

IV Polski Kongres Genetyki
Poznań, 10–13 września 2013 r.

STRESZCZENIA

Identyfikacja rodziny genów PAG (Pregnancy-Associated Glycoproteins) w genomach niedźwiedzia brunatnego (*Ursus arctos*) oraz psa domowego (*Canis lupus familiaris*)

Panasiewicz G.¹, Bieniek M.¹, Zamojska A.¹, Zglejc K.¹, Kuskowska A.¹, Saveļjev A.², Szafrńska B.¹

¹ Katedra Fizjologii Zwierząt, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

² Katedra Ekologii Zwierząt, Rosyjska Akademia Nauk Rolniczych, Kirov, Rosja

Dotychczas u kopytnych ssaków domowych i dziko żyjących (*Artiodactyla* i *Perissodactyla*) zidentyfikowano liczne cDNA genów łożyskowych PAG. Z kolei u ssaków drapieżnych (*Carnivora*), jedynym gatunkiem, u którego zidentyfikowano cDNA genu PAG jest kot. Strukturę organizacyjną genów PAG (9 eksonów i 8 intronów) zidentyfikowano tylko u bydła domowego (*bPAG1* i *bPAG2*) oraz świni (*pPAG2*). Dotychczas nie zidentyfikowano struktury genów PAG u żadnego gatunku wśród ssaków drapieżnych domowych i dziko żyjących. Celem badań była identyfikacja sekwencji nukleotydowych fragmentów genów PAG w genomie niedźwiedzia brunatnego i psa domowego (odpowiednio UaPAG-L oraz CIPAG-L wg łacińskiej nazwy gatunku). Materiał badawczy stanowiło gDNA wyizolowane z leukocytów krwi obwodowej psów (N=6) lub różnych tkanek (skóra, macica, jądro, najądrze) pochodzących od niedźwiedzi (N=12) odłowionych w Obwodzie Kirowskim w Rosji. Uzyskane na matrycach gDNA amplikony fragmentów genów PAG-podobnych (rejonu eksonów 1-9 oraz intronów A-H, wg genu *pPAG2*) rozdzielano elektroforetycznie, izolowano z żeli, oczyszczano i sekwencjonowano w obu kierunkach (ABI 3130). Amplifikacja PCR wykazała zróżnicowany profil amplikonów fragmentów genów PAG-podobnych (PAG-L) u niedźwiedzi (UaPAG-L; 200-1800 pz) oraz psów (CIPAG-L; 450-1600 pz). Sekwencjonowanie 20 wybranych amplikonów UaPAG-L oraz 21 CIPAG-L pozwoliło na identyfikację sekwencji UaPAG-L (359-443 pz) oraz CIPAG-L (477-585 pz), obejmujących rejon eksonów 5-9 oraz intronów E-H (wg struktury organizacyjnej genu *pPAG2*). Analiza *in silico* wykazała znaczącą homologię (81-100%) jedynie krótkich fragmentów (10-31 pz) sekwencji UaPAG-L oraz CIPAG-L w rejonie eksonów 5-7 i 9 (z wyjątkiem 8) genów PAG zdeponowanych dotychczas w bazie GenBank. Nie stwierdzono homologii sekwencji w rejonie eksonu 8, co sugeruje występowanie skróconych form genów UaPAG-L oraz CIPAG-L. Wyniki dostarczają nowych informacji o genomie niedźwiedzia brunatnego oraz psa domowego.

UWM528-206-0806

Analiza profili genetycznych niedźwiedzia brunatnego (*Ursus arctos*) – potwierdzenie migracji transgranicznych

Nowak Z.¹, Kłodawska M.¹, Jacyno J.¹, Markowski M.¹, Zieba F.², Zwijacz-Kozica T.¹, Majko P.³, Lenko P.¹, Selva N.⁴,

¹ Katedra Genetyki i Ogólnej Hodowli Zwierząt, Wydział Nauk o Zwierzętach, SGGW, Warszawa

² Tatrzański Park Narodowy, Zakopane

³ Sprava Tatranskeho Narodneho Parku, Biosférická rezervácia Tatry, Tatranská Štrba

⁴ Instytut Ochrony Środowiska PAN, Kraków

Celem badań było określenie profili genetycznych niedźwiedzi brunatnych bytujących w polskiej i słowackiej strefie granicznej parków narodowych TPN i TANAP. Materiał do badań stanowiły włosy z cebulkami zbierane z pułapek umieszczonych w wyznaczonych transektach po obu stronach granicy Polsko-Słowackiej. Z prób biologicznych ekstrahowano DNA genomowy a następnie w reakcji multipleks-PCR amplifikowano 8 polimorficznych markerów mikrosatelitarnych i marker płci (Skrbinsek i wsp., 2010). Analizę markerów przeprowadzono w kapilarnym analizatorze genetycznym ABI 3500 i w programie GeneMapper 4.1. Otrzymane dane po wyeliminowaniu prób spulowanych, posłużyły do opisanego struktury płci badanej populacji, wyznaczenia rzeczywistego zagęszczenia oraz przybliżonej struktury pokrewieństwa zwierząt. Połączenie danych GIS z wynikami analiz molekularnych pozwoliło na wykreślenie ścieżek migracji niedźwiedzi brunatnych w rejonie Tatrzańskiego Parku Narodowego i określenie natężenia migracji transgranicznych.

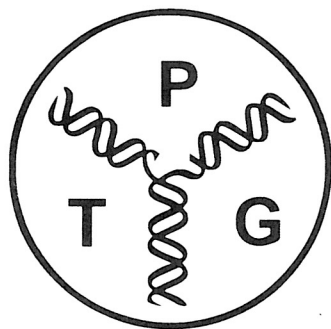
Filogenetyka molekularna papug z rodzaju *Aratinga* – weryfikacja pozycji taksonomicznej *Konury niebieskokoczelnej*

Urantówka A., Strzała T., Grabowski K.

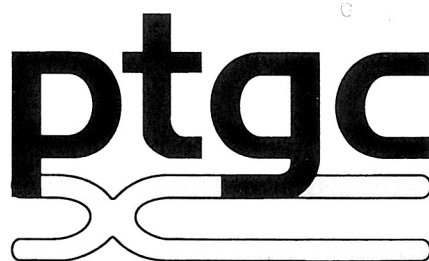
Katedra Genetyki, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu

W ciągu ostatnich 20 lat filogenetyka i systematyka papug (*Psittaciformes*) stała się obszarem intensywnych badań. Wyniki badań molekularnych pozwoliły zweryfikować wiedzę na temat powiązań ewolucyjnych i doprowadziło do zmiany nomenklatury wielu gatunków należących do tego rzędu.

Według obecnie przyjętej systematyki papug, w obrębie podrodziny *Arinae* wydzielono plemię *Arini* (15 rodzajów), do którego zalicza się: *Ary*, *Konury*, *Meksykanki* oraz *Patagonkę*. *Konury* są grupą papug zróżnicowaną morfologicznie, w skład której wchodzi przedstawicieli następujących rodzajów: *Aratinga*, *Enicognathus*, *Guaruba*, *Leptosittaca*, *Nandayus*, *Ognorhynchus* oraz *Pyrhura*. Do rodzaju *Aratinga* zaklasyfikowano 23 gatunki papug zamieszkujących zarówno Amerykę Południową, jak i Amerykę Środkową. Analizy filogenetyczne wykonane w oparciu o sekwencje mitochondrialnego genu *ND2*, czternastu gatunków z rodzaju *Aratinga*, wykazały dotychczas polifiletyczny charakter tego taksonu.



Polskie Towarzystwo
Genetyczne



Polskie Towarzystwo
Genetyki Człowieka

IV POLSKI KONGRES GENETYKI

10–13 WRZEŚNIA 2013

POZNAŃ

STRESZCZENIA

