

Streszczenie rozprawy doktorskiej mgr Anny Miksza-Cybulskiej pt.:

„Wykorzystanie mikromacierzy SNP do określania zróżnicowania genetycznego krajowej populacji owiec górskich”

Promotor: dr hab. Aldona Kawęcka, prof. IZ

Data wykonania streszczenia 28.09.2022 r.

Praca wykonana w Instytucie Zootechniki, Państwowym Instytucie Badawczym

Tradycja owczarstwa górskiego w Polsce ma wielowiekową historię. Owce górskie stanowią integralny element gospodarki pasterskiej, będąc niegdyś nie tylko podstawą egzystencji lokalnej społeczności polskich Karpat, ale również ze względu na rolę, jaką pełnią obecnie w kulturze górali i kształtowaniu krajobrazu górskiego. Do owiec górskich zaliczamy obecnie trzy rasy: cakła podhalańskiego (CP), polską owcę górską (POG) i polską owcę górską odmiany barwnej (POGB). Te wszechstronnie użytkowane rasy dostarczają mleka do produkcji tradycyjnych serów, wełny, skór, a także bardzo smacznego mięsa. Rasy są doskonale przystosowane do surowych warunków klimatycznych i terenowych gór. Wypas kulturowy owiec górskich ma szczególnie znaczenie dla zachowania górskich krajobrazów oraz bioróżnorodności zbiorowisk roślinnych na terenach chronionych parków narodowych i krajobrazowych. Biorąc pod uwagę zagrożenie egzystencji owiec górskich, a jednocześnie ich wysokie walory użytkowe, przystosowanie do warunków środowiskowych polskich Karpat i szczególne znaczenie dla dziedzictwa kulturowego tych regionów, rasy objęto programem ochrony zasobów genetycznych.

Celem pracy była charakterystyka struktury genetycznej z wykorzystaniem mikromacierzy SNP trzech ras zaliczanych do grupy owiec górskich, w tym ocena wielkości, charakteru i biologicznego znaczenia genetycznych różnic pomiędzy nimi oraz określenie możliwości wykorzystania mikromacierzy SNP do monitorowania zmienności genetycznej rodzimych ras owiec i przydatności uzyskanych danych w realizacji programów ochrony zagrożonych populacji.

Materiałem doświadczalnym była krew pobrana od losowo wybranych 300 macierek należących do trzech ras rodzimych owiec górskich: CP, POG i POGB, pochodzących z dwóch różnych stad w każdej grupie rasowej.

Analizy molekularne przeprowadzono w laboratorium Zakładu Biologii Molekularnej Zwierząt Instytutu Zootechniki PIB w Balicach. Z pełnej krwi wyizolowano genomowe DNA, które poddano genotypowaniu przy użyciu mikromacierzy OvineSNP50 BeadChip (Illumina, San Diego, CA, USA). Skanowanie mikromacierzy przeprowadzono przy użyciu systemu HiSanSQ (Illumina). Genotypy zostały oznaczone za pomocą oprogramowania GenomeStudio (Illumina).

Analizy statystyczne objęły ocenę poziomu błędów genotypowania, oszacowanie wskaźników zmienności genetycznej, wizualizację zmienności i zróżnicowania genetycznego, identyfikację sygnatur różnicującej selekcji pomiędzy badanymi rasami, identyfikację sygnatur kierunkowej selekcji oraz analizę regionów genomu podlegających różnicującej bądź kierunkowej selekcji pod kątem kodowanych przez nie genów.

Przeprowadzone analizy pozwoliły na stwierdzenie istnienia różnic w strukturze genetycznej badanych populacji, mimo pewnej puli osobników o zbliżonym profilu genetycznym. Poziom heterozygotyczności był zbliżony dla wszystkich analizowanych ras, natomiast efektywna wielkość populacji polskiej owcy górskiej odmiany barwnej była najniższa wśród ocenianych owiec górskich. Wartość współczynnika inbredu badanych populacji była niska, co świadczy o braku zagrożenia chowem wsobnym i prawidłowo prowadzonej pracy hodowlanej. Porównując dystanse genetyczne F_{ST} pomiędzy badanymi rasami, odnotowano najwyższe wartości między POG i POGB, a najniższe między CP i POG.

Szczegółowe badania genomu pozwoliły na odnotowanie obecności sygnatów różnicującej selekcji, obejmujących 92 geny u cackła podhalańskiego, 90 u polskiej owcy górskiej i 100 u polskiej owcy górskiej barwnej. Ponadto, wykryto wspólny dla wszystkich ras obszar genomu podlegający presji selekcyjnej, w którym stwierdzono obecność dwóch genów (*ISPD* – gen związany z rozwojem układu nerwowego, oraz *SOSTDC1* – gen związany z morfogenezą mieszków włosowych).

Możliwość uzyskania kompleksowych informacji na temat genetycznej różnorodności badanych populacji wskazuje na przydatność mikromacierzy SNP do określenia zmienności genetycznej rodzimych ras owiec. Informacje genomowe mogą być wykorzystane w monitoringu i zarządzaniu zagrożonymi wyginięciem populacjami, które to działania są niezbędnym elementem prawidłowej realizacji programów ochrony zasobów genetycznych owiec.