

**ZAŁĄCZNIK Nr 3**

**AUTOREFERAT**  
**w języku polskim**

**Dr inż. Magdalena Zatoń-Dobrowolska**

**Katedra Genetyki**

**Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt**

**Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu**

**Wrocław, 2019**

1. Imię i nazwisko: **Magdalena, Zuzanna Zatoń-Dobrowolska**
2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe/artystyczne – z podaniem nazwy, miejsca i roku ich uzyskania oraz tytułu rozprawy doktorskiej.

**1996 – tytuł zawodowy magistra inżyniera zootechniki**, Akademia Rolnicza we Wrocławiu, Wydział Zootechniczny, kierunek zootechnika, specjalność: ochrona środowiska hodowlanego;

Praca magisterska z zakresu efektywności hodowli nutrii (*Myocastor corpus*).

Promotor: prof. dr hab. Janusz Kuźniewicz

**2001 – stopień doktora nauk rolniczych**, Akademia Rolnicza we Wrocławiu, Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt, dyscyplina: zootechnika, specjalność: genetyka i hodowla zwierząt;

Tytuł rozprawy doktorskiej: Dystans genetyczny w populacjach lisa polarnego (*Alopex lagopus* L.) oraz lisa pospolitego (*Vulpes vulpes* L.) na podstawie polimorfizmu białek surowicy krwi oraz sekwencji mikrosatelitarnych DNA

Promotor: prof. dr hab. Andrzej Filistowicz

**2015 – tytuł magistra MBA**, Uniwersytet Ekonomiczny we Wrocławiu

Tytuł pracy magisterskiej: Projekt analizy ryzyka w szkolnictwie wyższym

Promotor: prof. dr hab. Krzysztof Jajuga

3. Informacje o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych/artystycznych

**2001 - obecnie:** Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Genetyki, stanowisko: adiunkt

**4. Wskazanie osiągnięcia\* wynikającego z art. 16 ust. 2 ustawy z dnia 14 marca 2003 r. o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. 2017r. poz. 1789):**

a) Zgodnie z treścią w/w ustawy osiągnięciem naukowym jest wskazany poniżej cykl trzech powiązanych tematycznie prac naukowych, dołączony do dokumentacji, jako załącznik nr 5 do wniosku o wszczęcie postępowania habilitacyjnego. Cykl objęto wspólnym tytułem:

**Analiza zmienności i porównanie populacji hodowlanej i dziko żyjącej lisa pospolitego (*Vulpes vulpes* L.) w Polsce**

b) Wykaz publikacji stanowiących osiągnięcie naukowe, o którym mowa w art. 16 ust. 2 Ustawy (autor/autorzy, tytuł/tytuły publikacji, rok wydania, nazwa wydawnictwa):

- 1) **Zatoń-Dobrowolska, M.,** Moska, M., Mucha, A., Wierzbicki, H., Przysiecki, P., & Dobrowolski, M. 2016: Variation in fur farm and wild populations of the red fox, *Vulpes vulpes* (Carnivora: Canidae) - Part I: Morphometry. Canadian Journal of Animal Science, 96(4), 589-597; dx.doi.org/10.1139/cjas-2016-0026

**Lista A,** [IF<sub>2016</sub> = **0.827**, pkt MNiSW<sub>2016</sub> = **25**, pkt MNiSW<sub>2017</sub> = **30**, liczba cytowań wg WoS = **1**]

*Mój udział procentowy szacuję na 40%.*

- 2) **Zatoń-Dobrowolska, M.,** Moska, M., Mucha, A., Wierzbicki, H., & Dobrowolski, M. 2018: Variation in fur farm and wild populations of the red fox, *Vulpes vulpes* (Carnivora: Canidae) - Part II: Craniometry. Canadian Journal of Animal Science 98: 84-97; dx.doi.org/10.1139/CJAS-2017-0015

**Lista A,** [IF<sub>2017/2018</sub> = **0.657**, pkt MNiSW<sub>2017</sub> = **30**, liczba cytowań wg WoS = **0**]

*Mój udział procentowy szacuję na 40%.*

- 3) **Zatoń-Dobrowolska M.,** Mucha A., Morrice D., Wierzbicki H., Moska M., Dobrowolski M. 2019: Admixture analyses and phylogeographic

relationships reveal complete genetic distinctiveness of Polish farm and wild red foxes (*Vulpes vulpes*) and the North American origin of farm-bred individuals. *Animal Science Journal* DOI:10.1111/asj.13223

**Lista A**, [IF<sub>2012</sub> = **1.402**, pkt MNiSW<sub>2019</sub> = **30**, liczba cytowań wg WoS = **0**]

*Mój udział procentowy szacuję na 40%.*

Wszystkie prace zostały opublikowane w czasopismach z listy JCR. Sumaryczny współczynnik wpływu (**IF**) zgodnie z rokiem opublikowania wynosi **2.886**, suma pkt MNiSW za ww. publikacje zgodnie z rokiem opublikowania wynosi **85**, natomiast zgodnie z ostatnią listą - **90**.

Oświadczenia współautorów znajdują się w załączniku nr 6.

c) Omówienie celu naukowego/artystycznego ww. pracy/prac i osiągniętych wyników wraz z omówieniem ich ewentualnego wykorzystania.

Lis pospolity [*Vulpes vulpes* (Linnaeus, 1758)], gatunek reprezentujący rodzinę Canidae, jest jednym z najbardziej rozpowszechnionym gatunkiem na świecie. Zamieszkuje ogromne obszary na pięciu kontynentach - Europa, Azja, Ameryka Północna, Australia i północna Afryka. Ponadto żyje w bardzo zróżnicowanych siedliskach, a poprzez dużą plastyczność potrafi dostosowywać się do nowych warunków i adaptować do nowych obszarów np. obszarów miejskich. Lis rudy może być często spotykany w parkach miejskich, ogrodach i cmentarzach i można je znaleźć zarówno w arktycznej tundrze (Jones i Theberge 1982) i na pustyniach (Lindsay i Macdonald 1986).

W XIX wieku w Kanadzie rozpoczęto hodowlę zamkniętą lisa pospolitego (*Vulpes vulpes* L.), od których wcześniej pozyskiwano skóry podczas polowań. Jednak skóry te przedstawiały niekiedy niską wartość, ze względu na istotny wpływ wielu czynników, powodujących uszkodzenia skór np. choroby, użycie broni palnej podczas polowania, zła dieta w niektórych latach. Zapoczątkowanie hodowli spowodowało możliwość ujednoczenia jakości

pozyskiwanych skór, a także prowadzenia selekcji w celu ich poprawy (Forester i Forester 1973).

Sukces komercyjny pionierskich farm futrzarskich zwiększone zainteresowanie hodowlą lisów, prowadzące do utworzenie wielu farm futrzarskich na północy Ameryki i w Europie. Nowo utworzone farmy lisów używał importowanych lisów północnoamerykańskich jako stada hodowlanego (Nes et al. 1988). Hodowla lisa pospolitego koncentruje się na genetycznym doskonaleniu najważniejszych ekonomicznie cech tj. jakość okrywy włosowej czy wielkość pozyskiwanych skór poprzez prowadzenie intensywnej sztucznej selekcji (Wierzbicki i in. 2004; Wierzbicki 2005; Wierzbicki et al. 2007). Doprowadziło to do wystąpienia istotnych różnic pod względem zewnętrznych wymiarów ciała, zachowania, czy fizjologii między lisami hodowlanymi a ich dzikimi przodkami (Zatoń-Dobrowolska i in. 2012). Lisy hodowlane stały się znacznie większe i cięższe, jednocześnie zwiększyły się znacznie rozmiary niektórych narządów wewnętrznych, np. wątroby, śledziony i nerkek (Kulawik et al. 2013). U dzikich psowatych występują wyraźne różnice w morfologii obu płci (szczególnie w odniesieniu do czaszki i uzębienia) (Gittleman 1997; Schutz et al. 2009). U lisów hodowlanych występujący dymorfizm płciowy jest znacznie zmniejszony (Trut 1999), co jest oczywistym efektem udomowienia (Hartova-Nentvichova i in. 2010). Zmniejszony jest również rozmiar mózgu zwierząt trzymany w niewoli, co jest uważane za jeden z ważniejszych efektów udomowienia (Clutton-Brock 1999). Intensywne zmiany, jakie dokonały się w ciągu ponad 100-letniej hodowli lisa pospolitego wynikają z wysokiej odziedziczalności selekcyjowanych cech oraz zastosowaniem biotechnik (np. sztucznej inseminacji). Ponadto obecnie hodowane zwierzęta hodowlane (w tym także lis) pochodzą z stosunkowo małych populacji założycielskich poddanych dużej presji selekcyjnej (O'Regan i Kitchener 2005).

Oprócz intensywnej selekcji mającej miejsce w hodowli, drugim, potencjalnie istotnym czynnikiem wpływającym na znaczące morfologiczne

różnice między lisami hodowlanymi i dziko żyjącymi może być pochodzenie populacji. Statham i in. (2011) przeprowadzili analizy filogenetyczne populacji lisa pospolitego, z których wynika, populacja udomowionych srebrnych lisów w Rosji ma swoje źródło ze wschodniej Kanady. Autorzy sugerują, że wschodnia Kanada jest głównym źródłem pochodzenia dla lisów pospolitych hodowlanych nie tylko w Rosji, ale także w innych regionach świata. Rezultatem badań, których celem było określenie filogenetycznej relacji i czasu rozbieżności między populacjami lisów pospolitych euroazjatyckich i północnoamerykańskich, było skonstruowanie drzewa filogenetycznego, w którym obie badane grupy grupują się jako siostrzane taksony (Statham et al. 2014). Autorzy, używając 11 regionów genomu jądrowego, oszacowali, że obie populacje lisa rudego rozdzieliły się 209 000 lat temu. Potwierdziło to jednocześnie wcześniejsze wnioski wyciągnięte przez Aubry et al. (2009) i Kutschera et al. (2013). Można zatem stwierdzić, że lisy pospolite z Ameryki Północnej ewoluowały w odmienny genetycznie sposób niż populacje euroazjatyckie. Wyniki filogenetyczne i filogeograficzne sugerują, że porównując dziką populację europejskich lisów pospolitych z populacją hodowlaną, w rzeczywistości porównujemy dwa odrębne genetycznie populacje, więc różnice morfologiczne, anatomiczne i genetyczne między dzikimi a hodowlanymi lisami mogły być wywołane nie tylko przez intensywną selekcję w warunkach hodowlanych, ale także przez odrębne pule genowe obu populacji. Tempo zmian na poziomie morfologicznym, anatomicznym, jak i genetycznym hodowlanych lisów pospolitych jako rezultat sztucznej selekcji znacznie przekracza tempo zmian wynikające z doboru naturalnego. Jest to dobrze udokumentowane w badaniach Onara et al. (2005), którzy przeprowadzili analizę porównawczą szkieletów dzikich lisów rudych żyjących na początku pierwszego tysiąclecia B.C. i kości współczesnych zwierząt. Mimo upływu 3000 lat nie znaleźli żadnych znaczących różnic morfologicznych między materiałami kostnymi z analizowanych dwóch populacji.

## **Cel podjętych badań**

Celem podjętych badań była analiza zmienności morfologicznej, anatomicznej oraz genetycznej w obrębie dwóch populacji lisa pospolitego w Polsce: hodowlanej i dziko żyjącej, a następnie na podstawie uzyskanych wyników w trzech poszczególnych aspektach porównanie obu populacji i próba określenia stopnia ich podobieństwa. Aby precyzyjnie określić wpływ bardzo intensywnej oraz stosunkowo krótko trwającej sztucznej selekcji na ważne cechy lisa pospolitego przeprowadzono analizę porównawczą cech morfologicznych i anatomicznych lisów hodowlanych i ich dzikich krewnych. A następnie podjęto próbę wyjaśnienia, w jakim stopniu fenotypowe różnice między dwiema porównywanymi grupami lisów są zdeterminowane przez różne struktury genetyczne populacji dzikiej i hodowlanej.

Realizacja założonego celu wiązała się z koniecznością stworzenia interdyscyplinarnego zespołu badawczego, w skład którego, prócz genetyków, weszli także biostatystycy. Wieloletnia współpraca z nimi pozwoliła mi na znacznie szersze spojrzenie na poruszaną problematykę, przyczyniając się niewątpliwie do mojego indywidualnego rozwoju.

## **Osiągnięte rezultaty**

Wyniki prowadzonych przeze mnie badań, dotyczących zróżnicowania populacji lisa pospolitego, zostały opublikowane w postaci serii współautorskich prac, w dwóch czasopismach obejmujących tematyką nauki o zwierzętach **o łącznym IF = 2.886**.

Analizy przedstawione we wszystkich trzech pracach zostały przeprowadzone na tym samym zgromadzonym materiale. Do badań pozyskiwane były całe tuszki zwierząt: lisów hodowlanych po technologicznym uboju przeprowadzonym na fermach, natomiast lisów dziko żyjących zwierzęta pozyskane podczas polowań oraz zabite w wypadkach

drogowych. Lisy hodowlane pozyskano z dwóch ferm, natomiast lisy dziko żyjące pochodziły z różnych regionów z całego kraju (21 lokalizacji).

W **publikacji 1)** przedstawiono analizy i wyniki dotyczące cech morfologicznych lisa pospolitego. Badania dotyczyły 132 lisów dzikich (w tym 63 samców, 63 samicy oraz 6 osobników, dla których płeć nie została określona) oraz 199 lisów hodowlanych (85 samców i 114 samic). Analizowano następujące cechy: masa, długość i obwód ciała, długość ogona, wysokość ucha, długość przedniej i tylnej prawej łapy oraz długość przedniej i tylnej prawej stopy. Oszacowano także współczynnik proporcjonalności dla kończyn oraz współczynnik dymorfizmu płciowego. Podczas analiz porównywano obie populacje, a także przeprowadzono porównanie uwzględniające płeć zwierząt i jednocześnie ich przynależność populacyjną. Istotne różnice wystąpiły pomiędzy oboma populacjami dla wszystkich pomiarów, z wyjątkiem długości tylnej prawej kończyny. Większymi wartościami średnimi cech charakteryzowały się lisy hodowlane z wyjątkiem długości ogona, wysokości ucha oraz długości tylnej prawej kończyny. Natomiast większą zmienność zaobserwowano u lisów dziko żyjących, z wyjątkiem masy i długości ciała, które to były bardziej zmienne u lisów hodowlanych. Stwierdzono także, że proporcja długości kończyn przednich i tylnych u lisów hodowlanych jest równa, natomiast lisy dziko żyjące charakteryzują dłuższe kończyny przednie niż tylne. Dużo różnic stwierdzono, gdy porównano średnie wartości cech dla wyróżnionych czterech grup z uwzględnieniem płci i populacji (samce hodowlane FM, samice hodowlane FF, samce dziko żyjące WM, samice dziko żyjące WF). Dla większości cech stwierdzono najwyższe wartości dla samców hodowlanych, natomiast najniższe dla samic dziko żyjących. Wszystkie grupy różniły się statystycznie istotnie pod względem obwodu ciała, długości przedniej i tylnej stopy. Dla masy i długości ciała takie różnice nie wystąpiły jedynie między samicami hodowlanymi a samcami dziko żyjącymi. Natomiast wysokość ucha istotnie różniła się jedynie między samcami hodowlanymi i samicami dziko żyjącymi, podczas gdy pod względem długości ogona płcie w



obrębie populacji nie różniły się, natomiast pomiędzy populacjami różnice te były statystycznie istotne. Oszacowane współczynniki proporcjonalności nie różniły się statystycznie. Największe współczynniki dymorfizmu płciowego uzyskano dla samców hodowlanych i samic dziko żyjących pod względem prawie wszystkich analizowanych cech wskazujące na duże różnice pomiędzy nimi. Natomiast przy porównaniu samców dziko żyjących i samic hodowlanych wartości tego współczynnika osiągały wartość około 1, co świadczy o wyrównaniu obu grup.

Ponadto dla analizowanych cech oszacowano korelacje fenotypowe, z których większość okazała się istotna. Spośród wszystkich wartości jedynie pomiędzy masą i obwodem ciała wartości korelacji były identyczne w obu populacjach i były to wartości najwyższe (0.73). Niższe wartości dla większości korelacji jak również bardziej zróżnicowane uzyskano dla populacji hodowlanej niż dziko żyjącej (np. korelacja masy ciała z pozostałymi cechami w populacji hodowlanej przyjmowały wartości od -0.28 do 0.73, natomiast w populacji dziko żyjącej ten zakres był mniejszy od 0.31 do 0.73). W odniesieniu do trzech cech korelacje były przeciwne w obu populacjach – ujemna korelacja między masą ciała a długością obu kończyn oraz długością ciała i długością przedniej prawej kończyny charakteryzowała populację hodowlaną, natomiast w populacji dziko żyjącej te korelacje były dodatnie. Porównując wartości korelacji w obu populacjach stwierdzono istotne różnice w przypadku 11 z nich. Najnowsze badania filogenetyczne i filogeograficzne (Aubry et al. 2009; Statham et al. 2011; Kutschera et al. 2013; Statham et al. 2014) wskazują, że euroazjatyckie i hodowlane lisy pospolite pochodzą z różnych populacji założycielskich. To sugeruje, że różnice morfologiczne między osobnikami z obu populacji mogą być wynikiem różnych historii ewolucyjnych obu grup. Jednak, intensywna selektywna hodowla, która miała miejsce, również przyczyniła się do powstania istotnych różnic zarówno genetycznych, jak i fenotypowych między dzikimi i hodowanymi lisami pospolitymi (patrz np. Trut 1999; Trut et al. 2009). Porównanie cech morfologicznych między

populacjami lisów dzikich a hodowlanych wykazały znaczący wpływ sztucznej selekcji na lisy hodowlane. Dotyczy to głównie skracania tylnych kończyn i jednocześnie wydłużenie przedniej kończyny i przedniej łapy, a także zmniejszenie wysokości ucha i długości ogona. Lisy hodowlane były większe (dłuższe, szersze, cięższe) niż dzikie, ale jednocześnie bardziej podobne przy porównaniu płci niż samce i samice dzikich lisów. Różnice zaobserwowano również w kształcie ciała i proporcjach obu populacji. Ciało lisów hodowlanych jest prostokątne, podczas gdy kształt ciała lisów dziko żyjących może być opisane jako trapezoidalne z powodu większych różnic w długości kończyn przednich i tylnych. Wszystkie cechy ujęte w tych badaniach są ważne z punktu widzenia przetrwania lisów. Ponieważ istotna rola nie których z nich została jednak osłabiona w przypadku lisów hodowlanych podczas udomowienia i selekcji (lisy hodowlane nie muszą walczyć o przetrwanie), dlatego też związek genetyczny między nimi być może został osłabiony. Ponadto zmienione proporcje ciała mogą wpływać na osłabienie ruchu i zdolności do polowania lisów hodowlanych.

**Publikacja 2)** dotyczyła porównania liniowych pomiarów czaszek lisów z populacji hodowlanej i dziko żyjącej. Czaszki wypreparowano od 75 lisów dziko żyjących (32 samic, 38 samców oraz 5 osobników o nieokreślonej płci) oraz od 90 lisów hodowlanych (33 samic i 57 samców). Dokonano 19 pomiarów dla każdego osobnika: długość czaszki, maksymalna szerokość jarzmowa i minimalną szerokość czaszki, wysokość czaszki, środkowa długość oraz szerokość podniebienia, maksymalną szerokość podniebienia, długość i szerokość nozdrzy wewnętrznych oraz zewnętrznych, szerokość czołowa, wysokość i szerokość grzebienia czaszki, wysokość wyrostka sutkowego, odległość między ostatnim siekaczem i kłębem, pierwszym siekaczem i kłębem, kłębem i pierwszym przedtrzonowcem, ostatnim siekaczem i pierwszym przedtrzonowcem oraz wyliczono 4 indeksy: indeks czaszki, indeks podniebienia, stosunek długości podniebienia do długości czaszki, indeks długości-szerokości (Onar 1999; Onar et al. 2001). Oszacowano średnie

wartości dla poszczególnych pomiarów i porównano je pomiędzy populacjami, a także pomiędzy grupami uwzględniającymi jednocześnie płęć i populację (analogicznie jak w publikacji 1). Ponadto obliczono korelacje fenotypowe pomiędzy cechami, a także wykonano analizę PCA.

Stwierdzono istotne różnice pomiędzy populacją hodowlaną i dziko żyjącą w przypadku 14 z 19 pomiarów, jedynie długość i szerokość podniebienia, szerokość czołowa, długość nozdrzy wewnętrznych oraz maksymalna szerokość podniebienia nie wykazywały różnic. Czaszki lisów hodowlanych były istotnie dłuższe i wyższe, jednocześnie także istotnie węższe w porównaniu do lisów dziko żyjących. Lisy hodowlane charakteryzowały się także statystycznie istotnie większymi parametrami grzebienia czaszki, nozdrzy, jednocześnie wyrostek sutkowy był istotnie mniejszy. Odległości pomiędzy zębami także były większe w czaszkach lisów hodowlanych, z wyjątkiem odstępu między kłem a pierwszym przedtrzonowcem. W przypadku pomiarów anatomicznych także można zauważyć mniejszą zmienność parametrów w populacji hodowlanej w porównaniu do dziko żyjącej. Analiza obliczonych indeksów wykazała, że indeks czaszki oraz stosunek długości podniebienia do długości czaszki były istotnie wyższe u lisów dziko żyjących, natomiast indeks podniebienia oraz indeks długości-szerokości u lisów hodowlanych, co potwierdza, że czaszki zwierząt hodowlanych są proporcjonalnie węższe. Spośród 171 oszacowanych współczynników korelacji 95 okazało się istotnych w populacji hodowlanej, natomiast w populacji dziko żyjącej - 80. Porównując uzyskane wartości pomiędzy populacjami stwierdzono, że 85 z nich różni się w sposób istotny. Populacja hodowlana charakteryzowała się zakresem korelacji od bardzo słabej między szerokością grzebienia a najmniejszą szerokością czaszki (0.01) do bardzo silnej między długością podniebienia i długością czaszki (0.83). Natomiast dla populacji dziko żyjącej zakres ten mieścił się od słabej korelacji na poziomie -0.02 między maksymalną szerokością podniebienia a wysokością czaszki oraz wysokością grzebienia a najmniejszą szerokością czaszki do silnej

zależności między długością podniebienia i długością czaszki (0.81). W 26 przypadkach stwierdzono przeciwne korelacje w obu populacjach, np. między wysokością czaszki a jej maksymalną szerokością u lisów hodowlanych zależność wyniosła 0.55, natomiast dla dzikich korelacja ta osiągnęła wartość -0.48.

W wyniku analizy głównych składowych (PCA) stwierdzono, że pierwsza i druga składowa wyjaśnia większość zmienności, w związku z tym dla nich przeprowadzono dalsze analizy. Wyniki PCA wskazują na całkowitą odrębność obu populacji i potwierdzają wyniki wcześniejszych analiz. Porównując płcie w populacji hodowlanej stwierdzono, że w przypadku 15 z 19 pomiarów (z wyjątkiem szerokości nozdrzy wewnętrznych, wysokości grzebienia, najmniejszej szerokości czaszki i odległości między kłem a pierwszym przetrzonowcem) statystycznie istotnie wyższe wartości otrzymano dla samców niż dla samic. Podobne wyniki otrzymano także dla płci w obrębie lisów dziko żyjących. Jedyna różnica polegała na tym, że dla tych czterech pomiarów w przypadku samic dziko żyjących wartości były istotnie wyższe, natomiast w populacji hodowlanej w ich przypadku nie stwierdzono różnic. Zdecydowana większość pomiarów osiągała istotnie wyższe wartości u osobników hodowlanych niż dzikich. Spośród wszystkich pomiarów dla 10 (długość czaszki, szerokość nozdrzy wewnętrznych, długość i szerokość nozdrzy, wysokość i szerokość grzebienia, najmniejsza szerokość czaszki, odległości między: ostatnim siekaczem i kłem, pierwszym siekaczem i kłem oraz ostatnim siekaczem i pierwszym przedtrzonowcem) stwierdzono istotnie wyższe wartości dla samic hodowlanych niż dla samic dzikich, w przypadku 7 (wysokość czaszki, długość i szerokość podniebienia, długość nozdrzy wewnętrznych, maksymalna szerokość podniebienia, szerokość czołowa czaszki i wysokość wyrostka sutkowego) nie stwierdzono istotnych różnic między tymi grupami, natomiast w dwóch przypadkach (szerokość czaszki oraz odstęp między kłem i pierwszym przedtrzonowcem) były istotnie wyższe u samic dzikich. Podobne wyniki uzyskano porównując grupy samców: dla 9 z

19 pomiarów (długość czaszki, szerokość nozdrzy wewnętrznych, długość i szerokość nozdrzy, wysokość i szerokość grzebienia, odległości między: ostatnim siekaczem i kłębem, pierwszym siekaczem i kłębem oraz ostatnim siekaczem i pierwszym przedtrzonowcem) statystycznie istotnie wyższe wartości charakteryzowały samce hodowlane, w przypadku 7 (wysokość czaszki, długość i szerokość podniebienia, długość nozdrzy wewnętrznych, maksymalna szerokość podniebienia, szerokość czołowa czaszki i wysokość wyrostka sutkowego) nie stwierdzono różnic, natomiast dla 3 pomiarów (szerokość czaszki, najmniejsza szerokość czaszki i odstęp między kłębem a pierwszym przedtrzonowcem) stwierdzono wyższe wartości u samców dzikich.

Analiza indeksów w obrębie czterech wyróżnionych grup wykazała dla indeksu podniebienia brak istotnych różnic, indeks czaszki nie różnił się pomiędzy płciami w obrębie populacji, ale istotne różnice odnotowano pomiędzy samcami hodowlanymi i zarówno samcami jak i samicami dziko żyjącymi. Podobnie kształtowały się wyniki analizy dla indeksu długości-szerokości, tylko stwierdzono różnice między obiema grupami samic oraz obiema grupami samców. Dla stosunek długości podniebienia do długości czaszki uzyskano różnice istotne między płciami w obrębie populacji hodowlanej oraz pomiędzy populacjami zarówno w porównaniu samic jak i samców, nie różniły się jego wartości natomiast w obrębie populacji dziko żyjącej.

Wyniki PCA ponownie potwierdziły odrębność płci między populacjami, ale także w obrębie populacji hodowlanej. Samce i samice dziko żyjące nie stanowiły aż tak wyraźnie odrębnych grup. Pomimo, że różne czynniki mogą wpływać na ewolucję wymiarów i kształtu czaszki, a rola wielu z nich pozostaje nadal niejasna, to na bazie uzyskanych wyników ponownie można spekulować, że pochodzenie lisów oraz selektywna hodowla odgrywają znaczącą rolę w różnicowaniu czaszek hodowlanych i dzikich lisów pospolitych. Będąc pod silną presją sztucznej selekcji pod względem ważnych

ekonomicznie cechy lisy hodowlane, mające odrębną pulę genów w porównaniu z dzikimi odpowiednikami pochodzenia euroazjatyckiego, tworzą własną mikroewolucyjną ścieżkę pod względem kształtu i wymiarów czaszki.

Wskazanie czynników, wpływających na różnice w obrębie analizowanych cech morfologicznych i anatomicznych, wymagało także genetycznej analizy porównawczej obu populacji, a także analizy filogenetycznej. Wyniki tego zakresu badań zostały przedstawione w **Publikacji 3)**. Do badań genetycznych wykorzystano pobraną od zwierząt tkankę (koniuszek języka). Próbki pobrano od 200 zwierząt hodowlanych oraz 130 dziko żyjących. Analizy genetyczne dotyczyły analizy wybranych 30 sekwencji mikrosatelitarnych (REN135K06, REN210I14, REN307J23, REN88H03, REN258F18, REN248F14, REN64E19, REN252E18, REN144O22, REN44K10, REN75M10, FH2613, FH2097, FH2980, FH3970, FH3241, FH2263, FH3713, FH2060, FH2295, FH3775, FH3824, FH3771, FH2312, FH3853, FH3287, FH4001, ZUBECA6, UOR4101 i AHT137; Breen et al. 2001; Ladon et al. 1998; Guyon et al. 2003; Neff et al. 1999; Holmes et al. 1995; Jouquand et al. 2000) dla wszystkich prób oraz dwóch fragmentów mitochondrialnego DNA (fragmentu cytochromu b oraz fragmentu regionu kontrolnego D-Loop) dla 96 osobników (48 hodowlanych i 48 dziko żyjących).

Analiza sekwencji mikrosatelitarnych oparta została na reakcji PCR z wykorzystaniem kitu Qiagen Multiplex PCR. Wielkość produktów PCR była następnie analizowana na sekwenatorze automatycznym ABI 3130XL Genetic Analyzer (Applied Biosystems), a następnie z wykorzystaniem programu GeneMapper v4.0 (Applied Biosystems) określone były genotypy dla poszczególnych osobników dla wszystkich markerów. Następnie oszacowano obserwowaną ( $H_0$ ) i oczekiwaną ( $H_E$ ) heterozygotyczność, współczynnik inbredowania  $F_{IS}$  oraz współczynnik utrwalenia  $F_{ST}$  z wykorzystaniem pakietu *hierfstat* w R (Goudet & Jombart, 2015). Do oszacowania liczby alleli oraz przetestowania równowagi Hardy'ego-Weinera użyto pakietu *pegas* (Paradis, 2010). Do oceny odrębności obu populacji wykorzystano dwa podejścia - klastrowanie bayesowskie programu Structure v2.3.4 (Pritchard et al. 2000;

Falush et al. 2003) oraz opartej na entropii metody implementowanej w pakiecie *LEA* w R (Frichot & Francois, 2015). Dla sekwencji mikrosatelitarnych wykonano także analizę głównych składowych (PCA) z użyciem pakietu *adagenet* w R (Jombart, 2008).

Fragment 354bp cytochromu b analizowano z wykorzystaniem primerów RF14724 i RF15149 (Perrine et al. 2007), natomiast do amplifikacji 343 bp fragmentu regionu kontrolnego D-Loop użyto primerów VVDL1 oraz VVDL6 (Aubry et al. 2009). Protokół reakcji PCR był zgodny z opisanym przez Perrine et al. (2007) oraz Aubry et al. (2009). W związku z problemami z namnożeniem produktu zwłaszcza dla wielu prób pochodzących od lisów dziko żyjących zaprojektowano nowe primery dla większych fragmentów obu genów (odpowiednio 878 bp i 443 bp), które obejmowały także fragmenty wspomniane wcześniej: dla cytochromu b VVGluF3 i VVCytbR3, natomiast dla regionu kontrolnego VVProF oraz VVCRR2. Warunki PCR dla nowych primerów były następujące: 94°C przez 5 minut, następnie 40 cykli obejmujących 94°C przez 45 s, 55°C przez 30 s oraz 72°C przez 1 min i 10 s, zakończone 10 min w 72°C.

Uzyskane produkty PCR były następnie oczyszczane i sekwencjonowane na kapilarnym sekwenatorze automatycznym ABI 3730. Dla dalszych analiz wykorzystano zarówno uzyskane pełne, dłuższe sekwencje obu genów, jak i sekwencje dopasowane do analizowanych w innych publikacjach (np. Aubry et al. 2009; Lounsberry et al. 2017) krótszych fragmentów. Uzyskane sekwencje były odczytane, sprawdzone pod kątem jakości chromatogramów, a następnie zapisane w formacie fasta w programie BioEdit (Hall, 1999). Następnie wykorzystano algorytm BLAST do przeszukiwania bazy danych w GenBank w celu poszukiwania znanych haplotypów oraz określenia haplotypu dla każdej próby poprzez porównanie ich w programie MEGA6 (Tamura et al. 2013). Określone haplotypy dla cytochromu b oraz D-Loop były następnie dla każdego osobnika łączone w celu jednoczesnej analizy ich zmienności w pakiecie *pegas* w R (Paradis, 2010). W celu zobrazowania rozkładu frekwencji haplotypów w

poszczególnych populacjach opracowano sieć połączeń (network) zarówno dla krótkich, jak i długich fragmentów. Analiza filogenetyczna została wykonana z wykorzystaniem wnioskowania Bayesowskiego oraz implementacji w programie MrBayes 3.2.7 (Ronquist et al. 2012) oraz metody Maximum Likelihood z IQ-TREE (Nguyen et al. 2015). Analizy metodą bayesowską z wykorzystaniem modelu substytucji GTR+G+I zostały przeprowadzone w czterech niezależnych przebiegach (po cztery łańcuchy każdy) z drzewami próbkującymi co 200 generacji łańcucha Markowa dla 60 000 000 pokoleń. W IQ-TREE wykorzystano ten sam model i analizę bootstrap z 1000 powtórzeń. W wyniku przeprowadzonych analiz uzyskano wyniki dla 24 sekwencji mikrosatelitrynych, ponieważ dla 6 nie uzyskano produktu amplifikacji.

Obie populacje różniły się zarówno liczbą alleli w poszczególnych *loci* (lisy hodowlane od 1 do 12 średnio 5.14, natomiast lisy dziko żyjące od 1 do 60, średnio 17.25), ale również poziomem heterozygotyczności zarówno obserwowanej (lisy hodowlane od 0.00 do 0.77, średnio 0.47, natomiast dziko żyjące od 0.00 do 0.91, średnio 0.66), jak i oczekiwanej (odpowiednio od 0.00 do 0.75, średnio 0.48 i od 0.00 do 0.97, średnio 0.71), a także liczbą alleli prywatnych – 27 charakterystycznych dla populacji hodowlanej i 328 dla dziko żyjącej.

Wartości współczynnika  $F_{IS}$  w obu grupach były niskie, jednak 13 spośród 23 obliczonych dla lisów dzikich istotnie różniło się od 0 wskazując na brak równowagi Hardy'ego-Weinberga, natomiast w przypadku lisów hodowlanych taka sytuacja miała miejsce jedynie w przypadku 3 sekwencji z 19. Współczynnik utrwalenia  $F_{ST}$  oszacowany zarówno dla pojedynczych sekwencji, jak i dla wszystkich łącznie ( $F_{ST} = 0.27$ ) wskazuje na istotny genetyczny dystans między populacją hodowlaną a dziko żyjącą lisa pospolitego. Wyniki analizy PCA wskazują na całkowitą genetyczną odrębność obu populacji i spójne grupowanie się między nimi. Analiza wykonana w programie Structure i pakietem LEA w R jednoznacznie wskazują podział danych na dwie subpopulacje, co potwierdza wyniki uzyskane z PCA.



W wyniku analizy mtDNA zidentyfikowano dziesięć haplotypów dla fragmentu 354 bp cytochromu b (4 haplotypy u lisów hodowlanych i 6 haplotypów u dzikich lisów), z których jeden (FOX) nie był wcześniej publikowany (numer dostępu GenBank MK244494) oraz 24 haplotypy dla fragmentu 343 bp D-Loop (5 haplotypów u lisów hodowlanych i 19 haplotypów u dzikich lisów), z których osiem (FOX1 do FOX8) nie były wcześniej publikowane (numery dostępu GenBank MK244591 - MK244598). Jeśli chodzi o „dłuższe” sekwencje (fragment genu cytochromu b o długości 878 pz i fragment D-Loop o długości 443 pz), zostały określone 23 haplotypy dla cytochromu b (6 haplotypów u lisów hodowlanych i 17 haplotypów u dzikich lisów), z których ogromna większość (FOX9 do FOX29) nie była wcześniej publikowana (numery dostępu GenBank MK244398 - MK244493); ponadto tylko 3 haplotypy (KHARKIV10, RF01 i 3) zostały wcześniej znalezione na Ukrainie, w Mongolii i Korei Południowej (Fernandes et al. 2008; Yu et al. 2012). Analiza fragmentu pętli D ujawniła 25 unikalnych haplotypów (6 haplotypów u lisów hodowlanych i 19 u dzikich lisów), z których większość (FOX30 do FOX46) nie była wcześniej publikowana (numery dostępu GenBank MK244495 - MK244590), natomiast 8 haplotypów (POLI79, P02, D08, D09, D10, D408, D658 i RS56) wcześniej zaklasyfikowane zostały do kladu holarktycznego (z wyjątkiem lisów rudych z Ameryki Północnej, Japonii i Syberii) (Kutschera et al. 2013).

Porównanie połączonych haplotypów zarówno dla krótszych, jak i dłuższych fragmentów obu regionów mtDNA wykazuje brak wspólnych haplotypów dla obu grup lisów. Charakterystycznych tylko dla lisów hodowlanych stwierdzono 6 połączonych haplotypów, natomiast występujących tylko u dzikich lisów było 19 połączonych haplotypów. Najczęściej spotykany połączony haplotyp dla krótszych fragmentów występujący w grupie lisów hodowlanych (E-86, n = 19) został wcześniej znaleziony u lisów hodowlanych (Statham et al. 2011; Statham et al. 2012) oraz w populacji ze wschodnich Stanów Zjednoczonych (Kasprowicz et al.

2016). W grupie lisów dzikich haplotypy U, U4, U33, H4 i 57 były wcześniej klasyfikowane jako europejskie lub eurazjatyckie i należały do kladu holarktycznego (Aubry et al. 2009; Statham et al. 2011; Galov et al. 2014). Porównanie połączonych haplotypów skonstruowanych przy użyciu „dłuższych” fragmentów mtDNA pokazuje również dwie odrębne grupy haplotypów charakterystycznych dla lisów hodowlanych (8 haplotypów) i dzikich (23 haplotypy). Dominowały dwa haplotypy - FOX9-FOX30 (n = 17 u lisów hodowlanych) i FOX29-D408 (n = 14 u dzikich lisów).

Obie skonstruowane sieci haplotypów (dla połączonych krótszych i dłuższych analizowanych fragmentów) wyraźnie wskazują na dwie genetycznie odrębne grupy (haplotypy „fermowe” i „dzikie” są zgrupowane osobno), co potwierdza wyniki wcześniej przedstawionych analiz sekwencji mikrosatelitarnych oraz wskazuje na odrębne, północnoamerykańskie pochodzenie lisów hodowlanych.

Drzewa filogenetyczne skonstruowane przy użyciu dwóch metod (ML i BI) miały tę samą topologię i tylko niewielkie różnice. Drzewo składało się z dziewięciu odrębnych kładów genetycznych (od A do I). Haplotypy polskich dzikich lisów rudych wraz z innymi haplotypami eurazjatyckimi i alaskańskimi tworzyły klady J i H (Aubry et al. 2009 klasyfikowali je do kladu holarktycznego), podczas gdy haplotypy polskich lisów hodowlanych grupowały się wraz z haplotypami charakterystycznymi dla Ameryki Północnej w dwóch innych kładach G i F (przez Aubry et al. 2009 zwane kładem Nearctic). Po raz kolejny potwierdza to pochodzenie północnoamerykańskie polskich lisów hodowlanych.

Wyniki przeprowadzonych badań, przedstawione w Publikacji 3), wskazują na zdecydowanie wyższe genetyczne zróżnicowanie lisów dziko żyjących w porównaniu do zwierząt hodowlanych. Jednak współczynnik inbredu  $F_{IS}$ , w przeciwieństwie do tego czego można było oczekiwać, był wyższy wśród dzikich lisów. Zarówno analiza markerów mikrosatelitarnych, jak i fragmentów mtDNA dostarczyła mocnych dowodów potwierdzających

północnoamerykańskie pochodzenie lisów pospolitych hodowanych na polskich fermach oraz genetyczną odrębność obu populacji.

Cykl przedstawionych publikacji stanowiących szczególne osiągnięcie habilitacyjne w kompleksowy sposób przedstawia porównanie dwóch populacji lisa pospolitego: hodowlanej i dziko żyjącej i pozwala wnioskować iż są to całkowicie odrębne populacje. Różnią się w sposób istotny zarówno morfologicznie, anatomicznie jak i genetycznie.

#### **Najważniejsze osiągnięcia opublikowane w pracach 1-3 to:**

- Stwierdzenie istotnej odrębności populacji hodowlanej od dziko żyjącej zarówno morfologicznej, anatomicznej, jak i genetycznej;
- Potwierdzenie pochodzenia i ścisłego powiązania genetycznego lisów hodowlanych z populacją północnoamerykańską lisa pospolitego;
- Wskazanie bardzo wyraźnych różnic w zmiennościach na wszystkich etapach analizy – zwierzęta hodowlane są bardziej wyrównane niż dziko żyjące, co najprawdopodobniej jest wynikiem silnej selekcji.

#### **Cytowana literatura:**

1. Aubry, K.B., Statham, M.J., Sacks, B.N., Perrine, J.D., & Wisely, S.M. (2009). Phylogeography of the North American red fox: vicariance in Pleistocene forest refugia. *Molecular Ecology*, 18, 2668–2686.
2. Breen, M., Jouquand, S., Renier, C., Mellersh, C.S., Hitte, C., Holmes, N.G., ... & Galibert, F. (2001). Chromosome-Specific Single-Locus FISH Probes Allow Anchorage of an 1800-Marker Integrated Radiation-Hybrid/Linkage Map of the Domestic Dog Genome to All Chromosomes. *Genome Research*, 11, 1784-1795.
3. Clutton-Brock, J. 1999. A natural history of domesticated mammals. 2nd ed. Cambridge University Press, Cambridge, UK.

4. Falush, D., Stephens, M., & Pritchard, J.K. (2003). Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics*, 164(4), 1567-87.
5. Fernandes, C.A., Ginja, C., Pereira, I., Tenreiro, R., Bruford, M.W., & Santos Reis, M. (2008). Species-specific mitochondrial DNA markers for identification of non-invasive samples from sympatric carnivores in the Iberian Peninsula. *Conservation Genetics*, 9(3), 681-690.
6. Forester, J.E., & Forester, A.D. (1973). *Silver fox odyssey. History of the Canadian silver fox industry*. Charlottetown, PEI, Canada: Canadian Silver Fox Breeders Association, Prince Edward Island Department of Agriculture and Forestry, and Irwin Printing.
7. Frichot, E. & Francois, O. (2015). LEA: an R package for Landscape and Ecological Association studies. *Methods in Ecology and Evolution*, 6, 925–929.
8. Galov, A., Sindičić, M., Andreanszky, T., Čurković, S., Deždek, D., Slavica, A., ... & Krueger, B. (2014). High genetic diversity and low population structure in red foxes (*Vulpes vulpes*) from Croatia. *Mammalian Biology-Zeitschrift für Säugetierkunde*, 79(1), 77-80.
9. Gittleman, J.L., & Valkenburgh, B. V. (1997). Sexual dimorphism in the canines and skulls of carnivores: effects of size, phylogeny, and behavioural ecology. *Journal of Zoology*, 242, 97–117.
10. Goudet J., & Jombart T. (2015). hierfstat: Estimation and tests of hierarchical F-statistics. R *package* version 0.04-22. Retrieved from <https://CRAN.R-project.org/package=hierfstat>
11. Guyon, R., Lorentzen, T.D., Hitte, C., Kim, L., Cadieu, E., Parker, H.G., ... & Ostrander, E.A. (2003). A 1-Mb resolution radiation hybrid map of the canine genome. *PNAS*, 100(9), 5296-5301.
12. Hall, T.A. (1999). BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium, Series no. 41*, 95-98.

13. Hartova-Nentvichova, M., Andera, M., & Hart, V. 2010. Sexual dimorphism of cranial measurements in the red fox *Vulpes vulpes* (Canidae, Carnivora) from the Czech Republic. *Folia Zoologica*, 59, 285–294.
14. Holmes, N.G., Dickens, H.F., Parker, H.L., Binns, M.M., Mellersh, C.S., & Sampson, J. (1995). Eighteen canine microsatellites. *Animal Genetics*, 26, 132-133.
15. Jombart, T. (2008). adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics*, 24, 1403-1405.
16. Jones, D.M., & Theberge, J.B. 1982. Summer home range and habitat utilisation of the red fox (*Vulpes vulpes*) in a tundra habitat, northwest British Columbia. *Canadian Journal of Zoology*, 60, 807–812.
17. Jouquand, S., Priat, C., Hitte, C., Lachaume, P., André, C., & Galibert, F. (2000). Identification and characterization of a set of 100 tri- and dinucleotide microsatellites in the canine genome. *Animal Genetics*, 31, 266-272.
18. Kasprowicz, A.E., Statham, M.J., & Sacks, B.N. (2016). Fate of the other redcoat: remnants of colonial British foxes in the Eastern United States. *Journal of Mammalogy*, 97, 298–309.
19. Kulawik, M., Nowicki, S., Przysiecki, P., & Frąckowiak, H. (2013). Porównawcze badania metryczne lisa pospolitego (*Vulpes vulpes*) hodowlanego i dziko żyjącego [Comparative metrical investigations of the common fox (*Vulpes vulpes*) farmed and wild]. *Nauka, Przyroda, Technologie* [Science, Nature, Technologies], 7(4), 55.
20. Kutschera, V.E., Lecomte, N., Janke, A., Selva, N., Sokolov, A.A., Haun, T., Steyer, K., Nowak, C., & Hailer, F. (2013). A range-wide synthesis and timeline for phylogeographic events in the red fox (*Vulpes vulpes*). *BMC Evolutionary Biology*, 13, 114.
21. Ladon, D., Schelling, C., Dolf, G., Switonski, M., & Schläpfer, J. (1998). The highly polymorphic canine microsatellite ZuBeCa6 is localized on canine chromosome 5q12-q13. *Animal Genetics*, 29, 466-467.

22. Lindsay, I.M., & Macdonald, D.W. (1986). Behaviour and ecology of the Ruppell's fox, *Vulpes ruppelli*, in Oman. *Mammalia*, 50, 461–464.
23. Lounsberry, Z.T., Quinn, C.B., Angulo, C., Kalani, T., Tiller, E., & Sacks, B.N. (2017). Investigating genetic introgression from farmed red foxes into the wild population in Newfoundland, Canada. *Conservation Genetics*, 18, 383–392.
24. Neff, M.W., Broman, K.W., Mellersh, C.S., Ray, K., Acland, G.M., Aguirre, G.D., ... & Rine, J. (1999). A second-generation genetic linkage map of the domestic dog, *Canis familiaris*. *Genetics*, 151, 803-820.
25. Nes, N., Einarsson, E.J., & Lohi, O. 1988. Beautiful fur Animals and their colour genetics. Denmark: Scientifur.
26. Nguyen, L.T., Schmidt, H.A., Haeseler, A. & Von, Minh, B.Q. (2015). IQ-TREE: A fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 31, 268-274.
27. Onar, V. 1999. A morphometric study on the skull of the German shepherd dog (Alsatian). *Anatomia, histologia, embryologia*, 28, 253–256.
28. Onar, V., Özcan, S., & Pazvant, G. 2001. Skull typology of the adult male Kangal dogs. *Anatomia, histologia, embryologia*, 30, 41–48.
29. Onar, V., Oktay, B., & Owen, P.R. 2005. Morphometric examination of red fox (*Vulpes vulpes*) from the Van-Yoncatepe necropolis in Eastern Anatolia. *International Journal of Morphology*, 23(3), 253–260.
30. O'Regan, H.J., & Kitchener, A.C. 2005. The effects of captivity on the morphology of captive, domesticated and feral mammals. *Mammal Reviews*, 35, 215–230.
31. Paradis, E. (2010). pegas: an R package for population genetics with an integrated–modular approach. *Bioinformatics*, 26, 419–420.
32. Perrine, J.D., Pollinger, J.P., Sacks, B.N., Barrett, R.H. & Wayne, R.K. (2007). Genetic evidence for the persistence of the critically endangered Sierra Nevada red fox in California. *Conservation Genetics*, 8 (5), 1083-1095.

33. Pritchard, J. K., Stephens, M. & Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155, 945–959.
34. R Core Team (2019). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>
35. Ronquist, F., Teslenko, M., Mark, P. Van Der, Ayres, D.L., Darling, A., Höhna, S., ... & Huelsenbeck, J.P. (2012). MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology*, 61, 539–42.
36. Schutz, H., Polly, P.D., Krieger, J.D., & Guralnick, R.P. 2009. Differential sexual dimorphism: size and shape in the cranium and pelvis of grey foxes (*Urocyon*). *Biological Journal of the Linnean Society*, 96, 339–353.
37. Statham, M.J., Trut, L.N., Sacks, B.N., Kharlamova, A.V., Oskina, I.N., Gulevich, R.G., ... & Kukekova, A.V. (2011). On the origin of a domesticated species: identifying the parent population of Russian silver foxes (*Vulpes vulpes*). *Biological Journal of the Linnaean Society*, 103, 168–175.
38. Statham, M.J., Rich, A.R., Lisius, S.K., & Sacks, B.N. (2012). Discovery of a remnant population of Sierra Nevada red fox (*Vulpes vulpes necator*). *Northwest Science*, 86, 122–132.
39. Statham, M.J., Murdoch, J., Janecka, J., Aubry, K.B., Edwards, C.J., Soulsbury, ... & Tomsett, L. (2014). Range-wide multilocus phylogeography of the red fox reveals ancient continental divergence, minimal genomic exchange and distinct demographic histories. *Molecular Ecology*, 23, 4813–4830.
40. Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A., & Kumar, S. (2013). MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. *Mol Biology and Evolution*, 30(12), 2725–2729.
41. Trut, I.N. (1999). Early canid domestication: the farm fox experiment. *American Scientist*, 87, 160–169.
42. Trut, I.N., Oskina, I., & Kharlamova, A. (2009). Animal evolution during domestication: the domesticated fox as a model. *BioEssays*, 31, 349–360.

43. Wierzbicki, H. (2005). Breeding value evaluation in Polish fur animals: factors affecting pelt prices in the international trading system. *Czech Journal of Animal Science*, 50(6), 266–272.
44. Wierzbicki, H., Filistowicz, A., & Jagusiak, W. (2004). Breeding value evaluation in Polish fur animals: statistical description of fur coat and reproduction traits—relationship and inbreeding. *Czech Journal of Animal Science*, 49(1), 16–27.
45. Wierzbicki, H., Peura, J., Filistowicz, A., & Przysiecki, P. (2007). Economic weights for litter size and fur coat traits of Arctic fox in Poland. *Journal of Animal and Feed Sciences*, 16, 140–152.
46. Yu, J.N., Han, S.H., Kim, B.H., Kryukov, A.P., Kim, S., Lee, B.Y., & Kwak, M. (2012). Insights into Korean Red Fox (*Vulpes vulpes*) Based on Mitochondrial Cytochrome b Sequence Variation in East Asia. *Zoological Science*, 29 (11), 753-760.
47. Zatoń-Dobrowolska, M., Moska, M., Wierzbicki, H., Przysiecki, P., & Mucha, A. (2012). Comparative analysis of morphometrics of wild and farm foxes (*Vulpes vulpes* L.) — preliminary results. Proc. 10th International Scientific Congress in Fur Animal Production, Copenhagen, Denmark. Wageningen Academic Publishers, Netherlands. pp. 275–279.

## 5. Omówienie pozostałych osiągnięć naukowo - badawczych

Moje zainteresowania naukowe od początku koncentrowały się na genetyce populacji i wykorzystaniu markerów genetycznych. Równolegle interesowałam się (1) wykorzystaniem markerów genetycznych w pracy hodowlanej i ich związku z cechami, (2) genetyką populacji zwierząt hodowlanych – analizą zmienności w populacji i dystansów genetycznych, (3) szacowaniem parametrów genetycznych, (4) ochroną zasobów genetycznych.



### 5.1. Wykorzystanie markerów genetycznych w pracy hodowlanej i ich związek z cechami użytkowymi.

Interesującym zagadnieniem z punktu widzenia hodowlanego jest wskazanie markerów genetycznych, które wykazywałyby związek z cechami istotnymi z punktu widzenia doskonalenia zwierząt, a które to cechy w większości przypadków są cechami ilościowymi. Przeprowadzona analiza związku markerów mikrosatelitarnych z cechami morfometrycznymi hodowlanych lisów pospolitych pozwoliła wskazać markery, których genotypy istotnie różniły się pod względem analizowanych cech. Wyniki przedstawiono w **Publikacji 4)**. Podobną analizę wykonano także dla hodowlanej populacji wizona amerykańskiego (**Publikacja 13**).

Podjęto także próbę wykorzystania łączenia prób tzw. pooling samples do analizy genetycznych zależności, wyniki analiz przedstawiono w **Publikacji 5)**.

Przegląd możliwych biotechnik, które mają znaczenie w hodowli zwierząt i mogą przyczynić się do doskonalenia cech przedstawiono w **Publikacji 11)**.

Lisy polarne charakteryzują się specyficznym polimorfizmem kariotypowym, czyli zmiennością w liczbie chromosomów. Wyróżnia się lisy z liczbą chromosomów wynoszącą  $2n = 50, 49$  i  $48$ . Prowadzone badania wskazywały na wpływ tej zmienności na różne cechy lisów. Wykonano szeroka analizę związku polimorfizmu kariotypowego a cechami reprodukcji (**Publikacja 24)**, płodnością (**Publikacja 26)**, a także wzrostem zwierząt i jakością skór (**Publikacja 29)**. Wykonano także analizę związku polimorfizmu transferryny z umaszczeniami lisa polarnego i pospolitego (**Publikacja 27**).

Opracowano pracę przeglądową dotyczącą znaczenia polimorfizmu kappa-kazeiny w hodowli bydła (**Publikacja 33**), w której przedstawiono wyniki wielu badań wskazujących istotną zależność między genotypem kappa-kazeiny a wydajnością mleka i jego parametrami technologicznymi.

5.2. Genetyką populacji zwierząt hodowlanych – analiza zmienności w populacji i dystansów genetycznych.

Zagadnienia związane z szeroko rozumianą genetyką populacji stanowią ważny fragment moich zainteresowań naukowych. Dotyczyła tego zagadnienia praca doktorska, w której w oparciu o polimorficzne białko, jak i sekwencje mikrosatelitarne oszacowano dystans genetyczny między populacjami lisa pospolitego i polarnego, wykazując, że gatunki stanowią odrębne grupy. Wyniki dotyczące dystansu genetycznego między tymi gatunkami oszacowane w oparciu o zmienność transferryiny przedstawiono w **Publikacji 7)** oraz **Publikacji 32)**.

Ważnym elementem w realizowanych badaniach była analiza zmienności i szacowanie dystansu genetycznego dla różnych ras bydła czerwonego w oparciu o różnego typu markery genetyczne, zarówno o geny, geny białek mleka, jak i *loci* mikrosatelitarne (**Publikacja 6)**, **Publikacja 19)**, **Publikacja 20)** ). Podobne badania wykonano także dla różnych ras owiec - **Publikacja 18)**.

Wykonałam analizy zmienności dla populacji wizona amerykańskiego - **Publikacja 12)**, oraz obu gatunków lisów: pospolitego i polarnego – **Publikacja 14)**, **Publikacja 15)** oraz **Publikacja 23)**, **Publikacja 30)** i **Publikacja 31)**.

W oparciu o zdobytą wiedzę z zakresu genetyki populacji brałam udział w opracowaniu we współautorstwie monografii, stanowiącej także podręcznik akademicki – **Publikacja 10)**.

5.3. Szacowanie parametrów genetycznych.

Innym zagadnieniem, którym się interesuję, a które jest związane także z genetyką populacji i analizą związku pomiędzy cechami, jest szacowanie parametrów genetycznych i analiza wpływu czynników takich jak płeć, sezon urodzenia, czynniki środowiskowe na wielkość ciała i cechy użytkowe lisów polarnych i pospolitych – **Publikacja 16)**, ale także współpraca w tym zakresie

w analizach dotyczących cech u koni w zakładach treningowych – **Publikacja 21) i 22)**.

#### 5.4. Ochrona zasobów genetycznych.

Zagadnienia dotyczące ochrony zasobów genetycznych, w tym także genetyki konserwatorskiej i analizy wpływu gatunków inwazyjnych zostały przedstawione w formie dwóch monografii – **Publikacja 8) i 9)**.

#### 5.5. Pozostałe badania

Poza tym w swoim dorobku wykonywałam także badania dotyczące behawioru kóz (**Publikacja 17)** ), a także brałam udział w pracach dotyczących opisanie nowej odmiany barwnej u lisów polarnych - **Publikacja 34)**.

### **6. Omówienie działalności dydaktycznej, popularyzatorskiej i organizacyjnej.**

#### **6.1. Działalność dydaktyczna:**

Działalność dydaktyczna stanowi istotny element mojej pracy w Uniwersytecie Przyrodniczym we Wrocławiu. Wykaz prowadzonych przeze mnie indywidualnie lub zespołowo przedmiotów przedstawia się następująco:

#### **Przedmioty obligatoryjne (nazwa, kierunek, rodzaj):**

- Genetyka populacji i cech ilościowych (Biologia) – wykład i ćwiczenia
- Genetyka populacji (Bioinformatyka) – wykład i ćwiczenia
- Genetyka (Zootechnika, Biologia) – ćwiczenia
- Podstawy hodowli zwierząt (Zootechnika) – ćwiczenia
- Informatyka (Zootechnika) – ćwiczenia
- Biometria (Zootechnika) - ćwiczenia
- Metody hodowlane (Zootechnika) - ćwiczenia

**Przedmioty fakultatywne (nazwa, kierunek, rodzaj):**

- Kynologia i felinologia (Zootechnika) – wykład, ćwiczenia
- Hodowla zwierząt towarzyszących (Zootechnika) - wykład, ćwiczenia
- Genetyka populacji zwierząt gospodarskich (Zootechnika) - wykład, ćwiczenia
- Terapeutyczne wykorzystanie zwierząt (Biologia człowieka) - wykład, ćwiczenia
- Dzicy przodkowie i krewni zwierząt towarzyszących (Biologia, Zootechnika) – wykład i ćwiczenia
- Bioróżnorodność organizmów (Biologia) – wykład, ćwiczenia, ćwiczenia terenowe

Prowadziłam i prowadzę również zajęcia w języku angielskim dla studentów programu Erasmus:

- Population genetics – wykład i ćwiczenia,
- Wild ancestors and relatives of pets – wykłady i ćwiczenia,

Przygotowałam autorskie i współautorskie programy wykładów i ćwiczeń z następujących przedmiotów:

- Genetyka populacji
- Kynologia i felinologia
- Hodowla zwierząt towarzyszących
- Genetyka populacji zwierząt gospodarskich
- Terapeutyczne wykorzystanie zwierząt
- Dzicy przodkowie i krewniacy zwierząt towarzyszących
- Bioróżnorodność organizmów (**Załącznik nr 5, III. I**)

Dotychczas byłam opiekunem **61 prac inżynierskich i licencjackich** oraz **30 prac magisterskich** realizowanych przez studentów Zootechniki, Biologii i Bioinformatyki Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu (**Załącznik nr 5,**

**III. J).** Byłam również promotorem pomocniczym w 1 przewodzie doktorskim zakończonym obroną oraz jestem promotorem pomocniczym w 2 otwartych przewodach doktorskich (**Załącznik nr 5, III. K).**

Jestem także opiekunem Studenckiego koła naukowego „Kynologów”.

### **6.2. Działalność popularyzatorska**

Jestem współautorką 1 pracy o charakterze popularno-naukowym, prowadziłam dla dzieci warsztaty „DNA – kod życia” w ramach projektu UniKids w Świdnicy i Wałbrzychu oraz wygłosiłam wykład w ramach Dolnośląskiego Festiwalu Nauki „Pies – towarzysz czy przyjaciel?” (**Załącznik nr 5, III. I).**

### **6.3. Działalność organizacyjna**

Ważną część mojej pracy stanowi także działalność organizacyjna. W trakcie zatrudnienia w Uniwersytecie Przyrodniczym we Wrocławiu pełniłam funkcję prodziekana ds. kierunku bioinformatyka i bezpieczeństwo żywności w kadencji 2012-2016. W tym czasie brałam udział w opracowaniu, uruchomieniu i wdrożeniu II stopnia studiów na kierunku Bioinformatyka. Przez dwie kadencje (2012-2016, 2016-2020) jestem członkiem Senatu Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu jako przedstawiciel adiunktów z WBiHZ. W tym czasie byłam członkiem Senackiej Komisji Kadry Naukowej oraz Senackiej Komisji Spraw Studenckich i Edukacji. Od roku 2019 jestem członkiem Rektorskiej komisja ds. przeciwdziałania dyskryminacji.

Przez 8 lat byłam przedstawicielem adiunktów w Radzie Wydziału (kadencje 2008-2012, 2016-2020), przez wiele lat członkiem Komisji Programowej dla kierunku Zootechnika (kadencja 2005 – 2008, 2008 – 2012, 2016-2020) oraz członkiem Zespołu do przygotowania planu i programu studiów I stopnia kierunku Bezpieczeństwo żywności (2012).

Od roku 2016 pełnię funkcję Przewodniczącej Wydziałowej Komisji ds. Dydaktyki i Jakości Kształcenia.

W ostatnich latach brałam udział jako przewodniczący oraz członek w pracach zespołów ds. opracowania raportów dla PKA dla kierunków bezpieczeństwo żywności, bioinformatyka, biologia, zootechnika.

Od roku 2017 pełnię na uczelni rolę Koordynatora Uczelnianego Dolnośląskiego Festiwalu Nauki.

Podczas pracy na Uczelni wielokrotnie pracowałam w różnych komisjach: Wydziałowej Komisji Wyborczej (członek), Wydziałowej komisji ds. oceny adiunktów (sekretarz), Komisji rekrutacyjnych (sekretarz i przewodniczący). Byłam także opiekunem roku na kierunku Bioinformatyka i koordynatorem ECTS dla kierunku Zootechnika i Bioinformatyka.

W 2004 i 2012 roku byłam członkiem Komitetu Organizacyjnego cyklicznej konferencji międzynarodowej International Conference Genetic Days. W 2009 roku jako członek komitetu organizacyjnego organizowałam Zjazd Katedr Genetyki i Metod Hodowlanych w Dusznikach Zdroju. W 2009 natomiast byłam członkiem Komitetu naukowego IV Międzynarodowej Konferencji Nauk o Człowieku „W pierścieniu wspomnień. Zostałam zaproszona także jako członek komitetu naukowego do wzięcia udziału w organizacji w Polsce XIIth International Scientific Congress in Fur Animal Production (IFASA) w roku 2020.

Wielokrotnie byłam egzaminatorem na egzaminach dyplomowych inżynierskich na studiach stacjonarnych pierwszego stopnia na kierunku Zootechnika (2005, 2007-2018). Pracowałam także jako przewodniczący w komisjach egzaminacyjnych dla kierunku Bioinformatyka i Bezpieczeństwo żywności.

Data i podpis: 29.04.2019

