

Ocena zmienności genetycznej hodowlanego stada lipienia europejskiego (*Thymallus thymallus*) – zastosowanie praktyczne

*Danijela Popović¹, Maja Ciepelska², Joanna Grudniewska³, Piotr Węgleński¹,
Ana Stanković^{2,4}*

¹Centrum Nowych Technologii, Uniwersytet Warszawski

²Instytut Genetyki i Biotechnologii, Uniwersytet Warszawski

³Zakład Hodowli Ryb Łososiowatych, Instytut Rybactwa Śródlądowego w Olsztynie

⁴Instytut Biochemii i Biofizyki PAN w Warszawie

Lipień europejski jest gatunkiem bardzo cennym z uwagi na jego znaczenie ekologiczne i walory wędkarskie. Duże zainteresowanie połowami wędkarskimi sprawiło, że w ostatnich latach lipienia wprowadza się do rzek, w których wcześniej nie występował. Brak skoordynowanego programu ochrony lipienia i planowania zarybień polskich rzek może doprowadzić do utraty naturalnych populacji tego gatunku. Stąd też konieczne jest uzyskanie informacji na temat bieżących zasobów zmienności genetycznej i polimorfizmu genetycznego stad tarłowych wywodzących się z populacji naturalnych. W niniejszej pracy przedstawiono wyniki analiz zmienności genetycznej stada tarłowego lipienia w Zakładzie Hodowli Ryb Łososiowatych Instytutu Rybactwa Śródlądowego. Analizę polimorfizmu genetycznego wykonano na poziomie jądrowego (msDNA) i mitochondrialnego DNA (mtDNA).