

Polimorfizm pojedynczych nukleotydów w dzikich i hodowlanych populacjach troci wędrownej (*Salmo trutta m. trutta*) w Polsce: zróżnicowanie w czasie i przestrzeni

Agata Drywa

Rodzina ryb łososiowatych jest ważna ze względów ekologicznych i ekonomicznych z powodu wysokiego poziomu połowów komercyjnych i rekreacyjnych w Morzu Bałtyckim, polskich rzekach oraz licznych populacji hodowlanych. Przedstawicielami tej rodziny są łosoś atlantycki – *Salmo salar*, troć wędrowna – *Salmo trutta m. trutta* oraz introdukowany do Morza Bałtyckiego w latach 60. XX w. pstrąg tęczowy – *Oncorhynchus mykiss*. Trudności w identyfikacji gatunków, wynikające z ich morfologicznego podobieństwa, mogą doprowadzić do nadmiernych połowów restytuowanego łososa atlantyckiego, prowadząc do zaburzenia równowagi w ekosystemie Morza Bałtyckiego. Dlatego istotne jest stworzenie genetycznego narzędzia różnicującego te gatunki. Innym problemem jest niekontrolowane zarybianie rzek hodowlaną trocią wędrowną w przeszłości. Niestety zabiegi te doprowadziły do wymieszania się populacji. Obecnie, od początku lat 90. XX w., większość trociowych rzek zasilana jest w kontrolowanych warunkach. W pracy przedstawiono:

- Wykorzystanie mikromacierzy SNP w międzygatunkowej analizie prób od ryb łososiowatych do jednoznacznej identyfikacji gatunkowej osobników. Zidentyfikowano panel 566 wysoce polimorficznych loci SNP ($F_{ST} = 0,999$) mogący stanowić molekularną podstawę w monitoringu akwakultury oraz przemysłu spożywczego.
- Metodykę i ocenę zastosowania tej samej mikromacierzy do identyfikacji wiślanej i pomorskiej populacji troci wędrownej. W rezultacie wybrano dwa panele wysoce polimorficznych markerów (108 loci SNP ($F_{ST} = 0,0407$) i 39 loci SNP ($F_{ST} = 0,1298$)). Dane zostały sklasteryzowane w dwie grupy odpowiadające pochodzeniu osobników.
- Zróżnicowanie i zmianę struktury genetycznej w wiślanej i pomorskiej populacji troci wędrownej z 1996 i 2009 roku. Próby poddano genotypowaniu z wykorzystaniem technologii Sequenom MassARRAY iPLEX. Analiza 22 polimorficznych markerów SNP, wybranych spośród 62 loci z mikromacierzy SNP, wykazała różnice w strukturze genetycznej populacji z Wisły w analizowanym przedziale czasu, podczas gdy pomorskie populacje były stabilne.

Uzyskane wyniki wskazują, iż zaobserwowane zmiany w genetycznej strukturze populacji w czasie mogły zostać spowodowane wprowadzeniem strategii zarybiania dla restytucji i ochrony genotypów wiślanej troci wędrownej w Wiśle i jej dopływach.