

DOKTORSKÝ STUDIJNÍ PROGRAM/*DOCTORAL STUDY PROGRAM*

VYPSÁNÍ TÉMATU/*LISTING OF TOPIC*

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

Studijní obor/*Branch of Study*: **Zvolit/Choose**

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

Školitel, email/*Supervisor, email*: **prof. Ing. Vostrý Luboš, Ph.D., vostrý@af.czu.cz**

Konzultant/*Co-supervisor*: **Ing. Hana Vostrá Vydrová, Ph.D., vostrah@af.czu.cz, Ing. Michaela Brzáková, Ph.D., brzaková.michaela@vuzv.cz (VÚŽV)**

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

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

Téma/Topic: Odhad genetické diverzity uvnitř a mezi plemeny zařazených do genetických zdrojů České republiky s využitím genealogických i molekulárně genetických informací

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

Anotace/Summary: 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 zařazená 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 spojených s fitness a reprodukcí. 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 heterozygosity v celé populaci a mohou být považovány za dobrou strategii pro sledování vývoje populace. Populační analýzy dále umožňují posoudit úroveň příbuzenské plemenitby 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.

Zdroje financování práce/*Funding Sources*: **Téma bude financován z grantu NAZV QK1910156**

V/In Praze

dne/*Date*: 17.01.2022

Podpis/*Signature*: