

1. Streszczenie w języku polskim.

Kompleks transkrypcyjny Forkhead box stanowi zespół konserwatywnych czynników genetycznych, których ekspresja wiąże się z ważnymi procesami fizjologicznymi odbywającymi się na poziomie różnych obszarów funkcjonalnych. Jego nazwa pochodzi od genu fork head wykrytego po raz pierwszy w 1989 r. przez Weigel i wsp. u mutantu muszki owocowej *Drosophila melanogaster*. Obecnie geny kompleksu transkrypcyjnego Forkhead określane są jako geny Fox. Gen Foxp3 został opisany u wielu ssaków, w tym u człowieka (NC000023), psa domowego (NC006621) czy u myszy domowej (NC000086). Wskazany gen odpowiada m.in. za różnicowanie i modulowanie aktywności limfocytów T CD4+CD25+Treg (Fontenot i wsp., 2003; Sakaguchi i wsp., 2005). Czynnikiem transkrypcyjnym FOXP3 jest niezbędny także do samego rozwoju i funkcjonowania komórek regulatorowych T (Treg) CD4+FOXP3+ (Seitz i wsp., 2022). Limfocyty Treg odgrywają ważną rolę w procesach autoimmunologicznych, a ich poziom ekspresji bywa powiązany z diagnozowaniem nowotworów (Biller i wsp., 2007). Warto zauważyć, iż występowanie genu Foxp3 u ssaków wiąże się w pewną tendencją do konserwatywnego ogólnego powiązania genów forkhead w funkcjami życia węglowego (Wojtaszczyk i wsp., 2013). Obecny stan wiedzy na temat genomu lisa pospolitego jest jeszcze niepełny. Genom lisa pospolitego zawiera silne analogie do genomów innych psowatych (Ryc. 13), w tym psa domowego, ale wykazuje także podobieństwa filogenetyczne do mniej oczywistych taksonów, jak np. płetwonogie (Arnason i wsp., 2006). Warto zauważyć, iż lis pospolity jest gatunkiem bytującym w warunkach naturalnych, ale podlega też mechanizmom wsobnym wynikającym z wykorzystywania go także w celach hodowlanych. Genom psa został w całości zsekwencjonowany już w roku 2005 (CanFam1 i CanFam2, Lindblad i wsp., 2005), ale w chwili obecnej podlega dalszej eksploracji na polu poszukiwań epigenetycznych czynników warunkujących ekspresję danych regionów kodujących. Celem badań była ocena zróżnicowania poziomu ekspresji genu Foxp3 u lisa pospolitego w porównaniu do psa domowego. Próby biologiczne w postaci krwi pełnej pobieranej od lisów pochodziły z Zakładu Doświadczalnego w Chorzelowie oraz prywatnych ferm zwierząt futerkowych na terenie powiatu lubelskiego i ryckiego. Materiał biologiczny pobierano w warunkach poddawania zwierząt eutanazji w celach produkcyjnych. Materiał biologiczny w postaci krwi pełnej pochodzącej od osobników psa domowego pobierano przy okazji standardowych czynności lekarsko-weterynaryjnych podejmowanych w Klinice Epizootiologii i Klinice Chorób Zakaźnych Wydziału Medycyny Weterynaryjnej w Lublinie. Poziom ekspresji genu Foxp3 u lisa pospolitego jest wyższy o 71 % u samic w

porównaniu do samców, a wynik ten jest statystycznie istotny, co może sugerować zasadność założenia hipotezy badawczej, iż gen ten położony jest na heterosomie X. Poziom ekspresji genu HPRT u lisa pospolitego jest o 64 % wyższy u samców w porównaniu do samic, a wynik ten nie jest statystycznie istotny. Uzyskiwanie wyników poziomu ekspresji HPRT o stabilnej charakterystyce SEM i rozkładzie wartości osobniczych może uzasadniać założenie hipotezy badawczej o zwrotnym sprzężeniu poziomów ekspresji HPRT i Foxp3. Poziom ekspresji genu Foxp3 u lisa pospolitego jest wyższy o 138 % u osobników w wieku do 1 roku życia w porównaniu do osobników w wieku powyżej 1 roku, a wynik ten nie jest statystycznie istotny. Lis pospolity odmiany płomienistej odznaczał się najwyższym poziomem ekspresji genu HPRT na tle innych ras, a wynik ten był wysoce statystycznie istotny. Poziom ekspresji genu Foxp3 był znacząco wyższy u psa domowego w porównaniu do lisa pospolitego a wynik ten był wysoce statystycznie istotny. Wyniki pracy potwierdzają, iż lis pospolity i pies domowy do gatunki silnie różniące się, a jednocześnie podważają zasadność stosowania w niektórych przypadkach starterów psich w genomie lisa. Ze względu na znane funkcje genu Foxp3 w układzie immunologicznym, wyniki mogą w przyszłości posłużyć do stworzenia protokołu kalibracji badań klinicznych zgodnych z wytycznymi GCP w celu tworzenia rozwiązań o funkcjach immunomodulacyjnych.