

Streszczenie rozprawy doktorskiej mgr inż. Agnieszki Szumiec pt.:

**„Identyfikacja alleli w *loci* mikrosatelitarnych DNA wytypowanych do weryfikacji rodowodów owiec”**

Promotor: dr hab. Anna Radko, prof. IZ

Data wykonania streszczenia 26.06.2023

Praca wykonana w Instytucie Zootechniki, Państwowym Instytucie Badawczym

Markery mikrosatelitarne DNA są szeroko stosowane do oceny zmienności genetycznej wielu gatunków zwierząt, do mapowania genetycznego a także do analiz związanych z badaniami populacyjnymi, w tym określania inbrodu. Markery STR pełnią ważną rolę w identyfikacji zwierząt i kontroli rodowodów. Od 2016 roku dane rodowodowe owiec w Polsce są weryfikowane na podstawie polimorfizmu markerów mikrosatelitarnych rekomendowanych przez Międzynarodowe Towarzystwo Genetyki Zwierząt (ISAG - International Society for Animal Genetics). Rekomendowany zestaw musi cechować się uniwersalnością i nie powinien być rasowo-specyficzny, aby dla różnych populacji i ras owiec wykazywać wystarczający polimorfizm. Eliminacja z hodowli osobników o niezgodnym pochodzeniu daje gwarancję uniknięcia skutków, jakie mogłyby wyniknąć w przypadku użycia do rozrodu zwierząt niepochodzących po wartościowych, podanych w rodowodach rodzicach lub osobników ze sobą spokrewnionych. Efektem prowadzonej kontroli pochodzenia jest korygowanie błędnych rodowodów i porządkowanie hodowlanej dokumentacji zootechnicznej.

Celem prowadzonych badań była standaryzacja oznaczania alleli w markerach zalecanych do kontroli rodowodów owiec u 14 ras rodzimych: cakła podhalańskiego, wrzosówki, pomorskiej, wielkopolskiej, polskiej owcy górskiej barwnej, kamienieckiej, uhruskiej, merynosa polskiego w starym typie, polskiej owcy pogórza, żelaźnieńskiej, olkuskiej, świniarki, koridel i czarnogłówki. Szczegółowy opis struktury alleli owiec objętych Programem Ochrony Zasobów Genetycznych w Polsce, został przeprowadzony po raz pierwszy w prezentowanych badaniach. Wyniki przeprowadzonych analiz umożliwiają

oszacowanie zmienności genetycznej rodzimych ras owiec oraz monitorowanie zmian zachodzących w populacjach.

Ponadto określono polimorfizm w 12 mikrosatelitarnych *loci* oraz ich przydatność do weryfikacji pochodzenia owiec u wybranych ras. Oceniono również bioróżnorodność genetyczną badanych populacji ras owiec na podstawie markerów mikrosatelitarnych oraz określono różnice genetyczne pomiędzy tymi rasami.

W celu dokładnego oznaczenia alleli zastosowano reakcję sekwencjonowania a następnie przeprowadzono analizę liczby powtórzeń jednostki tandemowej wybranych alleli w poszczególnych *loci* w celu ustalenia drabinki allelicznej.

Wyniki przeprowadzonych badań wykazały, że panel 12 markerów mikrosatelitarnych rekomendowanych przez ISAG jest wystarczająco wiarygodny do oceny zmienności genetycznej, kontroli pochodzenia owiec i identyfikacji osobniczej.

Przedstawione parametry dotyczące stanu struktury genetycznej populacji badanych owiec wskazują na prawidłowość prowadzonych działań hodowlanych w ramach Programu Ochrony Zasobów Genetycznych oraz dają wskazówki do podejmowania dalszych kroków związanych z hodowlą cennych ras rodzimych. Wysokie wartości heterozygotyczności oraz niski poziom współczynnika inbredu wskazuje na brak ryzyka chowu wsobnego w badanej populacji owiec.

Zaobserwowano występowanie alleli prywatnych, co wskazuje na zachowanie odrębności rasowej wśród badanych owiec, w szczególności u rasy cakiel podhalański, gdzie zidentyfikowano aż 10 alleli prywatnych.

Na podstawie otrzymanych wyników stwierdzono, że przeprowadzone analizy reakcji sekwencjonowania fragmentów DNA zawierających markery mikrosatelitarne umożliwiają ustalenie liczby powtórzeń jednostki tandemowej i prawidłowe nazewnictwo alleli.