



Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
WYDZIAŁ MEDYCYNY WETERYNARYJNEJ I NAUK O ZWIERZĘTACH
Katedra Genetyki i Podstaw Hodowli Zwierząt
Wołyńska 33, 60-637 Poznań
email: ewa.sell-kubiak@puls.edu.pl

Poznań, 2.03.2026

dr hab. Ewa Sell-Kubiak
Katedra Genetyki i Podstaw Hodowli Zwierząt
Wydział Medycyny Weterynaryjnej i Nauk o Zwierzętach
Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Instytut Nauk o Zwierzętach Zootechniki PWS	
27-0133 Wrocław, ul. Krzywobłotów 7	
Sekretariat WPE.YNE@O	
4.03.2026	
Data wpływu	
-	
Podpis	Zat.
	-

**Ocena rozprawy doktorskiej
pana mgr inż. Dawida Słomiana
z tytułem "Ocena wartości hodowlanej bydła przy zastosowaniu modelu
jednostopniowego"**

wykonanej pod kierunkiem promotora prof. dr hab. Joanna Szyda z Uniwersytetu
Przyrodniczego we Wrocławiu oraz promotora pomocniczego dr inż. Kacpra Żukowskiego
z Instytutu Zootechniki Państwowego Instytutu Badawczego w Krakowie

Forma rozprawy doktorskiej

Na przedstawioną rozprawę doktorską pana mgr inż. Dawida Słomiana składa się cykl czterech powiązanych ze sobą tematycznie artykułów naukowych. Dwa z nich zostały już opublikowane w renomowanych czasopiśmie naukowych z IF. Na szczególne wyróżnienie zasługuje publikacja pierwszego manuskryptu w *Genetics Selection Evolution*. Pozostałe dwie prace są dostępne w formie „preprint” i zapewne zostały złożone do recenzji w innych renomowanych czasopiśmie. Tym bardziej należy podkreślić wysoki sumaryczny IF dwóch opublikowanych artykułów =6,4 oraz ich sumaryczną liczbę punktów ministerialnych =240. W związku z powyższym, przedstawiona rozprawa doktorska spełnia w stopniu bardziej niż zadawalający wymogi publikacyjne stawiane kandydatom ubiegającym się o stopień doktora w Polsce.

Wartość naukowa rozprawy

Oryginalność badań:

Cykl artykułów przedstawiony przez pana mgr inż. Dawida Słomiana już samym tytułem sugeruje podjęcie niezwykle ważnej w nowoczesnej selekcji zwierząt tematyki dotyczącej jednostopniowej oceny wartości hodowlanej. Cztery publikacje wchodzące w przedstawiony cykl, układają się w spójną całość przez wnikliwe testowanie niezbędnych parametrów do dokładniejszej oceny zwierząt oraz przez porównywanie najbardziej popularnych metod analitycznych służących wykorzystaniu informacji genomowej. Zbiór prac wnosi istotny wkład w dopracowywaniu metod single-step stosowanych w krajowych ocenach wartości hodowlanej bydła mlecznego, obejmując zarówno aspekty metodologiczne, jak i praktyczne konsekwencje



ich wdrażania. Łącznie cały cykl badań dostarcza nowej wiedzy na temat zachowania modeli single-step w zależności od struktury danych, wyboru metod obliczeniowych oraz sposobu radzenia sobie z niekompletnym rodowodem. Oryginalność tych prac wynika z połączenia analizy statystycznej i praktycznej, a uzyskane rekomendacje są bezpośrednio użyteczne dla instytucji prowadzących rutynową ocenę wartości hodowlanych zwierząt. Ogromną wartością naukową rozprawy jest bezsprzecznie wykonanie analiz z wykorzystaniem faktycznej populacji krów holendersko-fryzyjskich z Polski. Dzięki temu uzyskane wyniki nie mają wyłącznie charakteru badań podstawowych a naukowo-aplikacyjny.

Wartość naukowa artykułów:

Do najbardziej wyróżniających się aspektów naukowych przedstawionej rozprawy należy zaliczyć (zgodnie z publikacjami):

1. Dogłębną analizę czynników wpływających na dokładność i stabilność predykcji genomowych oraz na efektywność obliczeniową modeli, ze szczególnym uwzględnieniem jakości i kompletności danych rodowodowych. Szczególnie badany wpływ kompletności rodowodu, który wykazał istotny wpływ na determinowanie wydajność algorytmów jest wynikiem jakościowym dla hodowców jak i osób odpowiedzialnych za wykonywanie wdrożeń oceny jednostopniowej w krajowych programach hodowlanych.
2. Kompleksowe porównanie modeli ssG-BLUP i ssSNP-BLUP, obejmujące zarówno jakość predykcji genomowych wartości hodowlanych, zgodność rankingów najlepszych buhajów oraz efektywność obliczeniową z wykorzystaniem kilku scenariuszy dostępnych w MiXBLUP. Kluczowym wynikiem tego porównania jest istota doboru zwierząt do *rdzenia*, gdyż nawet niewielkie zmiany mogą wpływać na finalny ranking i kolejne decyzje selekcyjne.
3. Szczegółowa analiza porównawcza najbardziej popularnych narzędzi wykorzystywanych do jednostopniowej oceny zwierząt tj. MiXBLUP i BLUPF90IOD3, która wykazała wyjątkową stabilność predykcji i zgodność rankingów buhajów przy wykorzystaniu obu metod. Dzięki temu dostarczono także praktyczne wskazówki związane z wyborem narzędzi obliczeniowych z uwzględnieniem ich efektywności, kosztów i możliwości modelowania.
4. Nowatorskie porównanie trzech metod postępowania z brakującymi rodzicami przy różnym poziomie niekompletności danych, które jednoznacznie wskazują, że w populacjach z dużą liczbą brakujących rodziców *metafounders* może występować niestabilność wyników oraz przeszacowanie trendu genetycznego, szczególnie dla zwierząt bez genotypów. Podkreśla to praktyczną przewagę korzystania z *grup genetycznych*, gdy dostępne dane są niekompletne. Warto też zaznaczyć, że ta praca została wykonana we współpracy z jednym z autorów obecnej wersji programu MiXBLUP. Pokazuje to, poza dowodem owocnej współpracy międzynarodowej Doktoranta z ważnym ośrodkiem specjalizującym się w szeroko pojętej genetyce ilościowej i programach hodowlanych, jakim jest Wageningen University (Holandia), też na ogólnoswiatową potrzebę przeprowadzenia tych konkretnych badań.



Wartość merytoryczna rozprawy

Wprowadzenie do rozprawy zostało przygotowane bardzo rzetelnie i kompetentnie. Doktorant w sposób płynny i logiczny przedstawia rozwój metod oceny wartości hodowlanej bydła, od klasycznych analiz BLUP po współczesne modele jednostopniowe, wyjaśniając ich zalety, ograniczenia i znaczenie w nowoczesnej hodowli. Kontekst badawczy jest zarysowany klarownie, a czytelnik otrzymuje pełne uzasadnienie potrzeby podjęcia analiz związanych ze zbieżnością modeli, różnicami pomiędzy podejściami statystycznymi oraz wpływem struktury danych na jakość predykcji. Hipotezy badawcze wynikają z informacji zawartych we wstępie i są sformułowane w sposób przejrzysty, jednoznaczny i możliwy do empirycznej weryfikacji. Są to hipotezy dobrze umocowane zarówno w literaturze, jak i w praktycznych potrzebach krajowych ocen hodowlanych.

Metody badań i narzędzia statystyczne zostały dobrane wzorowo. Doktorant korzysta z uznanych modeli, nowoczesnych algorytmów iteracyjnych oraz aktualnie stosowanego oprogramowania (MiXBLUP, BLUPF90). Zastosowane procedury walidacji (regresja GEBV_full vs GEBV_trunc, R^2 , korelacje Pearsona) odpowiadają standardom Interbull i umożliwiają pełną ocenę jakości predykcji.

Wyniki zostały przedstawione przejrzysto, w sposób uporządkowany i ilustrowany wieloma tabelami oraz wykresami. Estymacje, porównania między modelami oraz analiza zbieżności są komunikowane jasno, a prezentacja liczbowych rezultatów ułatwia ich odbiór. Interpretacja wyników jest dojrzała i krytyczna. Doktorant odnosi je nie tylko do swoich hipotez, lecz także do dotychczasowych doniesień naukowych, wyjaśniając zgodności i różnice.

Wnioski są jasne, logiczne i w pełni wynikają z przeprowadzonych analiz. Obejmują zarówno aspekty teoretyczne, jak i praktyczne, stanowiąc realny wkład w rozwój metod oceny wartości hodowlanej. Doktorant precyzyjnie wskazuje, kiedy dane podejście modelowe jest korzystne, jakie są jego ograniczenia i jakie konsekwencje mają różnice między implementacjami oprogramowania czy metodami radzenia sobie z brakami w rodowodach.

Poprawność redakcyjna rozprawy

Rozprawa została przygotowana przez Doktoranta bardzo starannie pod względem edycyjnym i graficznym zgodnie z najlepszymi zasadami dobrej praktyki naukowej. Całość tekstu cechuje wysoka poprawność językowa; zdania są klarowne, logicznie zbudowane, styl jest naukowy, a gramatyka i interpunkcja nie budzą zastrzeżeń, co dodatkowo wzmacnia profesjonalny charakter rozprawy.

Zastosowane skróty zostały starannie zdefiniowane we wczesnej części pracy (bardzo pomocna lista skrótów!) i są używane jednolicie w całym tekście, co podnosi czytelność i eliminuje ryzyko nieporozumień terminologicznych. Terminologia naukowa, zarówno polska, jak i angielska, jest stosowana precyzyjnie i spójnie, zgodnie z konwencją badań z zakresu genetyki zwierząt oraz metod oceny wartości hodowlanej, a wszystkie pojęcia specjalistyczne pojawiają



się w odpowiednich kontekstach i z zachowaniem poprawności merytorycznej. Dodatkowym atutem jest sposób prezentacji danych: tabele (szczególnie te łączące dane i metody z czterech publikacji!), wykresy i zestawienia liczbowo-statystyczne są czytelne, odpowiednio opisane i harmonijnie wkomponowane w tekst, co ułatwia zrozumienie wyników i ich interpretację w kontekście całości badań. Bardzo dokładnie są też rozpisane wszystkie modele i metody (szczególnie konsekwencja opisywania parametrów tymi samymi symbolami we wzorach) użyte w poszczególnych pracach, co umożliwia w łatwy sposób śledzenie kolejnych kroków podjętych przez Doktoranta w czasie analiz statystycznych.

Wszystkie te elementy składają się na wysoce dopracowaną i spójną edycyjnie rozprawę.

(Natomiast muszę zaznaczyć, że podobnej jakości edycyjnej nie mają publikacje złożone w formie „preprint”. W tych dwóch tekstach jest dużo powtórzeń czy barku konsekwencji w opisie parametrów. Domyślam się, że będzie miało to jeszcze szanse zostać poprawione na etapie recenzji redakcyjnych w czasopiśmie naukowych.)

Uwagi krytyczne i pytania

Największy niedosyt przedstawionej rozprawy doktorskiej pozostawia brak ogólnej, krytycznej dyskusji wszystkich zebranych wyników i ich zestawienie z dostępną wiedzą w tej tematyce. Rozdział „5. Wyniki i Dyskusja”, choć poprawny i bardzo dobrze napisany, zawiera jedynie zestawienie informacji przedstawionych wcześniej w poszczególnych czterech publikacjach. Natomiast rozdział „6. Konkluzje” jest niezwykle syntetyczny i nie ma tam miejsca na krytyczne przyjrzenie się wszystkim wynikom badań. Ogólna dyskusja całego cyklu umożliwiłaby przedstawienie przez Doktoranta np.: wszelkich ograniczeń wykonanych analiz i zestawienie ich z najnowszymi publikacjami o podobnej tematyce; dalszych kroków, które należy podjąć w ocenie jednostopniowej wprowadzonej w Polsce, która jest jednym z pierwszych krajów na świecie, gdzie taka ocena jest wprowadzana; wykonanie dodatkowych analiz, aby odpowiedzieć na pytania, które pojawiły się przy tworzeniu publikacji z rozprawy.

Szczegółowe uwagi i pytania do poszczególnych artykułów wchodzących w skład cyklu:

1. W publikacji **P1** brak informacji o faktycznym czasie trwania iteracji (podana jest tylko ich liczba) czy też wpływu wielkości pamięci RAM na czas obliczeń dla danych FULL vs. 5GEN. W całym cyklu *de facto* zostało to bardzo szczegółowo opisane tylko w **P2**. Podanie tych informacji jest istotne w wymiarze aplikacyjnym wykonanych badań.
2. Ocena jakości i dokładności rozwiązań powinna wykraczać poza użyte w **P1** korelacje, ponieważ uzyskane bardzo wysokie korelacje EBV FULL vs 5GEN nie wykluczają możliwego przesunięcia skali („bias”) lub rozszerzenia/ściśnięcia rozkładu. Warto dołączyć np.: średnie/różnice SD EBV między wariantami, nachylenie regresji EBV(FULL) na EBV(5GEN). To pokaże, czy skrócenie rodowodu jest neutralne nie tylko rangowo, ale i w skali.



3. W publikacji **P2** podano, że uzyskano 33 grupy genetyczne. Jednak nie zostały przedstawione kryteria tworzenia grup (wg. płci/roczników/pochodzenia) i ich podpięcia w modelu (np. do A-inverse). Należałoby dodać szczegółowy opis, ponieważ podjęte decyzje mogły wpłynąć na porównywalność rozwiązań.
4. Ponownie jak w przypadku **P1**, w publikacji **P2** także uznano, że sam fakt nakładania się 50 top buhajów wystarczy do wskazania wysokich podobieństw między analizami. Jednak to za mało dla implikacji hodowlanych, dlatego znów należałoby rozszerzyć walidację np. przez oszacowany wpływ ekonomiczny (tj. utracony zysk przy wyborze poszczególnych wariantów).
5. W publikacji **P3** brak pełnej transparentności doboru kryteriów zbieżności. W pracy można znaleźć jedynie informację o zastosowaniu „równoważnych kryteriów stopu”: $1E-07$ dla MiXBBLUP i $1E-14$ dla BLUPF90IOD3. Bez doprecyzowania, trudno porównać liczbę iteracji między programami. Ewentualnie informacja o czasie trwania analiz i wykorzystanym RAM mogłaby zastąpić te dodatkowe informacje.
6. Dyskusja i wnioski w publikacji **P3** są bardzo ogólne z ograniczonym odniesieniem do literatury. Dodatkowo w pracy pojawiają się znaczne uproszczenie różnic między oprogramowaniami, np. „oba programy dają podobne wyniki” czy „wybór oprogramowania zależy od ceny i wsparcia”, tymczasem wyniki, np. w Tabeli 5, pokazują realne różnice w liczbie iteracji między scenariuszami dla każdego z programów, które powinny być omówione, aby zrozumieć ich wydajność w kontekście czasu analiz i niezbędnego RAM.
7. W publikacji **P4** powinien znaleźć się dokładniejszy opis konstrukcji grupy metafounders przez doprecyzowanie czy bazowano na oknach rocznikowych/płci/innych tworząc MF. To kluczowa informacja do replikacji i interpretacji różnic między analizami.
8. Opis analiz w publikacji **P4** sugeruje, że usunięto jedynie informację rodowodową o rodzicach, ale pozostawiono ich fenotypy. Czy faktycznie w ten sposób została przeprowadzona analiza? Jeśli tak, to jaki był tego powód? Jak mogło wpłynąć to na uzyskane analizy? Ponadto dyskusja w tym rozdziale jest bardzo skrótowa i nie odnosi się w wystarczającym stopniu do dostępnej literatury.
9. W publikacjach **P1**, **P2**, **P3** i **P4** Doktorant korzystał z danych imputowanych (EuroG MD + FImpute), jednak brak jakiegokolwiek oceny błędu imputacji i jego potencjalnego wpływu na zbieżność modelu. Nawet, jeżeli jest to rutynowa procedura przeprowadzana dla polskich HF, warto podjąć polemikę czy ocena błędu imputacji mogłaby wpłynąć i w jakim stopniu na uzyskane wyniki?
10. Choć wszystkie przedstawione w publikacjach **P1**, **P2**, **P3** i **P4** wyniki mają znaczenie praktyczne dla oceny krajowej, dyskusje w poszczególnych pracach nie przekładają ich na rekomendacje dla hodowców, ani nie poruszają dogłębnie ryzyka



błędnej selekcji w wyniku problemów z konwergencją. Naturalnie taki wątek w pracy naukowej nie musi się pojawić, natomiast mógłby być poruszony szerzej w ogólnej dyskusji cyklu, która nie została załączona.

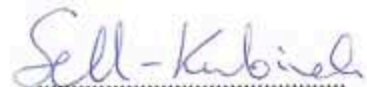
Ocena końcowa:

Przedstawiona rozprawa doktorska pana mgr inż. Dawida Słomiana tworzy bardzo spójny i ważny wkład w tematykę związaną z jednostopniową oceną zwierząt. Analizy przeprowadzono w bardzo wszechstronny sposób z naciskiem na porównanie metod i dostępu do danych o różnej jakości, co pozwala na wykorzystanie pozyskanych wyników nie tylko w polskiej populacji HF. Doktorant posiadał bardzo szeroki wachlarz umiejętności analiz statystycznych z zakresu genetyki ilościowej. Nawiązał też współpracę międzynarodową z ważnym ośrodkiem badawczym – Wageningen University, co zaowocowało wspólną pracą naukową. W związku z powyższym, mimo wspomnianych przeze mnie uwag i potrzeb rozwinięcia pewnych kwestii opisany przez Doktoranta cykl publikacji oceniam pozytywnie i stwierdzam, że spełnia wszelkie wymogi o ubieganie się o stopień doktora.

Ja, niżej podpisana stwierdzam, że recenzowana rozprawa doktorska **pana mgr inż. Dawida Słomiana** spełnia warunki określone w art. 13.1 Ustawy z dnia 14 marca 2003 r. o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz.U. nr 65 poz. 595 z późn. zmianami) i wnioskuje do Rady Naukowej Instytutu Zootechniki – Państwowego Instytutu Badawczego w Balicach o dopuszczenie **pana mgr inż. Dawida Słomiana** do dalszych etapów przewodu doktorskiego.

2.03.2026

data sporządzenia recenzji


podpis recenzenta