

Streszczenie pracy doktorskiej mgr inż. Tomasza Szmatoły pt: „Charakterystyka ciągów homozygotyczności u wybranych ras bydła” wykonanej pod kierunkiem promotora dr hab. Tomasza Ząbka prof. IZ oraz promotora pomocniczego dr inż. Artura Gurgula.

Data sporządzenia streszczenia: 01.11.18.

Praca wykonana w Instytucie Zootechniki, Państwowym Instytucie Badawczym.

Ciągi homozygotyczności (ROH) definiowane są jako długie homozygotyczne regiony genomu powstające w wyniku odziedziczenia dwóch identycznych haplotypów od obojga rodziców. Wykazano, że analiza ciągów homozygotyczności pod kątem ich długości, ilości oraz częstości występowania w genomie pozwala na wnioskowanie odnośnie historii populacji, poziomu chowu wsobnego oraz oznaczenie sygnatur selekcji.

W niniejszej pracy doktorskiej zastosowano mikromacierze BovineSNP50 (Illumina) w celu oznaczenia ciągów homozygotyczności w genomach 11 ras bydła utrzymywanych w Polsce. Bydło to reprezentuje trzy podstawowe typy użytkowe: mleczny (HO, RW, SM, MO), mięsny (HH, CH, LM) oraz dwukierunkowy (BG, RP, ZB, ZR). Analiza ciągów homozygotyczności pozwoliła na ocenę poziomu autozygotyczności w obrębie każdej z ras celem oznaczenia genomowego współczynnika inbredu (F_{ROH}), a także na identyfikację regionów genomu o wysokiej częstości występowania ROH, które mogą odzwierciedlać ślady pozostawione w genomie pod wpływem kierunkowej selekcji.

W toku badań zaobserwowano widoczne różnice w długości oraz dystrybucji ciągów homozygotyczności w genomach analizowanych rasach bydła. Najwyższe średnie ilości oraz sumy długości ciągów homozygotyczności cechowały bydło Hereford, pośrednie wykazano dla ras holsztyńsko-fryzyjskiej odmiany czarno-białej (HO), holsztyńsko-fryzyjskiej odmiany czerwono-białej (RW), Simentaler, Limousine, Montbeliarde oraz Charolaise. Niższe wartości, natomiast, obserwowane były dla bydła ras zachowawczych RP, BG, ZR i ZB.

Ponadto, rasy bydła różniły się poziomem inbredu oszacowanym z wykorzystaniem współczynnika F_{ROH} . Najwyższe średnie wartości współczynnika F_{ROH} zaobserwowano u bydła Montbeliarde, Hereford oraz holsztyńsko-fryzyjskiego odmiany czarno-białej, co sugeruje względnie wysoki stopień spokrewnienia pomiędzy zwierzętami, oraz obniżenie poziomu zmienności genetycznej w tych rasach. Pośrednie wartości współczynnika F_{ROH}

odnotowano dla pozostałych ras produkcyjnych (RW, SM, LM, CH), natomiast niższe wartości były charakterystyczne dla bydła ras zachowawczych (RP, BG, ZR i ZB).

W regionach genomu o wysokiej częstości występowania ROH, które mogą odzwierciedlać oddziaływanie presji selekcyjnej, zaobserwowano wiele genów potencjalnie związanych z cechami produkcyjnymi podlegającymi selekcji u poszczególnych ras i typów bydła. Najważniejsze z tych genów to między innymi: *GHR*, *MSTN*, *DGAT1*, *FABP4* czy *TRH* o znanym wpływie na poziom użytkowości mlecznej i mięsnej badanych ras bydła

