Streszczenie

Analiza sekwencji sprzężonych z chromosomem Y gatunku *Bison bonasus*

We współczesnej populacji żubrów występują tylko trzy kopie chromosomu Y. Dwie kopie pochodzą od byków z podgatunku *B. b. bonasus*, trzecia zaś od byka z podgatunku *B. b. caucasicus*. Wszystkie trzy kopie chromosomu Y występują tylko u samców z linii nizinno-kaukaskiej (LC), podczas gdy w linii nizinnej (LB) występuje jedynie kopia chromosomu Y samca podgatunku *B. b. bonasus* Plebejer.. Z tego powodu postanowiono scharakteryzować podstawowymi metodami cytogenetycznymi chromosom Y tego gatunku, jednocześnie opisując chromosom Y gatunków *Bison bison* i *Bos taurus*, które to posłużyły jako gatunki referencyjne dla poniższych badań. Celem niniejszej pracy było określenie lokalizacji wybranych genów w chromosomie Y żubra, porównanie morfologii tego chromosomu z chromosomami Y bydła domowego oraz bizona amerykańskiego oraz zidentyfikowanie różnic w morfologii chromosomu Y w obrębie gatunku *Bison bonasus*. Badaniom poddano materiał pochodzący od 78 samców *B. bonasus* (w tym od 62 osobników z linii LB oraz od 16 osobników z linii LC), 2 samców *B. bison* oraz 6 samców *B. taurus*. Wykonano hodowlę komórkową, a następnie preparaty mikroskopowe. Po podstawowej analizie cytogenetycznej (barwienie Giemsą i prążki C) przygotowano dokumentację fotograficzną do dalszej analizy morfologii chromosomu Y. Określono: długość względną i rzeczywistą, powierzchnię względną i rzeczywistą, wielkość prążka C oraz poziom heterochromatyny. Oprócz powyższego, wykonano reakcję FISH z sondami genowo-specyficznymi oraz sondą malującą chromosomy płci specyficzną dla bydła domowego. Lokalizacja genów w chromosomie Y żubra okazała się być niemożliwa. Udało się uzyskać pozytywny sygnał hybrydyzacyjny dla sondy malującej chromosomy Y, co potwierdza dużą homologię sekwencji między żubrem a bydłem domowym. Pod względem parametrów morfologicznych chromosom Y żubra został opisany tak dokładnie po raz pierwszy, a przeprowadzone analizy wykazały, że charakteryzuje się on największą powierzchnią względną. Dla pozostałych parametrów uzyskano wartości mniejsze niż u gatunków referencyjnych. Analiza w obrębie linii wykazała, że chromosom Y samców linii LB charakteryzował się większą powierzchnią rzeczywistą i względną, lecz w przypadku pozostałych parametrów uzyskał on wartości niższe niż chromosom Y samców z linii LC.

Słowa kluczowe – żubr, bizon, bydło, cytogenetyka, chromosom Y, FISH

Abstract

Analysis of Y-linked sequences of the *Bison bonasus* species

There are only three copies of the Y chromosome in the current wisent population. Two copies come from bulls of the *B. b. bonasus* subspecies, and the third one from a bull of the *B. b. caucasicus* subspecies. The all three copies of the Y chromosome are present only in the males of the Lowland-Caucasian (LC) line, while in the males of Lowland line (LB) only the Y chromosomes of male *B. b. bonasus* Plebejer is present. For this reason, it was decided to characterize the Y chromosome of this species using basic cytogenetic methods, while describing the Y chromosome of *Bison bison* and *Bos taurus* species, which served as reference species for the following studies. The aim of this study was to determine the location of selected genes in the Y chromosome of wisent, compare the morphology of this chromosome with the Y chromosomes of domestic cattle and American bison, and identify differences in the morphology of the Y chromosome within the *Bison bonasus* species. Material from 78 *B. bonasus* males (including 62 individuals from the LB line and 16 individuals from the LC line), 2 *B. bison* males and 6 *Bos taurus* males were tested. Cell culture was performed, followed by microscopic preparations. After basic cytogenetic analysis (Giemsa staining and C-bands), photographic documentation was prepared for further analysis of Y chromosome morphology. The following parameters were determined: relative and true length, relative and true area, C-band size and heterochromatin level. In addition to the above, a FISH reaction was performed with gene-specific probes and with a sex chromosome painting probe specific to domestic cattle. Localization of genes in the wisent Y chromosome turned out to be impossible. A positive hybridization signal was obtained for the Y-chromosome painting probe, which confirms the high sequence homology between wisent and domestic cattle. In terms of morphological parameters, the wisent Y chromosome has been described so thoroughly for the first time, and the analyzes carried out have shown that it is characterized by the largest relative area. For the remaining parameters, the values were lower than for the reference species.

Key words – wisent, buffalo, cattle, cytogenetics, chromosome Y, FISH