**Genetyka**

Wiadomości 10 czerwca 2020 r.

**Wgląd w DNA pomaga producentom drobiu w krajach rozwijających się**

Nowe odkrycia dotyczące regionów wirusowych w DNA kurcząt mogłyby pomóc w zwiększeniu wydajności małych gospodarstw rolnych w krajach rozwijających się. Międzynarodowe badania, prowadzone przez naukowców z Roslin Institute w Wielkiej Brytanii, przyniosły kilka kluczowych odkryć na temat części kodu genetycznego kurczaków pochodzących z wirusów.

Odkrycia te pomagają zrozumieć te elementy genomu, które są pozostałością po historycznych zakażeniach wirusem białaczki ptaków podgrupy E (ALVE). Te wirusowe części genomu mogą dawać szkodliwe molekuły, które hamują wzrost i produktywność ptaków. Ale ich obecność może również zapobiec wywołaniu infekcji przez powiązane z nimi wirusy.

Naukowcy wyszukiwali i analizowali ALVE w kodzie genetycznym ponad 400 kurczaków z wiosek w Etiopii, Nigerii i Iraku, znajdując zróżnicowaną mieszankę typów ALVE u różnych ptaków, w tym 850 wcześniej niespotykanych typów. Podniosło to trzykrotnie liczbę udokumentowanych typów ALVE i było pierwszym badaniem, które skupiało się na kurczakach niekomercyjnych.

**Zrozumienie roli każdej podgrupy E wirusa białaczki ptaków**

Badanie to mogłoby utorować drogę do dalszych badań nad rolą każdej ALVE w zakresie odporności na wirusy pochodzące z zewnątrz, co mogłoby pomóc w zarządzaniu hodowlą i poprawić zdrowie stad w krajach o niskich i średnich dochodach.

„Lepsze zrozumienie negatywnych lub pozytywnych skutków tych endogennych wirusów może umożliwić lepszą produkcję mięsa lub jaj w małych gospodarstwach...". - Dr Jacqueline Smith

Komentując badania, dr Jacqueline Smith, z Roslin Institute i Centre for Tropical Livestock Genetics and Health, powiedział: "Lepsze zrozumienie negatywnych lub pozytywnych skutków tych endogennych wirusów może umożliwić lepszą produkcję mięsa lub jaj na małych farmach, takich jak te w krajach o niskich i średnich dochodach". Badania zostały opublikowane w "Genetics Selection Evolution" i sfinansowane przez Centre for Tropical Livestock Genetics and Health za pomocą nagrody BBSRC Impact Accelerator Award.

**Różnorodność genetyczna**

W oddzielnym, ale powiązanym badaniu, naukowcy opisali 2 typy ALVE znalezione w standardowym genomie referencyjnym dla kurcząt - zestawie danych wykorzystywanych przez naukowców do badań. ALVE w genomie referencyjnym, zaczerpnięte od jednego nieudomowionego przodka do współczesnych kurczaków, nie odzwierciedlają zróżnicowanej mieszanki ALVE w DNA kurczaków, jak stwierdzili naukowcy. Na przykład, jedna z ALVE w referencyjnym zbiorze danych nie była widziana u żadnego innego kurczaka. Sekwencja referencyjna pozostaje istotna dla środowiska naukowego, ale naukowcy twierdzą, że jej porównanie z genomami nowoczesnych i przedudomowionych kurczaków powinno być brane pod uwagę przy podejmowaniu badań.

Dr Andrew Mason, wcześniej z Roslin Institute, a teraz z University of York, powiedział: "W komercyjnych operacjach dotyczących drobiu, wirusowe segmenty genomu mogą zwiększać ryzyko złego stanu zdrowia kurcząt, ale mogą one przynieść korzyści w małych stadach, gdzie ich zdolność do zapobiegania innym wirusom może być bardzo korzystna".

Badanie, opublikowane w czasopiśmie Poultry Science, obejmowało wsparcie ze strony partnera handlowego Hy-Line International z Iowa w Stanach Zjednoczonych

**Tłumaczenie PZZHiPD**

***FINANSOWANE Z FUNDUSZU PROMOCJI MIESA DROBIOWEGO***