

Abstrakt

Metabolický syndrom (MetS) je komplexní onemocnění, na jehož patogenezi se podílí řada interagujících genů, faktory epigenetické a komponenta prostředí. Z analýzy genetických aspektů MetS u experimentálních modelů vyplynulo, že řada definujících parametrů MetS je ve vazbě s oblastmi chromozomu 4 laboratorního potkana. Pro ověření těchto lokusů kvantitativních znaků (QTL) byl vytvořen dvojitě kongenní kmen, u kterého jsou části chromozomu 4 spontánně hypertenzního kmene potkana (SHR, inbrední model MetS) vneseny na genomické pozadí kongenního kmene Brown Norway (BN-*Lx*). Cílem diplomové práce je detailně geneticky zmapovat diferenciální segment tohoto dvojitě kongenního kmene BN-*Lx*.SHR4, porovnat jeho metabolický profil za podmínek diet o různém obsahu sacharidů a tuků a identifikovat pomocí komparace sekvencí a genové exprese kandidátní geny či polymorfismy pro aspekty MetS, resp. potenciální nutrigenetické interakce.

Klíčová slova:

nutrigenetika, experimentální modely, metabolický syndrom, kongenní kmen, genotypizace, potkan