

Referat wygłoszony w dniu 18 marca 2024 r. na posiedzeniu Komisji Nauk Biologicznych Oddziału PAN w Krakowie

prof. dr hab. inż. Artur Gurgul
Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie
Wydział Medycyny Weterynaryjnej
Katedra Nauk Podstawowych
ul. Rędzina 1C, 30-248 Kraków
e-mail: artur.gurgul@urk.edu.pl

Potencjał aplikacyjny wysokowydajnych technik genetyki w naukach biologicznych

Celem prelekcji było syntetyczne zaprezentowanie zainteresowań naukowo-badawczych autora oraz wykazanie użyteczności wysokowydajnych technik genetyki w różnego rodzaju analizach z zakresu nauk biologicznych i medycznych. Zaprezentowane badania wykorzystywały techniki sekwencjonowania nowej generacji (w tym metody transkryptomiki, epigenomiki i genomiki) oraz techniki mikromacierzowe (w tym mikromacierze genotypujące, ekspresyjne i metylacyjne). Ważnym aspektem badań były analizy bioinformatyczne, niezbędne do opracowania danych uzyskanych ze wszystkich omawianych technik analitycznych. Zaprezentowano wyniki dotyczące genomiki populacyjnej polskich ras zachowawczych zwierząt gospodarskich oraz badania asocjacyjne w skali genomu (GWAS), dotyczące cech plenności u owiec tych ras. Zaprezentowano także obszerne badania dotyczące transkryptomiki i epigenomiki sarkoidów u koni oraz opracowaną przez zespół autora metodę genotypowania przez sekwencjonowanie genomu konia domowego. W dalszej części przedstawiono analizę microRNA w istocie szarej okołowodociągowej mózgowia świni dniowej w poszukiwaniu cząstek odpowiedzialnych za zachowania i procesy fizjologiczne związane z płcią. Z zakresu badań medycznych, autor zaprezentował wpływ kannabidiolu

(CBD) w połączeniu z etanolem na transkryptom, proliferację i apoptozę fibroblastów ludzkich w modelu *in vitro* oraz badania dotyczące zmian profilu metylacji komórek szpiku kostnego u dzieci z B-komórkową ostrą białaczką limfoblastyczną. Podsumowując, autor stwierdził, że nowoczesne wysokowydajne techniki genetyki znajdują szerokie zastosowanie w naukach biologicznych i pozwalają na analizę spektrum procesów trudno uchwytnych z wykorzystaniem standardowych metod genetyki.