

Szczecin, dn. 28.01.2026 r

dr hab. Inga Kowalewska, prof. ZUT
Katedra Genetyki
Wydział Biotechnologii i Nauk o Zwierzętach
Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie

Recenzja

**rozprawy doktorskiej lek. wet. mgr Pauliny Jundziłł-Bogusiewicz
pt. „Analiza zmienności fenotypowej i genetycznej polskiego spaniela myśliwskiego”
wykonanej pod kierunkiem dr hab. Joanny Gruszczyńskiej, prof. SGGW oraz dr inż.
Beaty Grzegorzółki w Katedrze Genetyki i Ochrony Zwierząt Instytutu Nauk
o Zwierzętach Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie**

Ocena formalna

Podstawę formalną do wykonania recenzji stanowi pismo z dnia 01.12.2025 r. podpisane przez dr hab. inż. Macieja Kamaszewskiego, prof. SGGW, Przewodniczącego Rady Dyscypliny Zootechnika i Rybactwo Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie zawierające prośbę o sporządzenie recenzji. Recenzję sporządzono na podstawie dokumentacji, spełniającej wymagania określone w art. 187 ustawy z 20 lipca 2018 r Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2024 r. poz 1571 z późn. zm.).

Przedstawiona do oceny dysertacja napisana jest w formie jednolitej monografii liczącej 165 stron. Układ pracy i podział treści jest zgodny z przyjętym schematem dla tego typu prac. Praca doktorska zawiera: Oświadczenie promotora rozprawy doktorskiej i Oświadczenie autora rozprawy doktorskiej (strona 3), Spis treści (strony 6-8), Streszczenie w języku angielski (strony 9-12), Wstęp (strony 13-14), Przegląd piśmiennictwa strony (15-38), Cel pracy (strona 39), Zakres pracy (strona 40), Hipotezy badawcze (strona 41), Materiał i metody badań (podzielone na dwie sekcje: Materiał i Metodyka badań, strony 42-71), Omówienie i dyskusja wyników (strony 72-122), Identyfikacja mutacji (strony 123-134), Wnioski (strony 135-136), Podsumowanie (strony 182-185), Wnioski (strony 135-136), Bibliografia (strony 137-153) oraz Aneks zawierający pięć załączników (strony 154-165). Dysertacja zawiera 165 pozycji literaturowych, 8 aktów prawnych oraz 22 odnośniki do stron internetowych i programów komputerowych. W skład rozprawy wchodzi też 31 tabel oraz 41 rycin.

Ocena merytoryczna

Obecnie polski spaniel myśliwski (PSM) pozostaje rasą nieuznaną przez Międzynarodową Federację Kynologiczną (FCI). Choć jest uznawany na poziomie krajowym przez Związek Kynologiczny w Polsce (ZKwP) (od 1 stycznia 2017 r. w Polsce otwarta jest księga wstępna dla tej rasy), proces pełnego uznania międzynarodowego jest długotrwały i wymaga spełnienia rygorystycznych kryteriów populacyjnych i zdrowotnych.

Celem uznawania ras psów typowych dla danego kraju przez FCI nie jest tworzenie mody na nowe rasy, lecz ochrona, standaryzacja i międzynarodowe uporządkowanie dorobku hodowlanego poszczególnych państw. Uznanie rasy przez FCI stanowi najważniejszy krok w procesie budowania jej globalnej tożsamości oraz zabezpieczenia dziedzictwa kynologicznego kraju pochodzenia.

Można powiedzieć, że rasy narodowe psów mogą być traktowane jako element niematerialnego dziedzictwa kulturowego. Dlatego ich oficjalne uznanie zapobiega zanikowi rasy lub jej chaotycznemu rozmnażaniu, zabezpiecza historyczny typ użytkowy i wygląd psa oraz formalnie przypisuje kraj pochodzenia jako „właściciela wzorca”. Dzięki temu konkretne państwo zachowuje odpowiedzialność za kierunek rozwoju rasy, aktualizacje wzorca i nadzór nad jej charakterem. Przykładami ras objętych taką ochroną są m.in. ogar polski, chart polski, polski owczarek niziny i polski owczarek podhalański.

Innym istotnym celem uznania przez FCI jest ujednoczenie wzorca rasy na poziomie międzynarodowym. Po uznaniu obowiązuje jeden oficjalny standard we wszystkich krajach członkowskich, co eliminuje rozbieżności w typie, wielkości, umaszczeniu czy cechach psychicznych. Zapobiega to tzw. dryfowi hodowlanemu, czyli stopniowemu odchodzeniu od pierwotnego typu rasy w różnych państwach, i pozwala zachować jej spójny wygląd oraz charakter na całym świecie.

Uznanie przez FCI wprowadza rasę do międzynarodowego systemu rodowodowego i regulaminowego. Oznacza to objęcie jej jednolitymi zasadami hodowlanymi i wystawowymi oraz możliwość prowadzenia obowiązkowych badań zdrowotnych. Dzięki temu hodowla staje się bardziej przejrzysta, łatwiej kontrolować pulę genetyczną i ograniczać patologie wynikające z niekontrolowanego rozmnażania. Rygorystyczne przestrzeganie wzorca rasy zapobiega również przypadkowym krzyżówkom i niepożądanym zmianom w wyglądzie lub charakterze psów, co pozwala zachować ich unikalne cechy użytkowe i fizyczne przez kolejne pokolenia.

Po uznaniu rasy przez FCI psy tej rasy mogą otrzymywać rodowody honorowane we wszystkich krajach członkowskich federacji, brać udział w wystawach międzynarodowych CACIB oraz zdobywać tytuły międzynarodowe, takie jak Międzynarodowy Champion Piękności (C.I.B.) czy Międzynarodowy Champion Pracy (C.I.T.). Umożliwia to także start w zawodach użytkowych jako pełnoprawna rasa. Bez uznania FCI takie możliwości są ograniczone lub całkowicie niedostępne.

Istotnym aspektem jest również transparentność dokumentacji hodowlanej. Uznanie rasy pozwala na pełną wymiennność rodowodów między krajami członkowskimi FCI. Hodowcy mogą bez przeszkód sprzedawać szczenięta za granicę, sprowadzać reproduktory i współpracować międzynarodowo, mając pewność, że dokumentacja będzie uznawana globalnie. Sprzyja to ograniczaniu chowu wsobnego i utrzymaniu zdrowia całej populacji. FCI uznaje wyłącznie rasy genetycznie i fenotypowo ustabilizowane, o odpowiedniej liczebności populacji, rozmnażające się „w typie” przez kilka pokoleń oraz posiadające udokumentowaną historię i pochodzenie. Uznanie jest więc formalnym potwierdzeniem, że dana rasa nie jest już jedynie lokalnym typem użytkowym, lecz dojrzałą rasą w sensie kynologicznym.

W przypadku ras użytkowych, w szczególności myśliwskich, uznanie przez FCI często wiąże się z zatwierdzeniem regulaminów prób pracy. Ma to na celu zagwarantowanie, że pies nie stanie się wyłącznie „ozdobą wystawową”, lecz zachowa instynkty, pasję do pracy i sprawność fizyczną, do których został wyhodowany.

Dlatego też wybór problemu badawczego recenzowanej rozprawy doktorskiej uważam za w pełni uzasadniony, zarówno pod względem poznawczym jak i aplikacyjnym.

Rozdział **Wstęp** jest przede wszystkim przedstawieniem rasy polski spaniel myśliwski w ujęciu zarówno historycznym jak i opisem stanu obecnego populacji. Tekst jest bardzo bogaty faktograficznie i dobrze osadzony w literaturze naukowej oraz dokumentach instytucjonalnych (FCI, ZKwP, ACVO). Warto zaznaczyć rzetelne udokumentowanie: historii rasy PSM, procedur uznania przez FCI, dynamiki liczebności populacji, podstaw genetyki populacyjnej, molekularnych podstaw wybranych chorób, które mogą wystąpić u ras, które brały udział w tworzeniu rasy polski spaniel myśliwski, czyli dziedziczny niedobór fosfofruktokinazy mięśniowej, postępujący czopkowo-pręcikowy zanik siatkówki typu 1, postępująca atrofia siatkówki i krótkoogoniastość (geny *PFKM*, *RPGRIP*, *PRCD*, *T-box*). Opis wskaźników i parametrów opisujących zmienność genetyczną na bazie analizy rodowodowej jest na wysokim poziomie naukowym: definicje są poprawne, cytowania adekwatne, a opis metod i wskaźników zgodny z literaturą. Opis wybranych genów jest bardzo dobry

merytorycznie i aktualny; poprawnie oddaje aktualny stan wiedzy. Chciałabym jednak zwrócić uwagę, że w tym rozdziale, zwłaszcza w przypadku części 2.1 silnie dominuje jedno źródło: Łakomik-Kaszuba (2016, 2021, 2022), dlatego też warto rozważyć dodanie choć 1–2 niezależnych źródeł historycznych (np. archiwalne opracowania kynologiczne, publikacje ZKwP, artykuły historyczne o kynologii w Polsce), albo jasno zaznaczyć, że rekonstrukcja historii rasy w dużej mierze opiera się na dorobku jednego autora.

Kolejną część rozprawy doktorskiej stanowią rozdziały: **Cel pracy, Zakres pracy** oraz **Hipotezy badawcze**. Powyższe rozdziały są spójne z wcześniejszym przeglądem piśmiennictwa i logicznie wynikają z przedstawionego tła naukowego. Można skonstatować, że przedłożona do recenzji praca ma charakter kompleksowy (analiza fenotypów, rodowodów, markerów genetycznych), cel jest aktualny i istotny praktycznie (zarządzanie nową rasą FCI) oraz że zakres badań jest ambitny, ale realny metodologicznie. Fragment: *„Dotychczas jeszcze nie prowadzono żadnych badań, które obejmowałyby swoim zakresem analizę zmienności fenotypowej i genetycznej oraz diagnostykę chorób genetycznych u rasy polski spaniel myśliwski.”* - to bardzo mocne i ważne zdanie, dobrze uzasadniające nowatorski charakter pracy.

Rozdziały **Material i Metodyka badań**, które równie dobrze mogłyby stanowić jeden rozdział, są bardzo obszerne, szczegółowe i w poprawne merytorycznie. Chcę podkreślić, że obydwa rozdziały w pełni spełniają wymagania stawiane wymogom pracy doktorskiej w zakresie: jasnego określenia materiału badawczego (fenotyp, rodowody, DNA), opisu procedur terenowych, laboratoryjnych i analitycznych, podania źródeł danych, liczebności prób, zakresu czasowego, zastosowania uznanych protokołów, zestawów komercyjnych i literatury źródłowej oraz zachowania powtarzalności metod. Pozwolę sobie zauważyć, że w przypadku wykonania pomiarów zoometrycznych dobrze byłoby dodać informację o powtarzalności tych pomiarów (czy każdy pomiar wykonano jeden raz czy wielokrotnie). Przy opisie analiz molekularnych mtDNA powinno być wyraźnie zaznaczone, że jest to dobór nielosowy. I tu pojawia się pytanie na ile wyniki analiz mtDNA są reprezentatywne dla całej populacji? W mojej ocenie nie ma konieczności opisywania całej metodyki danego badania kiedy jest ono wykonywane zgodnie z protokołem dostarczanym przez producenta np. izolacja DNA z cebulek włosów, izolacja DNA z krwi obwodowej, oczyszczanie produktów PCR, bo powoduje to, że opis ten jest zbyt drobiazgowy. Natomiast przy opisie PCR brakuje informacji o kontrolach dodatnich i ujemnych PCR.

Kolejny z rozdziałów recenzowanej dysertacji to **Omówienie i dyskusja wyników**. Rozdział jest bardzo obszerny, logicznie ustrukturyzowany i poprawny merytorycznie. Obejmuje trzy kluczowe bloki analiz: zmienność fenotypowa, analiza rodowodowa, zmienność genetyczna na podstawie markerów mikrosatelitarnych. Warte podkreślenia jest to, że zastosowane metody są adekwatne do celów pracy, interpretacje są ostrożne i w większości uzasadnione, wyniki są poprawnie odnoszone do danych literaturowych oraz zachowana jest spójność z rozdziałami Materiał i Metodyka badań. Natomiast rozdział ten wymaga istotnego dopracowania redakcyjnego i porządkowego, bo np. przesunięcie w numeracji rycin począwszy od ryciny 17 (opisana w tekście pracy jako rycina 20) trochę utrudnia analizę tekstu w pracy lub np. podpis po ryciną (rycina 25) wskazuje, że „czerwonym znacznikiem zaznaczono różnice w sekwencjach”, lecz brak na rycinie tegoż koloru.

Na stronie 93 jest zdanie mówiące o tym, udział poszczególnych założycieli rasy PSM był wysoce nierównomierny i, że rzeczywisty wkład genetyczny do populacji był silnie skoncentrowany wokół kilku osobników. Czy wiadomo co było przyczyną takiej sytuacji? Inną kwestią, która wymaga wyjaśnienia lub opisanie to nierówna liczba osobników przebadanych pod względem 22 sekwencji mikrosatelitarnych (tabela 28, strona 101). Na stronie 109 można znaleźć następujące zdania: „Dzięki przeprowadzonej analizie korespondencji FCA, która pozwala na odpowiednie umiejscowienie na wykresie przestrzennym 3D osobników względem siebie w zależności od podobieństwa ich genotypów (Rycina 19). Widoczny na wykresie rozkład punktów (każdy punkt reprezentuje 1 osobnika) wskazuje na podobieństwo genetyczne osobników obu płci w badanej populacji.” Przyznam, że w pierwszym z tych zdań czegoś brakuje i nie wiem co doktorantka chciała napisać.

Rozdział **Identyfikacja mutacji** w mojej ocenie jest rozdziałem, który łączy w sobie część metodyczną oraz wyniki i ich omówienie. Jest on jak najbardziej właściwie napisany i prawidłowy metodycznie, są odniesienia do wyników otrzymanych przez innych autorów. Niestety nie rozumiem powodu takiego wyodrębnienia, zwłaszcza, że brakuje na koniec rozdziału kilku zdań podsumowania, które można znaleźć w kolejnym rozdziale (Wnioski) w postaci punktu 8. Na podkreślenie zasługuje rzetelność przedstawiania otrzymanych wyników genotypowania wraz z dokumentacją w postaci elektroforegramów głównie żeli agarozowych. Czy rozdział fragmentów po trawieniu fragmentu genu *T-BOX* wymagał jakiś specjalnych warunków, że był prowadzony przy użyciu żelu poliakrylamidowego?

Kolejny rozdział to **Wnioski**, które doktorantka przedstawiła w postaci 9 punktów. Taki podział uważam za uzasadniony i prawidłowy, bo dzięki temu w czytelny sposób wyrażone

zostały konkluzje z tak dużej ilości zaprezentowanych wyników. Wnioski te charakteryzują się poprawnością merytoryczną, co dowodzi pełnej realizacji założeń pracy doktorskiej.

Rozdział **Bibliografia** składa się z trzech części – spisu publikacji, spisu cytowanych aktów prawnych oraz spisu stron internetowych. Sam spis publikacji liczy 165 pozycji, z czego większość pozycji ma zasięg międzynarodowy. Wszystkie pozycje w tym rozdziale zostały dobrane prawidłowo oraz wykorzystane we właściwy sposób. Z obowiązku recenzenta wymieniam uwagi edytorskie, które w niczym nie umniejszają odpowiednio dobranego i wykorzystanego piśmiennictwa:

W tekście dysertacji brak kilku pozycji ze spisu piśmiennictwa: 11 (Bell i wsp. 2012), 16 (Brooks i Sargan, 2001), 39 (Głazewska i Prusak, 2012), 44 (Graphodatsky i wsp., 2006), 54 (Hedrick i Kalinowski, 2000), 72 (Kobryńczuk i Borkowski, 1999), 121 (Schoenebeck i Ostrander, 2014).

W spisie brak pozycji wykorzystanej w tekście: Łakomik-Kaszuba, 2019 (2006) (strona 13), Papaioannou i Silver, 1998 (strona 37), Radko i Podbielska, 2021 (strona 114), Radko i wsp., 2025 (strona 114), Lewis i Mellersh, 2019 (strona 126)

Strona 114 jest: Radko, 2017, a powinno być Radko i wsp., 2017

Uwagi redakcyjne dotyczące całej dysertacji, które zalecam wprowadzić przed oddaniem pracy do druku w czasopismach naukowych

W tekście występuje dużo drobnych, ale systematycznych błędów edytorskich, które warto poprawić: brak spacji, literówki i drobne błędy (np. „prąd” zamiast przed, „czopkowo-pręcikowa” → raz z „ą”, raz bez [ujednolicić], Autorka/autorka).

Pisownia nazw genów powinna być ujednolicona, czyli zawsze kursywa, pisownia nazw enzymów też wymaga uporządkowania.

Niespójność stylu cytowani: np. raz: (Łakomik Kaszuba, 2016), a raz: (Łakomik-Kaszuba, 2016).

Wymienione uwagi w żaden sposób nie umniejszają przedstawionej do recenzji rozprawy i prezentowanych w niej wyników badań. Dysertację oceniam bardzo wysoko zarówno od strony merytorycznej jak i formalnej i uważam, że stanowi ona wartościowe opracowane naukowe, posiadające walory poznawcze, jak i aplikacyjne.

Reasumując, przedstawiona do oceny rozprawa doktorska lek. wet. mgr Pauliny Jundziłł-Bogusiewicz spełnia wymagania stawiane rozprawom doktorskim i odpowiada warunkom określonym w artykule 187 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz.U. z 2024 r poz 1571 z późn. zm.). W związku z powyższym wnoszę do

Wysokiej Rady Dyscypliny Zootechnika i Rybactwo Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie o dopuszczenie lek. wet. mgr Pauliny Jundziłł-Bogusiewicz do dalszych etapów postępowania o nadanie stopnia doktora w dziedzinie nauk rolniczych w dyscyplinie zootechnika i rybactwo.

Podpisano przez/ Signed by:
INGA
KOWALEWSKA
Data/ Date: 29.01.2026 11:06
mSzafir