

Poznań, 15 stycznia 2026 r.

Prof. dr hab. Tomasz Szwaczkowski
Katedra Genetyki i Podstaw Hodowli Zwierząt
Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Recenzja

rozprawy doktorskiej pt.

Analiza zmienności fenotypowej i genetycznej polskiego spaniela myśliwskiego

autorstwa lek. wet. mgr Pauliny Karylli Jundziłł-Bogusiewicz,

wykonanej z Katedrze Genetyki i Ochrony Zwierząt

Instytutu Nauk o Zwierzętach

Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie.

Promotor: dr hab. Joanna Gruszczyńska, prof. SGGW

Promotor pomocniczy: dr inż. Beata Grzegrzółka

1. Podstawa prawna wykonania recenzji

Podstawą przygotowania recenzji było pismo przewodniczącego Rady Naukowej Dyscypliny Zootechnika i Rybactwo Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie – dr. hab. Macieja Kamaszewskiego, prof. SGGW, z dnia 1 grudnia 2025 (sygnatura: RDZiR -1/2025, INoZ.5100.3.2022), powołującego się na uchwałę Rady Naukowej Dyscypliny Zootechnika i Rybactwo SGGW z dnia 20 listopada 2025 r. w sprawie wyznaczenia recenzentów wyżej wymienionej rozprawy doktorskiej.

2. Ocena formalna dysertacji

Dysertację doktorską stanowi pisemne opracowanie, obejmujące 165 stron tekstu. Dołączone zostały oświadczenia promotorki i doktorantki. Dr hab. Joanna Gruszczyńska, prof. SGGW oświadcza, że spełnione zostały przez doktorantkę warunki do przedstawienia rozprawy w postępowaniu o nadanie stopnia naukowego doktora. Z kolei w oświadczeniu doktorantki znajduje się stwierdzenie o samodzielności przygotowania rozprawy. Ponadto, kandydatka do stopnia doktora oświadcza, że:

a/ przygotowana rozprawa nie była wcześniej poddawana procedurom o nadanie stopnia doktora;

b/ papierowa wersja rozprawy jest zgodna z elektroniczną;

Autorka dysertacji zapewniła również, że przyjęła do wiadomości fakt poddania tekstu procedurze kontroli antyplagiatowej.

Struktura przedłożonej mi do oceny rozprawy jest typowa dla oryginalnych prac twórczych, obejmując: anglojęzyczne streszczenie, wstęp, przegląd piśmiennictwa, cel i krótką informację o zakresie pracy, hipotezy badawcze, opis materiału badawczego i metodyki badań, omówienie i dyskusję wyników, wnioski, bibliografię oraz aneks, składający się z pięciu załączników. Ważnym elementem pracy jest tzw. mapa kojarzeń w populacji polskiego spaniela myśliwskiego w latach 1993-2021.

3. Ocena merytoryczna rozprawy

W przeciwieństwie do gatunków zwierząt gospodarskich, pies nie jest zbyt częstym obiektem badań naukowych. Dotychczasowe prace koncentrowały się głównie na identyfikacji podłoża zaburzeń w rozrodzie oraz detekcji mutacji warunkujących choroby i defekty genetyczne. Natomiast niewiele jest w literaturze wyników z zakresu genetyki populacji i programów hodowli tego gatunku zwierząt. Należy przypomnieć, że liczebność populacji psów w naszym kraju kształtuje się obecnie na poziomie 8 milionów. Nie sposób nie dostrzec też dokonywujących się zmian roli psa we współczesnych przestrzeniach społecznych.

Recenzowana praca koncentruje się na analizie zmienności fenotypowej i genetycznej polskiego spaniela myśliwskiego, w kontekście możliwości uznania tej rasy Międzynarodową Federacją Kynologiczną. Tematyka dysertacji spełnia więc wszelkie warunki naukowej oryginalności oraz posiada duże walory użyteczne.

W pierwszych dwóch częściach dysertacji (wstępie i przeglądzie piśmiennictwa), Autorka przekonująco uzasadnia celowość podjętych badań. Jak już wspomniano, badania te ukierunkowane były na osiągnięcie ważnego celu, jakim jest uznanie polskiego spaniela myśliwskiego przez Międzynarodową Federację Kynologiczną. Wymaga to spełnienia wielu warunków, do których znajdujemy odniesienie w recenzowanej

rozprawie. Na tej podstawie formułowane są cele dysertacji: określenie zmienności fenotypowej i zmienności genetycznej oraz identyfikacja nosicieli zmutowanych alleli wybranych genów. Z powyższym dobrze korespondują weryfikowane hipotezy badawcze. Analizę przeprowadzono na dostatecznie liczbnym materiale zwierzęcym, o zapewniającej reprezentatywność strukturze wiekowo-płciowej. Pomiarami zoometrycznymi objęto 85 osobników (29 samców i 56 samic; 36 osobników w wieku 1-2 lat, 22 w wieku 2-3 lata i 27 powyżej 3 lat), rejestrując 14 cech eksterieru. Dokonano porównania cech między samcami i samicami oraz trzema grupami wiekowymi, stosując dobrze dobrane metody statystyczne, co potwierdza kompetencje doktorantki, także w tym zakresie. Na uznanie zasługuje fakt, że pomiary zoometryczne zostały osobiście wykonane przez mgr P. K. Jundziłł-Bogusiewicz.

Natomiast w analizie rodowodowej wykorzystano informacje o 548 osobnikach, urodzonych w latach 1996-2024. Ważnym obszarem badawczym były również analizy molekularne, w których użyto materiał genetyczny 216 osobników w latach 2019-2024.

Szacowanie parametrów rodowodowych (współczynnika inbredu, współczynnika średniego spokrewnienia, efektywnej wielkości populacji, liczby założycieli, efektywnej liczby założycieli, efektywnej liczby przodków i kompletności rodowodu) przeprowadzono z wykorzystaniem pakietu ENDOG

Należy zauważyć, że w przeciwieństwie do gatunków zwierząt gospodarskich, zarówno rejestracja cech fenotypowych jak i kolekcjonowanie materiału biologicznego psa domowego odbywa się w odmiennych, z definicji trudniejszych warunkach, z uwagi na dużą dywersyfikację populacji oraz brak procedur umożliwiających tworzenie obligatoryjnych i kompleksowych baz danych.

W pracy znajdujemy skrupulatny opis zastosowanej metodyki laboratoryjnej, umożliwiający potencjalnym zainteresowanym przeprowadzenie analogicznych badań. Wykorzystano 22 sekwencje mikrosatelitarne zlokalizowane w autosomach i chromosomie Y, a także sekwencje mitochondrialnego DNA. Ważnym elementem tych badań była też detekcja mutacji w czterech genach (*PRCD*, *RPGIP1*, *PFKM*, *T-BOX*), determinujących choroby genetyczne psów ras, będących „protoplastami” polskiego spaniela myśliwskiego.

Uzyskane wyniki były podstawą do wyznaczenia współczynników heterozygotyczności obserwowanej i heterozygotyczności oczekiwanej oraz wskaźnika polimorfizmu. Ponadto, zweryfikowano hipotezę o równowadze genetycznej populacji. Dokonano również analizy struktury genetycznej, z wykorzystaniem standardowego pakietu komputerowego „STRUCTURE”. Na podkreślenie zasługuje przeprowadzenie analizy bioinformatycznej pętli D mitochondrialnego DNA, co pozwoliło na określenie filogenetycznych zależności.

Na kolejnych 64 stronach znajdujemy dobrą dokumentację uzyskanych wyników, w formie 13 tabel oraz 74 wykresów i rycin, które zostały szczegółowo omówione, w sposób przyjazny dla czytelnika. Imponującym (w treści i formie) elementem graficznym jest wspomniana już mapa kojarzeń osobników polskiego spaniela myśliwskiego w latach 1993-2021 (w układzie linii męskich i linii żeńskich).

W pierwszej części tego rozdziału doktorantka zaprezentowała parametry rozkładów (średnie arytmetyczne, odchylenia standardowe, mediany i tzw. odchylenia ćwiartkowe) 14 cech osobników, z podziałem na płeć i grupy wiekowe. Kolejny podrozdział zawiera omówienie wyników analizy rodowodowej. Autorka dokonała wnikliwej analizy poziomu spokrewnienia i zimbredowania populacji oraz kompletności rodowodów., konfrontując uzyskane wyniki z danymi literaturowymi. Wysoko oceniam przeprowadzoną analizę udziału założycieli rasy polskiego spaniela myśliwskiego. Okazało się to bardzo przydatne w wyjaśnianiu struktury genetycznej populacji. Wyznaczone zostały także odstępy między pokoleniami, zbliżone dla poszczególnych ścieżek genealogicznych, co jest zwykle oczekiwane w przypadku krycia naturalnego.

W podrozdziale 8.3. zaprezentowane zostały parametry zmienności otrzymane na podstawie markerów genetycznych II klasy. Wykazano zróżnicowany polimorfizm poszczególnych loci. Nie zaobserwowano jednak znaczących różnic między samicami i samcami. Zróżnicowany stopień polimorfizmu przełożył się na wielkość wskaźników heterozygotyczności obserwowanej i heterozygotyczności oczekiwanej. Dla 16 (spośród 22) loci wykazano stan równowagi genetycznej. Jako interesujące postrzegam wyniki dotyczące struktury genetycznej populacji (na podstawie mikrosatelitarnych loci) oraz analizę sekwencji pętli D mitochondrialnego DNA. Pozwoliły one weryfikację rezultatów uzyskanych z danych rodowodowych.

Kolejnym ważnym segmentem dysertacji jest detekcja mutacji determinujących występowanie chorób genetycznych w genach *PRCD*, *RPGRIP1*, *PFKM* i *T-BOX*. Szeroko zakrojone analizy porównawcze z innymi rasami psów pozwoliły na dokonanie istotnych uogólnień.

Otrzymane rezultaty były podstawą do sformułowania dziewięciu wniosków i podsumowań. Wykaz literatury obejmuje 165 pozycji naukowych (zagranicznych i polskich) i popularnonaukowych oraz osiem odwołań do aktów prawnych. Doktorantka wykorzystała także informacje z 22 stron internetowych, w tym użytych programów komputerowych.

Ostatnią częścią pracy jest aneks obejmujący kwestionariusze zdrowia oraz zachowania i charakteru zawarte w Regulaminie Wewnętrznym Międzynarodowej Federacji Kynologicznej, wzorzec rasy polski spaniel myśliwski zatwierdzony przez Zarząd Główny Związku Kynologicznego w Polsce. Ważnymi elementami aneksu są też zestawienia liczbowe samców i samic, zawierające informacje o liczbie potomstwa.

4. Najważniejsze wyniki

Tak obszerne badania pozwoliły na istotne poszerzenie stanu wiedzy z zakresu zwierząt domowych, także w kontekście uznania rasy polski spaniel myśliwski przez Międzynarodową Federację Kynologiczną.

- Wykazano wprawdzie znaczną zmienność fenotypową i zmienność genetyczną badanej populacji, lecz wskaźniki te pozostają w zgodności z wartościami opisanymi w standardzie rasy. Niemniej, jak słusznie zauważa doktorantka, praca hodowlana powinna koncentrować się na selekcji stabilizującej, prowadzącej do większego wyrównania cech.
- Spektakularnym wynikiem jest stwierdzenie udziału dwóch założycieli w połowie zmienności genetycznej rasy.
- Przeprowadzona wnikliwa analiza mitochondrialnego DNA i sekwencji mikrosatelitarnych zlokalizowanych w chromosomie Y, pozwoliła na weryfikację struktury genetycznej populacji oszacowanej na podstawie rodowodów.
- Istotnym wynikiem, tak z poznawczego jak i utylitarne punktu widzenia, jest wykazanie segregacji wariantu genu *PRCD* determinującego postępujący zanik

czopkowo-pręcikowy zanik siatkówki typu I. Nie stwierdzono natomiast niekorzystnych wariantów genów *RPGRIP1*, *PFKM* oraz *T-BOX*.

5. Uwagi i komentarze

- Przygotowując maszynopis do publikacji sugeruję przeredagowanie rozdziału „Przegląd piśmiennictwa”. Informacje dotyczące rasy i procedur kwalifikacji są ważne. Mogłyby jednak stanowić odrębną część pracy. Natomiast przegląd literatury powinien być bardziej ukierunkowany na analizę zmienności fenotypowej i genetycznej gatunków/ras zwierząt domowych i innych populacji objętych, np. programami ochrony zasobów genetycznych. Poza tym należy unikać konwencji reportażowo-publicystycznej.
- Pewien niedosyt pozostawia ocena zmienności genetycznej na podstawie informacji rodowodowych. Wskazanym byłoby oszacowanie parametru zmienności (ang. *genetic diversity* - *DG*) i jego funkcji (np. DG^*-DG). Wówczas istniałaby także możliwość wnioskowania o redukcji zmienności genetycznej jako skutku dryfu genetycznego.
- W ocenie poziomu zimbredowania warto by większy nacisk położyć na tzw. indywidualny przyrost inbredu.
- Mało precyzyjna jest informacja o testach szczegółowych (tzw. *post hoc*) na stronie 66. Najmniejsze istotne różnice (NIR) wykorzystywane są nie tylko w teście t-Studenta, lecz także w teście Tukeya.
- W tabelach 18-21 powielane są informacje. Przykładowo, jeśli podawane są wartości prawdopodobieństwa (*p-values*), nie ma potrzeby adnotacji o istotności różnic.
- Termin „efektywna wielkość populacji” (*Ne*) wymaga doprecyzowania, szczególnie w kontekście niektórych uzyskanych wyników. Przykładowo, z ryciny 12 wynika, że wzrost *Ne* nie skutkowało spadkiem inbredu, mimo że autorka sugeruje takie zależności na stronie 24.
- Pojęcie „gen” i „allel” używane są niekiedy jako synonimy, co nie jest poprawne (np. w podrozdziale 2.3).
- Jakiego zastosowano kryteria wyboru 22 mikrosatelitarnych loci?
- Sugerowałbym w przyszłych badaniach dokonać oceny zależności między poziomem inbredu a mierzonymi cechami.

- Rozdział „Bibliografia” wymaga starannej weryfikacji i ujednolicenia.
- W tekście jest sporo usterek redakcyjno-językowych.

6. Podsumowanie i wniosek końcowy

Reasumując, należy podkreślić oryginalność podjętej tematyki badawczej, wymagającej od doktorantki dużej wiedzy teoretycznej w dyscyplinie naukowej zootechnika i rybactwo. W moim głębokim przekonaniu, pretendentka do stopnia doktora wykazała się umiejętnościami samodzielnego prowadzenia badań, stosując autorskie oryginalne rozwiązanie ważnego problemu naukowego.

Stwierdzam, że przedłożony mi do oceny maszynopis spełnia wymogi stawiane rozprawom doktorskim, określonym w art. 187 *Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce* (Dz. U. z 2024 r., poz. 1571 z późn. zm.) oraz §10 *Regulaminu przeprowadzania postępowań w sprawie nadania stopnia doktora w Szkole Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, które rozpoczęły studia doktoranckie przed rokiem akademickim 1019/2020*.

Stawiam zatem wniosek do Wysokiej Rady Naukowej Dyscypliny Zootechnika i Rybactwo Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie o dopuszczenie lek. wet. mgr Pauliny Karylli Jundziłł-Bogusiewicz do kolejnych etapów przewodu doktorskiego.



Signed by /
Podpisano przez:

Tomasz Mirosław
Szwaczkowski

Date / Data: 2026-
01-15 10:36