



Česká zemědělská univerzita v Praze

Fakulta agrobiologie,
potravinových a přírodních zdrojů

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: Luboš Vostrý, vostry@af.czu.cz

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

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

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

Téma/Theme: Odhad genetické diverzity uvnitř a mezi plemeny druhů zvířat zařazených do genetických rezerv České republiky s využitím genealogických i molekulárně genetických informací

Hypotéza/Hypothesis: S využitím molekulárně genetických informací, v porovnání s genealogickými daty, dojde k zpřesnění odhadu genetické diverzity uvnitř a mezi plemeny druhů zvířat zařazených do genových zdrojů.

Anotace/Annotation: Využití molekulárních markerů (mikrosatelitní markéry, SNP) při genetickém hodnocení a analýze stavu genetické diverzity populací je nejvýznamnějším tématem v současnosti. U málo početných populací, kam patří i plemena zařazena do genetických zdrojů, je vysoké nebezpečí snižování genetické proměnlivosti uvnitř a mezi populacemi, které může vést až k zániku plemene. Také výskyt příbuzenské plemenitby většinou vede k nežádoucí inbrední depresi, která se především projevuje u vlastností spojené s fitness a reprodukci. Šlechtění zvířat se zabývá problematikou genetického hodnocení, kam patří i hodnocení genetické proměnlivosti v populaci. Genetická proměnlivost je definovaná, jako proměnlivost různých alel a genotypů, které se nacházejí v populaci. Proměnlivost v genofondu v průběhu času odráží změnu frekvencí genotypů, které jsou úzce spojeny s evolucí daného plemene. V chovu málopočetných populací jsou genealogické informace důležité pro hodnocení genetické proměnlivosti. Výsledky rodokmenových a molekulárně genetických analýz poskytují očekávané hodnoty nárůstu homozygotnosti a snížení heterozygotnosti v celé populaci a mohou být považovány za dobrou strategii pro sledování vývoje populace. Populační analýzy dále umožňují posoudit úroveň inbreedingu v populaci a strukturu sledované populace. Výsledky populačně-genetických analýz mohou zaznamenat možné ztráty geneticky významných alel, které by se mohly potenciálně v málopočetných populacích objevit. Při hodnocení budou zohledněny všechny dostupné informace, získané jak na základě klasické rodokmenové analýzy tak i molekulárně genetické informace (mikrosatelitní analýzy a analýzy SNP). Analýza stavu genetické diverzity za pomoci molekulárně genetických dat se v případě vybraných plemen zařazených do genetických zdrojů bude zaměřena na zhodnocení možné admixie s jinými plemeny.

Zdroj financování/Source of: Téma bude financován z grantu NAZV QK1910156

Datum/*Date*: 13.1.2020

Podpis/*Signature*: