

Jastrzębiec, 21 sierpnia 2017 roku

Dr hab. Jolanta M. Oprządek prof. IGHZ  
Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN  
05-552 Jastrzębiec  
Tel.: (22) 7367118  
j.oprzadek@ighz.pl

**R E C E N Z J A**  
**rozprawy doktorskiej mgr inż. ANNY FROST-RUTKOWSKIEJ**  
**wykonanej w Katedrze Nauk o Zwierzętach Przeżuujących**  
**Zachodniopomorskiego Uniwersytetu Technologicznego**  
**w Szczecinie,**  
**pod kierunkiem dr. hab. Andrzeja Dybusa**  
**nt. "Wpływ wariantów polimorficznych wybranych genów**  
**bydła na ilościowy stosunek kwasów tłuszczowych mleka"**

Recenzja została wykonana na podstawie Uchwały Rady Wydziału Rolnictwa i Bioinżynierii Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu, zgodnie z wymogami Ustawy z dnia 14 marca 2003 r. o stopniach i tytule naukowym oraz stopniach i tytule w zakresie sztuki (tj. Dz.U. z 2014 r. pozycja 1852 z późn. zmianami).

Identyfikacja genów warunkujących fenotypowe przejawianie się cech ilościowych jest trudna ze względu na dużą liczbę genów zaangażowanych w powstanie cechy, co w efekcie daje niewielki efekt addytywny. W ciągu ostatnich lat wiele uwagi poświęcono na identyfikację w obrębie całego genomu bydła *loci* cech ilościowych (QTL - ang. Quantitative Trait Loci), istotnych z ekonomicznego punktu widzenia. QTL to dające się łatwo zlokalizować markery genetyczne, które są najczęściej jedynie ściśle sprzężone z genami kontrolującymi interesujące nas cechy. W idealnych warunkach QTL mogą być włączane do programów selekcji wspomaganych markerami genetycznymi (MAS - ang. Marker Assisted Selection), jednakże większość QTL ma bardzo niewielki, stąd trudny do oszacowania wpływ. Do końca 2016 zdeponowano ponad 99,7 miliona SNP u *Bos Taurus*. Szansę na urzeczywistnienie w/w koncepcji dają tzw. mikromacierze (chipy DNA), które

pozwalają na genotypowanie osobników jednocześnie w tysiącach miejsc polimorficznych danego genomu. Za przykład może posłużyć mikromacierz BovineSNP50 v3 BeadChip obejmująca około 53,7 K SNP zebranych na podstawie wieloletnich badań asocjacyjnych bydła. Umożliwiło to szybki rozwój wiodącego obecnie prym kierunku badań polegającym na wskazywaniu całych regionów genomu istotnie związanych z daną cechą. Technikę, która umożliwia równoczesną identyfikację tysięcy SNP oraz określenie ich związku z daną cechą określa się badaniem asocjacyjnym całego genomu. Poszukiwanie *loci* cech ilościowych jest kosztowne i jak dotąd nie przyniosło spektakularnych rezultatów u bydła mlecznego. Dotychczas potwierdzono jedynie znaczenie kilkunastu genów, przy czym powtarzalne wyniki dla biosyntezy tłuszczu w mleku opisuje się dla substytucji aminokwasu K232A warunkowanej mutacją w genie kodującym Acyl CoA acylotransferazę diacylglycerolową 1 (*DGAT1* na BTA14). Pomimo wielu niekwestionowanych zalet, technika GWAS daje tylko orientacyjne wskazówki co do potencjalnych QTL, lecz nie wyjaśnia mechanizmu przyczynowo-skutkowego danego procesu biologicznego. Liczba znanych genów mających wpływ na poszczególne cechy ilościowe nie jest do końca ustalona, stąd konieczne jest ciągle powtarzanie szacowania ewentualnych związków pomiędzy polimorfizmem potencjalnych genów a cechami użytkowości. Ważne jest genotypowanie zwierząt w oparciu o nowo odkryte SNP, połączone z gromadzeniem informacji umożliwiających ich powiązanie z użytkowością. Stanowi to element strategii określanej jako poszukiwanie genów kandydujących danej cechy ilościowej. Podejście to opiera się na wyborze genów, których produkty białkowe biorą bezpośredni udział w konkretnych procesach fizjologicznych

Recenzowana rozprawa wpisuje się dokładnie w ten właśnie obszar badań i uważam, że Autorka podjęła się niezwykle ambitnego zadania wymagającego ogromnej pracy związanej z przeprowadzonym badaniem, generującymi wiele danych wymagających żmudnej obróbki związanej z analizą. Rozprawa liczy 161 stron, podzielona jest na dwie części literaturową i doświadczalną, zawiera 39 tabel, 22 rysunki. Na początku