Streszczenie rozprawy doktorskiej mgr Agnieszki Bieniek pt.:

Charakterystyka genetyczna wybranych ras koni z zastosowaniem polimorfizmu sekwencji mikrosatelitarnych i markerów SNP

Promotor: dr hab. Anny Radko, prof. IZ
Data sporządzenia streszczenia: 29.06.2023
Praca wykonana w Instytucie Zootechniki, Państwowym Instytucie Badawczym.

Kontrola pochodzenia koni opiera się obecnie na markerach mikrosatelitarnych (STR), a ich analiza nie jest pozbawiona błędów, ze względu choćby na częstość mutacji. Z tego względu polimorfizm i zmienność genetyczna w obrębie ras czy populacji powinny być weryfikowane i monitorowane. Szczególnie rasy rodzime mogą być narażone na ograniczenie bioróżnorodności i zmienności genetycznej. Z tego względu rasy rodzime objęte programem zasobów genetycznych, takie jak koń huculski, konik polski, koń małopolski, polski koń zimnokrwisty w typie sokólskim i sztumskim, powinny podlegać monitorowaniu zmienności i użyteczności stosowanego zestawu STR do kontroli pochodzenia koni.

Projekt sekwencjonowania genomu zwierząt gospodarskich, w tym konia, dostarczył ogromnej liczby informacji o polimorficznych wariantach DNA, gdzie na szczególną uwagę zasługują polimorfizmy pojedynczych nukleotydów (SNP - ang. *Single Nucleotide Polymorphism*). Obecnie, światowe trendy w badaniach dotyczących identyfikacji osobniczej i kontroli pochodzenia wielu gatunków zwierząt skupiają się na poszukiwaniu alternatywnych i uzupełniających metod opartych na wykorzystaniu markerów SNP w miejsce stosowanych obecnie markerów STR.

Markery STR w kontroli pochodzenia koni mogą zostać w przyszłości zastąpione markerami SNP lub panel tych markerów może stać się panelem uzupełniającym w przypadkach spornych domniemanego pochodzenia. Celem proponowanych badań było określenie polimorfizmu genetycznego i ocena

efektywności obecnie stosowanego zestawu markerów mikrosatelitarnych dla wybranych ras koni, przetestowanie panelu 53 SNP oraz zaproponowanie własnego zestawu markerów SNP, a także określenie ich przydatności względem markerów STR dla wybranych ras koni.

Wysoka zmienność genetyczna zestawu 17 STR wybranych ras wykazała ich użyteczność do zastosowania w kontroli pochodzenia koni ras rodzimych, co stanowiło także podstawę do określenia poziomu zmienności i potencjalnej przydatności zaprojektowanego zestawu markerów SNP-ów. Wyniki badań dla markerów SNP wykazały możliwość przeprowadzenia genotypowania z zastosowaniem OpenArray na aparacie QuantStudio 12KFlex, a analizowane zestawy SNP (zestaw SNP 53 JPN System i własnych zestaw markerów) wykazują polimorfizm u badanych polskich ras koni.