

DOKTORSKÝ STUDIJNÍ PROGRAM

NÁVRH TÉMATU/PROPOSAL OF THEME

Studijní program/*Study Program*: **Zootechnika**

Studijní obor/*Branch of Study*: **Obecná zootechnika**

Katedra/*Department of*: **genetiky a šlechtění**

Školitel (včetně titulů), email/*Supervisor*, email: prof. Ing. Antonín Stratil, DrSc., stratil@iapg.cas.cz

Konzultant (včetně titulů)/*Co-supervisor*:

Forma studia/*Form of Study*: **prezenční**

Typ tématu/*Type of Theme*: **Jednorázové**

Téma/Theme:

Komparativní sekvenování regulačních oblastí kandidátních genů pro užitkové znaky u divergentních plemen prasat

Hypotéza/Hypothesis:

U značného počtu kandidátních genů prasat byly zjištěny asociace SNPs lokalizovaných v exonech nebo intronech s užitkovými znaky, ale nebyly identifikovány příčinné mutace. Cílem dizertace bude u divergentních plemen prasat lišících se v produkčních znacích hledat u vybraných genů potenciální příčinné mutace v 5' a 3' regulačních oblastech ovlivňujících expresi, a rovněž v 3' UTR, kde se mohou nacházet cílová místa pro microRNA.

Anotace/Annotation:

Produkční znaky hospodářských zvířat jsou výsledkem působení a interakce většího počtu genů. Mutace vyskytující se v kódujících sekvencích mohou měnit strukturu proteinů, a následně i ovlivňovat fyziologické funkce, a mutace v regulačních oblastech mohou ovlivňovat expresi genů. Většina studií se zaměřovala na kódující oblasti, ale prokazuje se, že variabilita v nekódujících oblastech genů se může rovněž podílet na variabilitě užitkových znaků. Zejména se jedná o regulační oblasti genů, které jsou lokalizovány v 5' "upstream" oblasti před transkripční jednotkou, v 3' "downstream" sekvenci, a rovněž v 3' UTR, kde se nacházejí cílová místa pro microRNA, které ovlivňují expresi genů.

Cílem práce bude, u divergentních plemen prasat výrazně se lišících v produkčních znacích (prase divoké, čínské plemeno meishan a vybraná evropská plemena, např. pietrain), sekvenovat regulační oblasti (5' upstream, 3' downstream a 3' UTR) vybraných kandidátních genů, u nichž byla prokázána asociace s užitkovými vlastnostmi, a v sekvencích identifikovat potenciální příčinné mutace. Z velkého počtu kandidátních genů budou vybrány takové, které jsou významné z hlediska jejich úlohy ve fyziologických funkcích a u nichž byla prokázána výraznější asociace s jatečnými znaky, např. MSTN, LEP, LEPR, FTO, PPARG, MYOG, MYOD1, MYF5, MC1R, MC4R a četné další.

Na základě dostupných sekvencí v GenBank/EMBL a Ensembl databázích budou navrženy PCR primery a získány PCR fragmenty požadovaných oblastí genů, které budou osekvenovány a sekvence analyzovány v programu Clustal Omega. Pro testování zjištěných mutací (SNP) v populacích budou vypracovány vhodné metody (např. PCR-RFLP).

Získané výsledky budou podrobeny bioinformatické analýze za využití programů dostupných na internetu: tfind.hgc.jp, případně <http://mirdb.org/>. Tak budou zjištěny pravděpodobné efekty nalezených mutací (SNP) na expresi genu a následně na realizaci produkčních znaků prasat. Po ověření by se významné mutace mohly využít v rámci MAS (marker assisted selection).

Zdroj financování/Source of: interní zdroje katedry

Datum/*Date*: 30.1.2020

Podpis/*Signature*: