

ABSTRAKT

Tato diplomová práce zkoumá a porovnává výskyt alel polymorfismů v nutrigeneticky významných genech ve dvou populacích - české a vietnamské.

Teoretická část práce popisuje jednotlivé geny a jejich polymorfismy, které jsou dlouho známy svým vlivem na metabolismus živin či na rozvoj metabolických onemocnění a jiné patologické procesy. Diskutuje o možných příčinách pozitivního výběru a o jeho dopad na dnešní rozložení genotypů a alel daných polymorfismů.

V praktické části jsou uvedeny postupy při získání DNA, metody genetické analýzy polymorfismů včetně PCR-RFLP a real-time PCR spolu se zpracováním frekvenčního potravinového dotazníku. Výsledky analýz a dotazníkového šetření jsou statisticky hodnoceny a prezentovány pomocí tabulek a grafů v sekci Výsledky. V diskuzi se pojednává o možných příčinách daných výstupů.

Výsledky práce ukazují, že zastoupení rizikové alely je nižší ve vietnamské komunitě zejména u polymorfismu v genu FTO predikujícím vznik obezity, v genu TCF7L2 asociovaném s rozvojem diabetes mellitus 2. typu, v genu ADH1B s rizikem možné závislosti na alkoholu a v genu MC6M zodpovědném za laktázovou perzistenci. Srovnatelnou frekvenci výskytu alel lze najít v polymorfismu genu MC4R, genu HFE a genu ApoE. Uvedené nálezy rovněž souhlasí s výsledky plynoucími z dotazníkového šetření, které ukazují na nižší spotřebu alkoholu a mléka u vietnamské menšiny.

Tato práce by mohla být svým zaměřením a tématem jedinečná a mohla mít přínos zejména pro vietnamskou komunitu žijící v České republice. Výsledky práce by mohly sloužit jako podklad k vytvoření jídelního plánu specifického pro Vietnamce nejen v prevenci vzniku onemocnění ale i v terapii již rozvinutých patologických stavů zejména s přihlédnutím ke genetickým predispozicím vyplývajícím z této práce.

Klíčová slova: SNP, polymorfismy, nutrigenetika, genetická analýza, výživa