

UNIwersytet WarMińsko-Mazurski w Olsztynie

Wydział Nauk o Środowisku

Streszczenie rozprawy doktorskiej pt: **Charakterystyka genetyczna wybranych stad głowacicy (*Hucho hucho* Linnaeus, 1758)**

Mgr inż. Marcin Kuciński

**Promotor pracy doktorskiej:** dr hab. Doroty Fopp-Bayat, prof. UWM

**Promotor pomocniczy pracy doktorskiej:** dr inż. Anna Małgorzata Wiśniewska

Prezentowana rozprawa doktorska opisuje wyniki badań, które są częścią trzech oryginalnych prac naukowych, opublikowanych w czasopismach posiadających Impact Factor:

1. Kuciński M., Ocalewicz K., Fopp-Bayat D., Liszewski T., Furgala-Selezniow G., Jankun M. 2014. Distribution and heterogeneity of heterochromatin in the European huchen (*Hucho hucho* Linnaeus, 1758) (Salmonidae). *Folia Biologica* (Kraków), 62 (2014), No 2: 81-89. doi: 10.3409/fb62\_2.81. **IF (2014/2015): 0,882; MNiSW (2015): 15 pkt.**
2. Kuciński M., Fopp-Bayat D., Liszewski T., Svinger V., Lebeda I., Kolman R. 2015. Genetic analysis of four European huchen (*Hucho hucho* Linnaeus, 1758) broodstocks from Poland, Germany, Slovakia and Ukraine: implication for conservation. *Journal of Applied Genetics*, 56(4):469-480. doi: 10.1007/s13353-015-0274-9. **IF (2014/2015): 1,477; MNiSW (2015): 20 pkt.**
3. Kuciński M., Fopp-Bayat D., Zivna D., Liszewski T., Svinger V., Lebeda I. 2015. Application of mtDNA markers for European huchen (*Hucho hucho* Linnaeus, 1758) management in Poland. *Czech Journal of Animal Science*, 60(12): 564-570 doi: 10.17221/8599-CJAS. **IF (2014/2015): 1,183; MNiSW (2015): 30 pkt.**

## Charakterystyka genetyczna wybranych stad głowacicy (*Hucho hucho* Linnaeus, 1758)

Głowacica jest bardzo cennym i jednocześnie jednym z najbardziej zagrożonych gatunków z rodziny ryb łososiowatych. Aktualnie, przetrwanie większości populacji głowacicy jest w pełni uzależnione od programów zarybieniowych, realizowanych przy wykorzystaniu materiału wyprodukowanego przez wyspecjalizowane ośrodki wylęgarnicze. Dodatkowo głowacica należy do grupy ryb rzadkich dla których dane genetyczne są wciąż ograniczone. W związku z potrzebą uzyskania informacji na temat struktury i zmienności genetycznej zagrożonych wyginieciem populacji głowacicy (na potrzeby planowania i realizacji programów ochronnych) zaplanowano zastępujące cele w ramach niniejszej rozprawy doktorskiej:

- 1) Przeprowadzenie szczegółowej charakterystyki cytogenetycznej głowacicy przy zastosowaniu klasycznych technik cytogenetycznych;
- 2) Ocenę zmienności genetycznej głowacicy z Polski przy zastosowaniu analiz wybranych fragmentów mikrosatelitarnego DNA oraz porównanie uzyskanych parametrów genetycznych z rybami pochodzącymi z Niemiec, Słowacji i Ukrainy;
- 3) Charakterystykę wybranych stad głowacicy z: Polski, Niemiec, Słowacji i Ukrainy na podstawie analizy zmienności wybranych fragmentów mitochondrialnego DNA.

Dzięki zastosowaniu klasycznych metod cytogenetycznych wyróżniono 12 typów heterochromatyny zgrupowanej w 4 obszarach genomu głowacicy, takich jak: regiony telomerowe, centromerowe, interstycjalne oraz organizacji jąderka. Podobnie do wcześniej publikowanych danych dla kręgowców zlokalizowana w obszarze centromerowym heterochromatyna u badanego gatunku charakteryzowała się największą różnorodnością. Natomiast, heterochromatyna zlokalizowana w obszarze telomerowym u badanych osobników głowacicy charakteryzowała się znaczną homogenicznością.

Analiza polimorfizmu wybranych fragmentów mikrosatelitarnego DNA wykazała iż badane stada ryb pochodzące z Polski, Słowacji i Ukrainy charakteryzowały się umiarkowanym poziomem zróżnicowania genetycznego w odróżnieniu od stada głowacicy z Niemiec, które wyróżniał wysoki poziom zróżnicowania genetycznego. Ponadto przeprowadzone analizy wykazały najbliższe podobieństwo filogenetyczne pomiędzy stadami z Polski i Ukrainy. W wyniku zastosowanych analiz genetycznych, uzyskano niskie wartości indeksu Garza-Williamsona ( $M$ ) (0.14-0.28) w przypadku wszystkich badanych stad ryb, co może świadczyć o efekcie wąskiego gardła lub efekcie założyciela.

Analiza filogenetyczna prowadzona przy zastosowaniu wybranych sekwencji mitochondrialnego genomu umożliwiła wyróżnienie dwóch kładów genetycznych (Kład A: Niemcy; Kład B: Polska, Słowacja, Ukraina) w obrębie badanych stad głowacicy. Wyniki niniejszych badań powinny zostać uwzględnione podczas prac ochronnych, związanych z uzupełnianiem stad tarłowych lub populacji naturalnych, biorąc pod uwagę właściwe klady genetyczne. Oznacza to, iż każda suplementacja stad tarłowych głowacicy, mająca na celu zwiększenie ich poziomu zróżnicowania genetycznego, powinna odbywać się w obrębie każdego z zidentyfikowanych kładów genetycznych.