

RECENZJA ROZPRAWY DOKTORSKIEJ

Rozprawa pt.:

Ocena wartości hodowlanej bydła przy zastosowaniu modelu jednostopniowego

Autor:	mgr inż. Dawid Słomian
Promotor:	prof. dr hab. Joanna Szyda
Promotor pomocniczy:	dr inż. Kacper Żukowski
Instytucja:	Instytut Zootechniki – Państwowy Instytut Badawczy
Dziedzina:	nauki rolnicze
Dyscyplina:	zootechnika i rybactwo

Recenzent: dr hab. inż. Agnieszka Otwinowska-Mindur, prof. URK

Instytucja: Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie

Data: 3 czerwca 2026

Podstawę przygotowania recenzji stanowi pismo RN/6/26 z dnia 11 marca 2026 roku skierowane przez Dyrektora Instytutu Zootechniki – Państwowego Instytutu Badawczego w Balicach, dr. inż. Tomasza Jacka. Praca doktorska Pana mgr. inż. Dawida Słomiana zatytułowana *Ocena wartości hodowlanej bydła przy zastosowaniu modelu jednostopniowego* powstała pod kierunkiem promotora – prof. dr hab. Joanny Szydy oraz promotora pomocniczego – dr. inż. Kacpra Żukowskiego. Postępowanie w sprawie o nadanie stopnia naukowego doktora realizowane jest w dyscyplinie zootechniki i rybactwo.

Rozprawa doktorska mgr. inż. Dawida Słomiana została przygotowana w formie cyklu czterech publikacji naukowych, z których jedna ukazała się w uznanym czasopiśmie z listy JCR: Genetics Selection Evolution, a kolejna została przyjęta do druku w renomowanym czasopiśmie z tej samej listy: Annals of Animal Science. Są to periodyki o wysokim współczynniku wpływu i ugruntowanej renomie w dziedzinie zootechniki i rybactwa. Dwie pozostałe prace udostępniono jako nierecenzowane preprinty na platformach Research Square oraz bioRxiv. Łączna wartość wskaźnika Impact Factor prac wchodzących w skład cyklu wynosi 6,4, a liczba punktów zgodnie z wykazem czasopism naukowych Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego wynosi 240. W każdym artykule Doktorant pełni rolę pierwszego autora, co potwierdza jego samodzielność badawczą. Deklarowany wkład Pana mgr. inż. Dawida Słomiana w powstanie poszczególnych prac ma charakter wiodący. Na szczególne podkreślenie zasługuje udział Doktoranta we współtworzeniu metodyki badawczej, przeprowadzeniu analiz, a także przygotowaniu manuskryptów. Świadczy to o dużej dojrzałości naukowej oraz samodzielności w organizacji warsztatu badawczego. Towarzyszący dysertacji syntetyczny tekst porządkuje i spaja całość materiału, przedstawiając teoretyczne podstawy, uzasadnienie wyboru problemu, strukturę programu badawczego oraz główne wnioski. Dokumentacja jest kompletna, a całość przygotowana przejrzysto.

Oceny dokonano na podstawie egzemplarza rozprawy doktorskiej obejmującej autoreferat stanowiący syntezę wskazanych powyżej publikacji. Na autoreferat składa się 61 stron, podzielonych na rozdziały zgodnie ze standardami dla tego typu opracowań, tj. wprowadzenie, cel badań, hipotezy badawcze, materiał i metody, omówienie wyników przeprowadzonych badań wraz z dyskusją, wnioski oraz piśmiennictwo. W rozdziałach *Cel badań* oraz *Hipotezy* mgr. inż. Dawid Słomian jasno formułuje główny cel pracy oraz cztery hipotezy badawcze nawiązujące do wyzwań metodologicznych i obliczeniowych wskazanych w rozdziale *Wstęp* i związanych z wdrożeniem modelu jednostopniowego w krajowej ocenie wartości hodowlanej bydła. Główną część rozprawy doktorskiej stanowi omówienie czterech publikacji naukowych (P1 – P4) wchodzących w skład cyklu pod wspólnym tytułem *Ocena wartości hodowlanej bydła przy zastosowaniu modelu jednostopniowego*. Pewien niedosyt pozostawia jednak zwięzłość rozdziałów *Materiały i metody* oraz *Wyniki i dyskusja* autoreferatu, które momentami wymagają od czytelnika sięgnięcia do oryginalnych artykułów dołączonych do dysertacji w celu pełnego zrozumienia prezentowanych treści. Bibliografia zawarta w rozprawie doktorskiej liczy 51 pozycji, z których większość stanowią cytowania innych prac naukowych, a także instrukcje specjalistycznych programów komputerowych wykorzystanych w badaniach. Prawie połowa cytowanych pozycji pochodzi z lat 2018 i późniejszych, co potwierdza aktualność przywołanej literatury. Dodatkowo

w autoreferacie zawarte są streszczenia w języku polskim i angielskim, które zwięźle przedstawiają główne założenia, metodykę oraz wyniki badań. Istotną częścią rozprawy doktorskiej są załączniki, obejmujące kopie artykułów naukowych stanowiących podstawę ocenianej pracy oraz oświadczenia autorskie współautorów opublikowanych prac naukowych wchodzących w skład cyklu publikacji. Wszystkie prace są współautorskie, a rola poszczególnych współautorów w powstaniu prac została określona w załączonych oświadczeniach współautora.

Tematyka rozprawy jest aktualna i istotna z punktu widzenia zootechniki, a podjęte zagadnienia wpisują się w światowy nurt badań dotyczących oceny wartości hodowlanej bydła. Dynamiczny rozwój genomiki oraz upowszechnienie genotypowania zwierząt w skali całych populacji hodowlanych stworzyły potrzebę opracowania metod statystycznych integrujących informację fenotypową, rodowodową i genomową w jednym spójnym modelu. Odpowiedzią na to zapotrzebowanie jest model jednostopniowy (*single-step model*), który w ciągu ostatniej dekady zyskał status preferowanego narzędzia oceny wartości hodowlanej bydła mlecznego w wielu krajach. Jego zasadniczą zaletą jest możliwość jednoczesnego szacowania genomowo wzmocnionych wartości hodowlanych (*genomically enhanced breeding values*, GEBV) zarówno dla osobników genotypowanych, jak i niegenotypowanych, bez konieczności stosowania procedury dwuetapowej, co eliminuje trudności związane z przepływem informacji między etapami obliczeń.

Implementacja modelu jednostopniowego w rutynowej ocenie wartości hodowlanej wiąże się z licznymi wyzwaniem metodologicznymi i obliczeniowymi. Ze względu na bardzo dużą liczbę szacowanych, wzajemnie skorelowanych efektów, standardową metodą rozwiązywania układów równań jest iteracyjna metoda gradientu sprzężonego z prekondycjonowaniem (*preconditioned conjugate gradient*, PCG). Szybkość zbieżności oraz liczba iteracji mają istotne znaczenie praktyczne, a ich analiza stanowi główny cel pierwszej publikacji cyklu (P1). Autorzy wykazali, że głębokość rodowodu istotnie wpływa na tempo zbieżności modelu jednostopniowego SNP-BLUP: zbiór danych z rodowodami zredukowanymi do 5 pokoleń osiągał zbieżność dwukrotnie szybciej niż zbiór pełny. Prosiłabym o wyjaśnienie rozbieżności między łączną liczbą zwierząt w rodowodzie pełnym podaną w tabeli 1 (8 451 809) a wartością podaną w tekście publikacji P1 (8 461 877), a także o omówienie liczebności 59 242 G^+P^+ w kontekście 70 134 zgenotypowanych krów. Wyniki pracy P1 dostarczają cennych wskazówek praktycznych dotyczących optymalizacji konfiguracji modelu na etapie jego wdrażania.

Kluczowym zagadnieniem praktycznym jest zarówno wybór wariantu modelu jednostopniowego, jak i walidacja trafności predykcji wartości hodowlanej. Zagadnieniu temu poświęcona jest druga publikacja cyklu (P2), w której porównano różne warianty jednocechowych modeli jednostopniowych z wykorzystaniem oprogramowania MiXBUP, obejmujące dwa podejścia różniące się właściwościami obliczeniowymi: G-BLUP i SNP-BLUP. Wyniki wskazują, że zarówno wybór modelu, jak i sposób doboru osobników rdzeniowych dla algorytmu APY (*algorithm for proven and young*) mają istotne znaczenie dla jakości predykcji i rankingów buhajów. Jest to szczególnie ważne z hodowlanego punktu widzenia, gdyż buhaje z czołówki rankingów są najszerzej wykorzystywane w rozrodzie. Autorzy wykazali, że ranking 50 najlepszych buhajów różni się między porównywanymi modelami, a stosowanie scenariusza APY z zaledwie 3 000 zwierząt referencyjnych prowadziło do wyraźnego spadku dokładności

predykcji w porównaniu z pozostałymi wariantami. Prosiłabym Doktoranta o uzasadnienie przyjęcia progu 3000 zwierząt referencyjnych, poniżej którego pogorszenie wyników staje się istotne, a także o wskazanie sposobu wyznaczania optymalnej liczebności tej grupy w praktyce. Zwracam ponadto uwagę, że w ostatecznej wersji publikacji P2 należy uzupełnić w deklaracji CRediT brakującego autora, którym jest dr inż. Kacper Żukowski.

Podjęte badania metodologiczne uzupełnia trzecia publikacja (P3), w której porównano dwa programy obliczeniowe powszechnie stosowane do szacowania wartości hodowlanej bydła mlecznego: MiXBLUP oraz BLUPF90. Oba narzędzia zastosowano do szacowania wartości hodowlanej wysokości w krzyżu przy różnych zbiorach osobników rdzeniowych. Uzyskane korelacje między predykcjami opartymi na pełnym i okrojonym zbiorze danych były wysokie (0,89–0,97), a rankingi 50 najlepszych buhajów pozostawały stabilne niezależnie od zastosowanego oprogramowania. Praca ta dostarcza obiektywnych przesłanek do wyboru platformy obliczeniowej z uwzględnieniem efektywności obliczeniowej, kosztów licencji i zakresu możliwości modelowania. Zważywszy jednak, że artykuł P3 jest dostępny wyłącznie w formie nierecenzowanego preprintu, konieczna jest jego staranna korekta przed złożeniem manuskryptu do recenzowanego periodyku. Wyjaśnienia wymaga w szczególności rok urodzenia buhajów walidacyjnych: w rozdziale *Materiały i metody* podano lata 2014–2017, natomiast w tabelach 9 i 10 (tabele 2 i 3 w P3) figurują lata 2013–2017. Uwagę zwracają ponadto wysokie wartości punktu przecięcia (\hat{b}_0) w scenariuszu z oprogramowaniem BLUPF90 i wszystkimi buhajami dysponującymi pseudo-fenotypami. Wartości te wyraźnie odbiegają od pozostałych scenariuszy, a Autor nie komentuje tej anomalii ani nie wyjaśnia jej prawdopodobnej przyczyny. Ponieważ wartość \hat{b}_0 wskazuje na systematyczne przesunięcie skali między predykcjami z pełnego i okrojonego zbioru danych, wyniki uzyskane w tym konkretnym scenariuszu wymagają omówienia. Publikacja P3 nie zawiera ponadto żadnej wzmianki o czasie obliczeń ani zużyciu pamięci, choć efektywność obliczeniowa należy do kluczowych kryteriów wyboru oprogramowania wymienionych w podsumowaniu; zasadne byłoby uzupełnienie manuskryptu o stosowne dane w tym zakresie. Pewien niedosyt pozostawia krótka dyskusja, która mogłaby zostać szerzej rozwinięta, zwłaszcza w kontekście interpretacji wyników i ich odniesienia do dotychczasowych doniesień literaturowych. Sprawdzenia wymaga również wykaz piśmiennictwa i spójność cytowań w tekście: przykładowo, w linii 101 manuskryptu P3 przywołane jest źródło "Misztal, 2016", które nie figuruje w wykazie piśmiennictwa.

Czwarta publikacja cyklu (P4) podejmuje zagadnienie modelowania brakujących przodków w rodowodach – istotny problem praktyczny napotykaný podczas szacowania wartości hodowlanej. Porównano trzy strategie postępowania: (1) surowy rodowód z nieuzupełnionymi brakami danych, (2) brakujące dane reprezentowane przez grupy genetyczne zdefiniowane na podstawie roku urodzenia, płci i kraju pochodzenia, oraz (3) brakujące dane reprezentowane przez metazałożyciela przypisanego do grupy genetycznej uwzględniającej genomowe spokrewnienie osobników. W badaniach zastosowano jednostopniowy model SNP-BLUP z regresją liniową na próbných udojach. Wyniki wskazują, że znaczenie wyboru strategii modelowania brakujących przodków rośnie wraz ze wzrostem ich odsetka w rodowodzie, przy czym podejścia oparte na grupach genetycznych i metazałożycielach dają zbliżone oszacowania GEBV. Niemniej jednak, jako preprint udostępniony na platformie bioRxiv,

artykuł P4 wymaga przed skierowaniem do recenzowanego czasopisma starannej korekty redakcyjnej i merytorycznej. Zastrzeżenia budzi w szczególności opis walidacji w odniesieniu do podziału na laktacje: w liniach 146 i 156 manuskryptu P4 Autorzy opisują rysunek 4 jako podzielony według scenariusza, płci, laktacji i statusu genotypowania (*divided by scenario, sex, parity, and genotyping status*). Tymczasem walidacja przeprowadzana jest na $GEBV_t$ – wartości hodowlanej będącej kombinacją $GEBV_i$ dla trzech laktacji $GEBV_t = 0,5 \cdot GEBV_1 + 0,3 \cdot GEBV_2 + 0,2 \cdot GEBV_3$ (linia 117), a rysunek 4 zawiera podział wyłącznie według płci i statusu genotypowania. Wymienienie laktacji jako zmiennej podziału stanowi błąd i powinno zostać usunięte lub wyjaśnione. Drobne uwagi dotyczą literówek i niespójności w cytowaniu literatury: ujednolicenia wymaga skrót P_Real / P_real stosowany wymiennie w liniach 76, 78 i 81, a literówkę w linii 174 (*GEBVs*) należy poprawić. Ponadto w linii 55 manuskryptu przywołane jest źródło "Kudinov et al. (2022)", które nie figuruje w wykazie piśmiennictwa. Podobnie jak w publikacji P3, dyskusja jest stosunkowo krótka i mogłaby zostać szerzej rozwinięta.

Podsumowując, cztery publikacje tworzą spójną, logicznie powiązaną całość badawczą, która w sposób wszechstronny i oryginalny przedstawia kluczowe wyzwania metodologiczne i obliczeniowe związane z wdrożeniem modelu jednostopniowego w krajowej ocenie wartości hodowlanej bydła mlecznego. Praca stanowi istotny wkład w obszar zootechniki i genomiki hodowlanej, odpowiadając na rzeczywiste potrzeby krajowych centrów oceny, a jej wyniki znajdują bezpośrednie zastosowanie w optymalizacji procedur obliczeniowych stosowanych w Polsce i innych krajach europejskich. Oceniana rozprawa doktorska mgr. inż. Dawida Słomiana zatytułowana *Ocena wartości hodowlanej bydła przy zastosowaniu modelu jednostopniowego* spełnia wszystkie formalne i merytoryczne kryteria stawiane rozprawom doktorskim i odpowiada warunkom określonym w art. 187 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. – Prawo o Szkolnictwie Wyższym i Nauce (Dz. U. z 2024 r. poz. 1571). W związku z powyższym wnoszę do Rady Naukowej Instytutu Zootechniki – Państwowego Instytutu Badawczego w Balicach o dopuszczenie Pana mgr. inż. Dawida Słomiana do dalszych etapów postępowania w sprawie nadania stopnia naukowego doktora.

A. Otmimowska - Mindur

podpis recenzenta

dr hab. inż. Agnieszka Otmimowska-Mindur, prof. URK

3 czerwca 2026