

**Recenzja rozprawy doktorskiej Pani mgr inż. Aleksandry Garbacz**  
**pt.: „Analiza polimorfizmu w genach potencjalnie odpowiedzialnych za padaczkę**  
**idiopatyczną w populacji gończego polskiego”**

Przedłożona do recenzji praca doktorska dotyczy analizy polimorfizmu genów potencjalnie odpowiedzialnych za padaczkę idiopatyczną w populacji gończego polskiego. Problem badawczy podjęty przez mgr inż. Aleksandrę Garbacz jest ważny i aktualny.

W ostatnim czasie problem występowania wad genetycznych u większości ras psów oraz próby zapobieżenia ich rozprzestrzenianiu się stały się bardzo ważnym tematem badawczym związanym z poprawą zdrowotności i dobrostanu psów rasowych. Jednym z analizowanych schorzeń była padaczka idiopatyczna, badana u wielu ras psów. Znalaziono różne geny, które mogą być odpowiedzialne za jej powstanie u różnych ras psów i jak dotąd nie udało się jednoznacznie określić genów, które byłyby wspólne dla większości ras. W tym kontekście badania Pani mgr inż. Aleksandry Garbacz dotyczące poszukiwania genów odpowiedzialnych za padaczkę u gończego polskiego wpisują się w światową dyskusję na temat podłoża dziedzicznego tego schorzenia u psów.

Rasa gończy polski to rasa rodzima, która powstała z niewielkiej liczby założycieli (około 20 osobników). Niewielka pula genetyczna założycieli została jeszcze zmniejszona przez kojarzenia w pokrewieństwie, stosowane w celu utrzymania typu rasowego. Historia powstania gończego polskiego jest więc bardzo podobna do historii powstania większości ras psów. Jednakże gończy polski, ze względu na swoje przeznaczenie głównie jako psa myśliwskiego, nie zdobył tak szerokiej popularności jak przykładowo retrievery. Populacja gończego polskiego jest populacją mało liczną, a jako rasa rodzima jest warta zachowania. Niestety, jak w większości ras o małej liczebności, w populacji gończego występuje znaczny poziom spokrewnienia i zimbredowania, z czym wiąże się częste występowanie wad genetycznych, takich jak na przykład padaczka. Padaczka ma podłoże wielogenowe z silnymi wpływami środowiska. Jest to zatem nietatwy obiekt do badania i tym bardziej cenny jest fakt, że Pani mgr inż. Aleksandra Garbacz zajęła się nią w swojej pracy.

Recenzowana praca ma układ typowy dla rozpraw doktorskich, liczy 97 stron, zawiera 15 tabel, 22 wykresy, 3 fotografie oraz 4 schematy. Do pracy został dołączony Aneks zawierający 2 tabele i formularz ankiety. Zastosowany podział na rozdziały i podrozdziały jest logiczny i klarowny. W wygodny dla czytelnika sposób porządkuje zawarte w pracy treści.

Rozdział „**Wstęp**” krótko i syntetycznie opisuje badaną rasę i jej problemy zdrowotne. W tym krótkim rozdziale (trochę więcej niż pół strony) przydałyby się być może jakieś odniesienia do literatury.

Liczący 30 stron rozdział „**Przegląd literatury**” podzielony jest na kilka podrozdziałów. Pierwszy z nich obejmuje historię rasy gończy polski (11 stron). Drugi opisuje „Strukturę genetyczną rasy gończy polski na podstawie dotychczasowych doniesień” (7 stron), a trzeci podrozdział zatytułowany „Genetyczne podłoże padaczki u psów” dotyczy opisu genów, które zostały wytypowane przez różnych badaczy analizujących różne rasy psów pod względem padaczki idiopatycznej. O ile podrozdział o historii gończego polskiego jest napisany ciekawie i dobrze się go

czyta, o tyle podrozdział o strukturze genetycznej badanej rasy opisuje badania mitochondrialnego DNA gończego polskich, niestety bez odniesienia do literatury. Dopiero przy dendrogramie na stronie 24 podano, skąd były brane wyniki opisywane wcześniej. Podobnie w dalszej części tego podrozdziału, prezentującej analizę loci mikrosatelitarnych, dopiero w tabeli 3 na stronie 25 zostało podane źródło tych badań. Pod koniec strony 24 Pani mgr inż. Aleksandra Garbacz nie podała roku wydania pracy Goleman i zespołu. Natomiast w podrozdziale dotyczącym genów wytypowanych jako potencjalnie związane z padaczką Autorka nie ustrzegła się dość poważnych błędów edytorskich. Po pierwsze wszystkie angielskie określenia, np. dotyczące mutacji, mają swoje polskie odpowiedniki, więc nie widzę potrzeby wtrącania określeń angielskich. To samo dotyczy skrótów nazw jednostek chorobowych, których opis jest znów po angielsku, a nie po polsku. Podobna niekonsekwencja dotyczy nazw ras psów badanych w różnych pracach. I jeszcze jeden problem, który pojawia się przy czytaniu, są to numery SNPów, które według mnie Pani mgr inż. Aleksandra Garbacz niepotrzebnie dokładnie wycisza. Źle się to czyta i numery zaciemniają resztę tekstu. Kolejny podrozdział przeglądu literatury, pt. „Funkcje genów DOK5, PCDH9, ARFGEF2, ADAM23”, opisuje działanie konkretnych genów i ich możliwy związek z padaczką u psów. W tym podrozdziale również roi się od skrótów objaśnionych tylko po angielsku lub nie objaśnionych wcale. Szczególnie ciężko jest przyswoić sobie informacje dotyczące genu ARFGEF2, ponieważ w tym opisie pojawia się skrót za skrót bez jakiegokolwiek objaśnienia. Zdecydowanie najlepiej i najbardziej klarownie opisany jest w tym podrozdziale gen ADAM23.

Kolejny krótki rozdział to „**Cel pracy**”. W dwóch zdaniach ujęto identyfikację genów u gończego polskiego, które mogą być związane z padaczką idiopatyczną oraz porównanie uzyskanych wyników z danymi literaturowymi w celu zawężenia liczby genów. Natomiast nic Pani mgr inż. Aleksandra Garbacz nie wspomina w celu pracy o analizie rodowodowej polskiej populacji gończego polskiego, która została przez Nią przeprowadzona chyba niejako mimochodem.

Następny rozdział „**Materiał**” liczy niecałe 2 strony. Został w nim opisany sposób kwalifikacji zwierząt i sposób pobrania materiału do badań molekularnych. Na stronie 40 cytowanie załącznika 1 powinno kierować do Aneksu. W tabeli 5 w nagłówku powinno być wpisane „lekooporność” nie zaś „lekoodporność”, ponieważ mówi się o padaczce lekoopornej. W tej tabeli znowu pojawiają się określenia i nazwy w języku angielskim bez tłumaczenia polskiego. Ponieważ Pani mgr inż. Aleksandra Garbacz robiła też analizę rodowodową populacji gończego polskiego na podstawie rodowodów uzyskanych ze Związku Kynologicznego w Polsce, więc opis tego materiału powinien się znaleźć we wspomnianym rozdziale.

W rozdziale „**Metody**” liczącym 4 strony opisano metody analizy rodowodowej (a raczej użyte do tego celu programy komputerowe), metody analizy genetycznej i analizy statystycznej. Stwierdzono w nim, że na podstawie analizy rodowodowej obliczono tylko średni inbred i średnie spokrewnienie w populacji, a to trochę mało. W podrozdziale dotyczącym analizy genetycznej znów trafił się skrót nazwy bez objaśnienia (strona 41 w ostatnim zdaniu na dole). W podrozdziale opisującym analizę GWAS pojawiają się wtrącenia angielskie bez przetłumaczenia na język polski. Natomiast w podrozdziale dotyczącym analizy pojedynczych polimorfizmów brakuje wprowadzenia dotyczącego objaśnienia co to jest uczenie maszynowe i na czym ono polega. Nie opisano też jaką strukturę w tym konkretnym przypadku miał zbiór treningowy. Poza tym jeżeli używa się do oceny dopasowania modelu kryterium informacyjnego Akaike (AIC) to zazwyczaj podaje się wzór na jego obliczenie, czego w opisie zabrakło. W kolejnym podrozdziale opisującym metaanalizę w obrębie genu ADAM23 znów pojawiły się określenia angielskie zamiast polskich. W tym podrozdziale Autorka wspomina, że „aby przeprowadzić metaanalizę wykorzystano parametr I-kwardat opisujący procent

obserwowanej wariancji wynikający z różnicy w wielkości badanych efektów” ale o jakie efekty chodzi, nie zostało sprecyzowane. I dalej Pani mgr inż. Aleksandra Garbacz wspomina w tym samym akapicie o modelu z efektem stałym, ale nie wyjaśnia o jaki efekt stały i jaki model chodzi. Może chodziło nie o model z efektem stałym a o model z równymi efektami przed i po usunięciu danej publikacji z analizy? Pani mgr inż. Aleksandra Garbacz nie precyzuje też określenia „homogeniczność statystyczna grup”. Nie wiadomo czy chodzi o homogeniczność wariancji, czy po prostu o homogeniczność grup. Autorka zastosowała w tym podrozdziale także niefortunny skrót myślowy pisząc: „Liczbę obserwacji (...) pomnożono przez dwa, aby uwzględnić, że na chromosomie każdy autosomalny osobnik ma dwa allele w danym SNP.” Wydaje mi się, że powinno to brzmieć następująco: „Liczbę obserwacji (...) pomnożono przez dwa, aby uwzględnić, że na homologicznych chromosomach autosomalnych każdy osobnik ma dwa allele w danym SNP.”

Kolejny rozdział „**Wyniki**” liczy 28 stron. Jego pierwszą częścią są badania rodowodowe. Początek tego podrozdziału w zasadzie powinien być zamieszczony w opisie materiału. Na wykresie 1 odcienie kolorów powinny być nieco bardziej kontrastowe, ponieważ, szczególnie w legendzie, są one mało czytelne. Poza tym w tekście zwierząt hodowlanych jest 1111 (493 psy i 618 suk) zaś na wykresie 1 jest 475 psów i 604 suki oznaczonych jako zwierzęta hodowlane. Należałoby zapytać, które wartości są prawidłowe? Dalej Pani mgr inż. Aleksandra Garbacz nie wspomniała nigdzie na jakiej liczbie pokoleń rodowodu opierały się szacunki spokrewnienia i inbrodu, a z wykresu 2 widać, że maksymalnie w tych rodowodach można było uzyskać 5 do 6 pełnych pokoleń, ale były i takie rodowody, w których liczba pokoleń była wyższa niż 10 (jak szacunkowo policzyłam było ich 6500). W przypadku analizy tego typu konieczne jest podanie, na jakiej liczbie pokoleń przeprowadzono szacowanie, i czy były brane pod uwagę jakieś ograniczenia tej liczby, ponieważ zazwyczaj takie ograniczenia wpływają na wysokość uzyskanych oszacowań. Niestety otrzymane przez Autorkę wartości inbrodu zostały w bardzo niewielkim stopniu przez Nią wyeksploatowane. Podpowiadam możliwe wykorzystanie tych wyników: na przykład w tabelach 6 i 7 należało zamieścić jeszcze jedną kolumnę z indywidualnym współczynnikiem inbrodu reproduktora lub suki hodowlanej. Poza tym przy średnim poziomie inbrodu gończych polskich wynoszącym 10%, należałoby wprowadzić dodatkową tabelę z wyszczególnieniem liczby zwierząt w podziale na klasy inbrodu, konieczne z uwzględnieniem klasy  $F_x=0$ . W tym kontekście najbardziej interesujące byłoby to dla wymienionych wcześniej 1111 zwierząt hodowlanych, ponieważ obecnie można tylko domyślać się, że w tej grupie może nie być osobników niezinbredowanych ( $F_x=0$ ). Kolejną nieścisłością jest wartość odchylenia standardowego inbrodu. W komentarzu do wykresu 3 Pani mgr inż. Aleksandra Garbacz pisze, że nie przekracza ono 0,1, natomiast z wykresu 3 można odczytać jego wartość jako  $\pm 0,04$  (wąsy na wykresie). Zaś w linijce poniżej przy podawaniu średniego inbrodu mamy wartość  $\pm 0,033$ . Która z tych wartości jest właściwa? W tytule wykresu 3 proponuję zastąpić fragment „rodzących się w kolejnych latach” następującym „urodzonych w kolejnych latach”, bo te psy się już urodziły. W kontekście badanej przez Autorkę padaczki ciekawe byłoby prześledzenie, jaki procent wszystkich kojarzeń stanowiły te między reproduktorami z tabeli 6 i sukami hodowlanymi z tabeli 7. Wtedy można byłoby szacunkowo podać liczbę potomstwa potencjalnie obciążonego padaczką przynajmniej z tych kojarzeń. Szkoda, że Pani mgr inż. Aleksandra Garbacz nie pogłębiła tych analiz, ponieważ samo stwierdzenie, że występuje potomstwo obciążone schorzeniem, to trochę za mało.

W kolejnym podrozdziale Autorka opisuje wyniki GWAS. Czytając ten podrozdział ma się wrażenie pewnego niedosytu, ponieważ tego typu badania wymagają zazwyczaj szerszego omówienia i dokładniejszego naświetlenia problemu. Niestety trochę tego brakuje. Niepotrzebne natomiast wydaje się wyszczególnianie 6 istotnych SNP w tekście, skoro występują one w tabeli 8, na

którą Pani mgr inż. Aleksandra Garbacz powołuje się na końcu tego wyliczenia. Niestety w opisie do tej tabeli znów pojawiły się określenia angielskie bez tłumaczenia na polski. Podobnie nazwy angielskie zamiast polskich pojawiają się przy określeniu genów kandydujących na stronie 50. Na wykresie 4 są na chromosomie 22 zaznaczone cztery SNP a w tabeli 8 jest ich pięć. Skąd taka rozbieżność? Poza tym wykres 4 jest bardzo skąpo skomentowany. Co oznacza w tym komentarzu, że „można zauważyć rozbieżność między zakładanymi, a obserwowanymi wartościami odwrotnego logarytmu dziesiętnego prawdopodobieństwa”. O prawdopodobieństwo czego tu chodzi? Również komentarz do wykresu 5 jest dość skrótowy. Pani mgr inż. Aleksandra Garbacz napisała, że m.in. „wartości te oscylują blisko zakładanych” nie precyzując jednak o jakie wartości chodzi i jakie były te zakładane.

W podrozdziale opisującym wyniki w obrębie pojedynczych polimorfizmów Pani mgr inż. Aleksandra Garbacz prezentuje pięć dużych wykresów o numerach od 6 do 10 (każdy na osobnej stronie). Niestety odwołanie do nich jest tylko jedno zbiorcze na początku tego akapitu, natomiast w dalszej części tego tekstu, w której omawiane są kolejne modele (z 1 locus, potem z 2 do 5 loci łącznie) brakuje odwołań do poszczególnych wykresów. Odwołania takie uzasadniałyby wybór akurat tego SNP lub konfiguracji SNPów, co polepszyłoby klarowność wyводу. Poza tym tabela 9, w której nagłówku brakuje „p-value” (i nie wiadomo do końca gdzie go szukać), a która zawiera nadane przez Autorkę własne oznaczenia badanych SNPów, powinna być przed tekstem, w którym używane są te własne oznaczenia SNP. Wtedy tekst omawiający wyżej wspomniane wykresy z tymi skrótami byłby logiczną konsekwencją oznaczeń z tabeli 9 i być może niepotrzebne byłyby nawet w nim numery SNPów w nawiasach. W tabeli 9 można było też zaznaczyć wytłuszczeniem te SNP, które zostały wybrane do dalszej analizy. W nagłówkach tabeli 10 znów pojawiły się skróty angielskie bez polskiego tłumaczenia. Tabela 11 jest z kolei ponownie raz tylko cytowana na stronie 50 zbiorczo z tabelą 10 i schematem 3. Ponieważ jednak Pani mgr inż. Aleksandra Garbacz opisuje w tym akapicie również konfiguracje genotypów poszczególnych loci (od pojedynczego do 5 łącznie), celowe byłoby odwoływanie się do tabeli 11 przy zdaniach tego dotyczących. W kontekście wybranych SNPów pojawia się również schemat 3 wspomniany tylko raz na stronie 50. Niestety Autorka nie objaśnia go dokładniej, a sam schemat jest mało czytelny ze względu na rozmiar czcionki. Nie bardzo wiadomo na przykład, co mają oznaczać różne kolory linii łączących poszczególne SNP, ponieważ nie ma legendy do tego schematu. W ostatnim zdaniu na stronie 58 Autorka stwierdza brak interakcji między wybranymi SNP genu PCDH9 (x23 i x35), ale nie odwołuje się do schematu 3, na którym rzeczywiście x35 nie został umieszczony. W tabelach 12-15 ponownie pojawiają się skróty w języku angielskim bez ich polskiego objaśnienia pod tabelami.

Kolejny podrozdział opisuje wyniki metaanalizy w obrębie genu ADAM23. Moim zdaniem, umieszczony tam schemat 4 i w zasadzie cały akapit po nim następujący powinny się raczej znaleźć w metodyce. Uważam bowiem, że proces wyboru drogą metaanalizy miał tylko prowadzić do wyłonienia prac, które można porównać z badaniami własnymi dotyczącymi gończego polskiego, nie był zaś celem samym w sobie. Tak przynajmniej rozumiałam to co zostało napisane w rozdziale „cel pracy”. W dalszej części podrozdziału dotyczącego metaanalizy Pani mgr inż. Aleksandra Garbacz wyszczególnia siedem SNP i jeden blok, które zostały wybrane z wyselekcjonowanych w metaanalizie publikacji i badań własnych – szkoda, że znów pojawiają się numery zamiast np. oznaczeń własnych Autorki. Porównanie tych numerów z podawanymi dla genu ADAM23 w tabeli 9 prowadzi do wniosku, że są to zupełnie inne SNP. Czy zatem można je ze sobą porównać? Natomiast wybrany przez Autorkę blok zawierający kombinację alleli T-C-del-del-G-G nie był przez Nią analizowany. Wyniki metaanalizy przedstawiła Pani mgr inż. Aleksandra Garbacz na 11 wykresach (o numerach 11-

22). Badania własne Autorki zostały porównane z danymi literaturowymi tylko w przypadku dwóch SNP na wykresach 11-13 i 14-16. Pozostałe porównania, umieszczone na wykresach 17-19 i 20-22, nie zawierają porównania do gończych polskich i w zasadzie mogą stanowić tylko dodatek. Znow w odniesieniu do wszystkich wymienionych wykresów dużym minusem jest brak tłumaczenia angielskich terminów (może w legendzie do każdego wykresu). Na wykresach 11, 14, 17 i 20 są w opisie określenia „Random effect model” lub „Fixed effect model”, przy czym nigdzie wcześniej nie zostało objaśnione co było efektem stałym lub losowym w każdym z modeli. Natomiast komentarz Autorki do wymienionych wyżej wykresów jest dość lakoniczny i ogranicza się do wymienienia badanych ras psów oraz niektórych parametrów z metaanalizy (z wykresów 11, 14, 17 i 20) oraz allelu ryzyka dla danego SNP, bez próby jakiegось porównania analizowanych SNP między sobą i do wyników własnych oraz ewentualnych przemyśleń Autorki na ten temat.

Następnym rozdziałem pracy jest „**Dyskusja**”, licząca 8 stron, która powinna być próbą konfrontacji wyników własnych z danymi literaturowymi. Jednakże początkowe akapity (od drugiego do czwartego) omawiają wcześniejsze badania gończych polskich dotyczące zmienności genetycznej badanej na podstawie analizy mitochondrialnego DNA oraz markerów mikrosatelitarnych i w zasadzie nie mają związku z tematem pracy. Badania te były wspomniane w przeglądzie literatury. Zatem te akapity też powinny się być znaleźć w przeglądzie literatury, w tej jego części, w której Pani mgr inż. Aleksandra Garbacz omawiała powstanie rasy i jej zmienność. Dodatkowo, w kontekście badań molekularnych, cytowanie pracy Cole i wsp. 2004 też jest niewłaściwe, ponieważ ta praca opierała się na analizie rodowodów. W drugim akapicie brak jest cytowania z literatury dla przytaczanych badań. Jedynie piąty krótki akapit dotyczący zmienności genetycznej może dałby się tu uratować, jednakże pod warunkiem zacytowania badań, o których wspomniałam wcześniej. W kolejnym akapicie Autorka stwierdza, że nie udało się ustalić odsetka zwierząt obciążonego chorobą (sposób na przybliżone ustalenie go podałam omawiając rozdział Wyniki). I dalej w tym akapicie pada stwierdzenie, że padaczka występuje częściej w niektórych liniach czy u potomstwa określonych zwierząt, ale nie jest ono poparte żadnym stwierdzeniem, skąd Autorka posiada takie informacje. Na przykład można było dopisać „informacje ustne uzyskane od hodowców”. W ostatnim akapicie na stronie 74 znow pojawiają się nazwy genów w języku angielskim, bez polskiego tłumaczenia. Moim zdaniem zaś, pierwsze zdanie z przedostatniego akapitu dyskusji na stronie 80 oraz cały ostatni akapit po skróceniu mogłyby znaleźć się we wnioskach.

W rozdziale „**Wnioski**” Pani mgr inż. Aleksandra Garbacz zamieściła syntetyczne podsumowanie badań w 7 punktach. Wydaje mi się, że może bezpieczniej było ten rozdział zatytułować: „Stwierdzenia i wnioski”, ponieważ niektóre z podpunktów mają bardziej charakter stwierdzeń niż wniosków. Podpunkt 3 dotyczący zmienności genetycznej gończego polskiego nie powinien się znaleźć we Wnioskach, ponieważ określenie zmienności genetycznej tej rasy nie było celem badań.

Kolejny rozdział pt. „**Spis dendrogramów, fotografii, formularzy, schematów, tabel, wykresów**”, liczący 3 strony, jest użytecznym technicznie uzupełnieniem pracy, które umożliwia lepszą orientację w tekście.

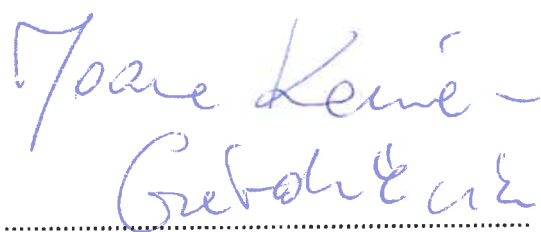
Następny rozdział „**Spis literatury**” zawiera 147 pozycji, w większości anglojęzycznych oraz 3 linki do stron internetowych. Pani mgr inż. Aleksandra Garbacz nie ustrzegła się jednak błędów edytorskich. Na przykład dwie publikacje są wpisane dwu i trzykrotnie. Mam na myśli publikację Frank i Kemler (2002) wpisaną 3 razy (pozycje 41-43) oraz pracę Sano i wsp. (1993) wpisaną 2 razy (pozycje 113 i 114). W 4 przypadkach cytowania w tekście są zapisane z błędem w nazwisku (pozycja w spisie nr 21, 65, 87, 104). W przypadku 12 cytowań rok wydania wpisany w tekście nie zgadza się z

tym, który został wpisany w spisie (pozycje 14, 15 32, 44, 51, 62, 80, 81, 87, 99, 113, 143). Na stronie 92 trzy prace zbiły się w jednym akapicie, co spowodowało przerwę w numeracji – brakuje numerów 131 i 132. Następnie trzy prace (pozycje 8, 50, 73) nie zostały zacytowane w tekście, a jedna praca zacytowana w tabeli 2 w Aneksie nie znalazła się w spisie literatury. Była to praca Owuor i wsp. (2009). W spisie stron internetowych nie każdy adres strony kierował bezpośrednio do konkretnego miejsca na stronie. Mam tu na myśli pozycje 2 i 3 z tego spisu. Poza tym w tekście pracy brakuje odwołań do tych stron.

Ostatnią częścią pracy jest „Aneks” (4 strony), w którym Pani mgr inż. Aleksandra Garbacz umieściła ankietę na temat występowania i przebiegu padaczki skierowaną do właścicieli psów rasy gończy polski oraz dwie tabele. W tabeli 1 zostały zamieszczone informacje na temat produktów izolacji DNA i w tej tabeli znów nagłówki są po angielsku. W tabeli 2 wymieniono geny związane z padaczką u różnych gatunków zwierząt i człowieka wraz ze źródłami literaturowymi.

Przedstawiona do recenzji praca doktorska stanowi wartościowe ujęcie problemu naukowego oraz cenną pozycję piśmiennictwa naukowego. Pani mgr inż. Aleksandra Garbacz zaprezentowała dużą wiedzę teoretyczną dotyczącą analizowanych genów oraz wykazała się umiejętnością prowadzenia badań naukowych. Wyniki uzyskane przez Panią mgr inż. Aleksandrę Garbacz stanowią poszerzenie dotychczasowej wiedzy na temat genów prawdopodobnie związanych z padaczką u psów rasowych o nową rasę, jaka są gończe polskie. Wymienione w recenzji uwagi, komentarze oraz pytania mają przyczynić się do poprawy jakości i przejrzystości prezentowanych wyników, głównie w aspekcie późniejszego opublikowania otrzymanych rezultatów i nie obniżają całościowej, pozytywnej oceny merytorycznej treści opracowania.

Reasumując stwierdzam, że oceniana rozprawa doktorska pt.: „Analiza polimorfizmu w genach potencjalnie odpowiedzialnych za padaczkę idiopatyczną w populacji gończego polskiego” spełnia wymogi stawiane dysertacjom doktorskim określone w art. 187 ustawy z dnia 20.07.2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2018 r. poz. 1668 z późniejszymi zmianami). Wnioskuje zatem do Rady Dyscypliny Zootechniki i Rybactwa Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie o dopuszczenie Pani mgr inż. Aleksandry Garbacz do dalszych etapów przewodu doktorskiego.



dr hab. inż. Joanna Kania-Gierdziewicz