

Identyfikacja markerów otyłości psów przy pomocy sekwencjonowania całogenomowego

Streszczenie popularnonaukowe

Pies (*Canis lupus familiaris*) jest ważnym gatunkiem towarzyszącym oraz modelem zwierzęcym w badaniach biomedycznych. Narastającym problemem zdrowotnym psów jest otyłość. Ponieważ otyłość skraca życie psa i powiązana jest z licznymi chorobami, dążymy do poznania jej przyczyn w celu profilaktyki i leczenia. Skłonność do otyłości jest uwarunkowana mutacjami wielu genów, ale większość z nich pozostaje nieznana. W genomach ssaków można spotkać liczne duplikacje albo braki dłuższych fragmentów (tzw. CNV). Naszym głównym celem, jest poznanie tych CNV, które wpływają na otyłość psów. Dodatkowym celem jest poszerzenie opisu genomu psa, skupiając się właśnie na CNV. Zbadamy całogenomową sekwencję DNA psów otyłych i z prawidłową masą ciała, aby stwierdzić, czy są pewne CNV, które można spotkać w grupie psów chorych, ale nie w grupie psów z prawidłową masą ciała. Jednocześnie, opiszemy wszelkie znalezione CNV i porównamy je do CNV występujących w genomie człowieka.

Nasze badania będą mogły mieć wkład w poznanie przyczyn akumulacji tkanki tłuszczowej, w tym otyłości ludzi, która stała się chorobą cywilizacyjną. Człowiek i pies przebywają we wspólnym środowisku, czasami do późnej starości. Geny odpowiedzialne za taką, a nie inną reakcję organizmu na zmieniające się środowisko, mogą być wspólne u człowieka i psa. Ponadto, niektóre ważne dla otyłości geny występują rzadko u ludzi, ale często u psów. Takie geny umykają wykryciu, gdy badamy otyłość u ludzi, ale dają się wykryć, gdy badamy otyłe psy.