

Streszczenie rozprawy doktorskiej mgr inż. Małgorzaty Miszczak

pt: „**Opracowanie metod identyfikacji gatunkowej i osobniczej psów (*Canis familiaris*) w oparciu o analizę mtDNA oraz mikrosatelitarnego DNA**“

wykonanej pod kierunkiem dr hab. Anny Radko, prof. IZ PIB

Analiza mikrosatelitarnego DNA u zwierząt domowych wykorzystywana jest m. in. w kontroli rodowodów. Szczególnie u psów, gatunku bardzo silnie związanego z człowiekiem, identyfikacja osobnicza ma istotne znaczenie nie tylko w hodowli, ale również w sprawach kryminalnych.

W prezentowanej pracy określono przydatność do celów identyfikacyjnych podstawowego i uzupełniającego panelu STR rekomendowanego przez ISAG. Ponadto przeprowadzono analizę zastosowania do identyfikacji gatunkowej specyficznych dla psa domowego sekwencji mitochondrialnego rybosomalnego białka 12Sp.

Przebadano 612 osobników zaliczanych do dziewięciu ras psów: Labrador Retriever, Golden Retriever, owczarek podhalański, owczarek niemiecki, wilczarz irlandzki, Yorkshire Terrier, Yorkshire Terrier Biewer, buldog francuski, maltańczyk, z wykorzystaniem panelu STR zawierającego 18 *loci*: AHTk211, CXX279, REN169O18, INU055, REN54P11, INRA21, AHT137, REN169D01, AHTTh260, AHTk253, INU005, INU030, FH2848, AHT121, FH2054, REN162C04, AHTTh171, REN247M23 oraz *locus* amelogeniny. W 18 mikrosatelitarnych *loci* zidentyfikowano 196 alleli, w tym 35 alleli prywatnych, które posłużyły do przeprowadzenia populacyjnych analiz statystycznych.

Przeprowadzono walidację drugiego panelu składającego się z 18 podstawowych oraz 3 dodatkowych *loci*: AHTH130, REN64E19, REN247M23. Z wykorzystaniem poszerzonego panelu przebadano 87 osobników rasy wilczarz irlandzki.

W celu porównania skuteczności zestawów do indywidualnej identyfikacji oraz kontroli rodowodów, dla każdego panelu oszacowano siłę dyskryminacji (PD_C) oraz kumulatywne prawdopodobieństwo wykluczenia rodziców, gdy znany jest jeden rodzic (CPE_1) i gdy znani są oboje rodzice (CPE_2). Dla 18 *loci* STR prawdopodobieństwo wykluczenia CPE_1

i CPE_2 wyniosło odpowiednio 0.937982 i 0.996598, natomiast dla 21 *loci* STR odpowiednio 0.948824 i 0.997740. Kumulatywna wartość siły dyskryminacji była bliska 1 dla obu paneli.

Dokonano oceny praktycznego zastosowania rozszerzonego zestawu STR na podstawie analizy porównawczej DNA z próbek materiału biologicznego i materiału referencyjnego dostarczonego przez policję, w celu wydania opinii w sprawie dotyczącej pogryzienia. Pierwszym etapem postępowania było przeprowadzenie identyfikacji gatunkowej DNA uzyskanego z analizowanego materiału biologicznego. Następnie wyliczono prawdopodobieństwo przypadkowej zgodności – RMP, czyli prawdopodobieństwo, że przypadkowy osobnik z populacji będzie miał ten sam profil DNA jaki uzyskano w dowodowej próbce. RMP wyniosło $7,24 \times 10^{-21}$ dla zestawu 18 i $1,47 \times 10^{-26}$ dla 21 *loci* STR.

Na podstawie przeprowadzonych badań stwierdzono, że zestaw 21 *loci* STR z powodzeniem może być stosowany w rutynowych badaniach identyfikacji osobniczej oraz kontroli rodowodów psów.

Kraków, 16.04.2018r.