

## 8. Závěr

Během svého studia jsem při statistickém zpracování dat z genetických experimentů zmapoval 16 lokusů a stanovil tři epistáze. Z toho počtu bylo deset lokusů a všechny epistáze zapojeno do regulace produkce imunoglobulinu E po infekci myši *Leishmania major*, šest se podílelo na regulaci produkce interleukinu-2 po stimulaci buněk in vitro.

Na Oddělení molekulární a buněčné imunologie Ústavu molekulární genetiky AV ČR v Praze byla pomocí rekombinantních kongenních kmenů myši zmapována a publikována poloha 17 lokusů, které kontrolují odpověď k infekci parazitem *Leishmania major* (shrnutí v Lipoldová et Demant 2006) a 17 lokusů, které modifikují aktivaci lymfocytů (částečně shrnuli van Wezel et al. 2001). Celkem umožnil tento model prozatím stanovení polohy více než 100 genů (částečně shrnuto v Lipoldová et Demant 2006, van Wezel et al. 2001, Müllerová et Hozák 2004).

Přesnou polohu genů, mapovaných na Oddělení molekulární a buněčné imunologie, bude možno prokázat po dokončení rekombinantního mapování a funkční analýzy. Je také známo, že mnohé z lokusů, které kontrolují vnímavost k infekci *Leishmania major*, se překrývají s lokusy, které kontrolují vnímavost k jiným infekcím. To naznačuje, že mnohé z těchto genů buď kontrolují odolnost vůči více patogenům, nebo v těchto segmentech existují shluky funkčně příbuzných genů (Lipoldová et Demant 2006).

Gen *Sccl* (*Ptprj*), identifikovaný za pomoci RCS myši, se podařilo prokázat i na molekulární úrovni v NKI v Amsterodamu, byl nalezen jeho lidský homolog PTPRJ (Ruivenkamp et al. 2002) a byla popsána jeho úloha při kontrole nádorového bujení. Jiní autoři (Iuliano et al. 2004) ukázali, že mutace tohoto genu se vyskytuje i v jiných typech nádorů.

Na závěr můžeme konstatovat, že genetický model rekombinantních kongenních kmenů lze považovat za vysoce perspektivní a v blízké budoucnosti pro poznávání molekulárního pozadí dlouhé řady genetických chorob za zcela neodmyslitelný.

Stanovených cílů se během studia podařilo dosáhnout.