia zwierzęcego, wzrasta zapotrzebowanie na molekularne (w tym genetyczne) metody umożliwiające identyfikację osobniczą bądź rasową zwierząt gospodarskich. Jednym z narzędzi dostarczających wysokiej jakości danych odnośnie markerów genetycznych są mikromacierze SNP (*ang. single nucleotide polymorphism*), jednak ich wadą są koszty i czasochłonność zarówno prac laboratoryjnych jak i późniejszych analiz obliczeniowych, co w znacznym stopniu ogranicza możliwość ich wykorzystania w rutynowych badaniach produktów zwierzęcych. Niemniej jednak, dane otrzymane z wykorzystaniem mikromacierzy mogą być użyte do opracowania minimalnego zbioru markerów SNP umożliwiającego identyfikację rasy, który mógłby być efektywnie wykorzystany w praktyce hodowlanej i identyfikacji przynależności rasowej niektórych nieprzetworzonych produktów zwierzęcych.

W niniejszej pracy doktorskiej, wykorzystując wybrane metody selekcji markerów i dane genotypowe osobników przynależących do dziesięciu ras bydła uzyskane z wykorzystaniem mikromacierzy Illumina BovineSNP50, opracowano niewielkie zbiory najbardziej informatywnych markerów SNP, których przydatność do efektywnego i pewnego przypisania badanych osobników do rasy pochodzenia sprawdzono za pomocą trzech algorytmów alokacji zaimplementowanych w programie GeneClass 2. Badane rasy obejmowały zarówno rasy lokalne, objęte programami ochrony zasobów genetycznych jak

i rasy wysokoprodukcyjne o ogólnoświatowym zasięgu. Dla wszystkich testowanych metod selekcji markerów (delta oraz dwa warianty F_{ST}) zastosowano dwa odrębne podejścia metodyczne doboru markerów oraz utworzono trzy panele markerów liczące odpowiednio 96, 192 i 288 SNP celem określenia minimalnej liczby markerów wymaganej dla efektywnego rozróżnienia badanych ras. Dla wszystkich stworzonych paneli markerów dokonano charakterystyki dotyczącej dystrybucji wyselekcjonowanych SNP w genomie oraz udziału SNP wspólnych dla wszystkich stworzonych zbiorów. Ponadto, zbadano przydatność najefektywniejszych paneli markerów do oceny struktury i zróżnicowania genetycznego analizowanych ras.

Za pomocą wszystkich trzech algorytmów umożliwiających alokację osobników do rasy pochodzenia wykazano, że opracowane w niniejszej pracy podejście metodyczne doboru markerów umożliwiło identyfikację SNP o większej sile dyskryminacji analizowanych ras była niż dotychczas stosowane podejścia. Wszystkie trzy testowane algorytmy umożliwiające alokację osobników do rasy pochodzenia działały efektywnie w oparciu o opracowane zbiory markerów. W stosunku do polskich ras zachowawczych, rasy wysokoprodukcyjne były sprawniej przydzielane do rasy pochodzenia i osiągały wyższe wartości wszystkich zastosowanych wskaźników oceny efektywności alokacji. Przeprowadzone analizy w zakresie genomowej dystrybucji wyselekcjonowanych markerów wykazały, że chromosom szósty byłaby charakteryzuje się zdecydowanie największym udziałem markerów SNP o największej sile dyskryminacji pomiędzy analizowanymi rasami byłaby. Ponadto, zaobserwowano duży udział wspólnych markerów SNP pomiędzy wszystkimi panelami wyselekcjonowanymi za pomocą większości testowanych metod. Analiza przydatności utworzonych zbiorów markerów, na podstawie których działały najefektywniejsze metody alokacji do określania zróżnicowania genetycznego wewnątrz oraz pomiędzy badanymi rasami byłaby wykazała, że dla większości przetestowanych parametrów uzyskane wyniki były zadowalające i porównywalne z całogenomowym panelem markerów SNP.

Podsumowując, przeprowadzone analizy wskazały na możliwość wykorzystania podzbiorów SNP pochodzących z mikromacierzy genotypowych średniej gęstości do rozróżniania wybranych ras byłaby utrzymywanych w Polsce oraz analizy ich struktury genetycznej. Badania wykazały także, że otrzymane wyniki w dużej mierze zależą od stopnia konsolidacji ras i są zaburzane w przypadku niedawnego przepływu genów pomiędzy rozróżnianymi populacjami.