

**dr hab. Marek Babicz, prof. nadzw. UP**

OCENA PRACY DOKTORSKIEJ

PT.: Polimorfizm i ekspresja genów kodujących białka z nadrodziny  
TGF- $\beta$  w aspekcie plenności owiec

**MGR INŻ. GRZEGORZA SMOŁUCHY**

WYKONANEJ POD KIERUNKIEM DR HAB. ANNY KOZUBSKIEJ-SOBOCIŃSKIEJ, PROF. IZ PIB

PROMOTOR POMOCNICZY DR AGATA PIESTRZYŃSKA-KAJTOCH

**Owca domowa** (*Ovis aries*) jest jednym z gatunków zwierząt o istotnym znaczeniu nie tylko gospodarczym, ale również społecznym, ekologicznym, naukowym i kulturowym w wielu rejonach świata. Zwierzęta te charakteryzują się wielostronną użytkowością dostarczając ważnych produktów, jak: wełna, mięso, skóry, mleko. W Polsce przez wiele lat za wiodący produkt uzyskiwany z chowu owiec uważana była wełna i skóry. Obecnie cennym towarem, głównie eksportowym, jest przede wszystkim jagnięcina, poszukiwana na rynkach zagranicznych, jak też mleko stanowiące ważny surowiec w produkcji wyrobów tradycyjnych i regionalnych. W ostatnich latach odnotowano zmniejszenie zapotrzebowania na wełnę i redukcję możliwości eksportu żywca i mięsa baraniego na rynek Unii, co spowodowało kolejny kryzys w produkcji owczarskiej. W tym aspekcie w ramach programów krajowych i samorządowych podjęto działania zmierzające do podnoszenia plenności i doskonalenia mięsności owiec, co mogłoby ograniczyć spadek pogłowia.

Procesy rozrodu owcy domowej, uwarunkowane szeregiem czynników natury środowiskowej i genetycznej, znajdują się ciągle w centrum uwagi badaczy w wielu krajach.

Wciąż jednak genetyczne mechanizmy kontroli poszczególnych etapów rozrodu pozostają nie do końca wyjaśnione, szczególnie w odniesieniu do różnorodności ras tego gatunku zwierząt. Przyjmuje się, że cechy związane z rozrodem regulowane są poligenicznie, a na ekspresję genów wpływa wiele czynników związanych zarówno z miejscem (tkanką) i czasem (np. dniem cyklu), ale również z kolejnym cyklem reprodukcyjnym. Ważnym czynnikiem jest również rasa.

Wpisując się w aktualny nurt badań międzynarodowych Pan mgr inż. Grzegorz Smołucha podjął ważny naukowo i aplikacyjnie temat analizy polimorfizmu i ekspresji wybranych genów i ich asocjacji z plennością owiec rasy Cakiel podhalański, Romanowskiej i Wrzosówki.

Przedstawiona do oceny praca doktorska ma układ typowy dla tego typu opracowań i składa się w kolejności z: Wprowadzenia, Przeglądu literatury, Celu pracy, Materiału i metod, Wyników, Dyskusji, Podsumowania i wniosków, Literatury oraz Streszczenia w j. polskim i angielskim. Maszynopis uzupełniają: Objasnienia skrótów używanych w pracy oraz Aneks z wybranymi przez Doktoranta materiałami uzupełniającymi. W całości rozprawa obejmuje 150 stron maszynopisu w tym 58 tabel. Pracę wzbogacono graficznie o 7 rysunków i 7 wykresów opisujących również wyniki badań własnych.

We wstępnej części rozprawy Doktorant czytelnie i systematycznie dokonał przeglądu najważniejszych elementów związanych z procesami rozrodu owcy domowej, począwszy od zagadnień podstawowych wynikających ze specyfiki hodowli i chowu tego gatunku zwierząt gospodarskich, a kończąc na wyjaśnieniach genetycznego podłoża rozrodu owiec. Autor dokonał starannej, wielowątkowej kompilacji wniosków z prac dotyczących omawianego zagadnienia, prowadzonych w ośrodkach naukowych w kraju i na świecie. Łącznie wykorzystał 185 pozycji bibliograficznych zamieszczonych w czasopismach krajowych i zagranicznych. W całości rozdział ten pozwala czytelnikowi na właściwą orientację w omawianej problematyce. Szczególnie część dotycząca wybranych zagadnień genetycznych mechanizmów kształtowania procesów rozrodczych owiec świadczy o właściwym przygotowaniu merytorycznym Doktoranta do prowadzenia tego typu badań.

Cel pracy został poprawnie sformułowany w oparciu o przyjętą hipotezę badawczą i obszernie uwarunkowany wyjaśnieniami w poprzedzającym go rozdziale.

Przyjęta metodyka badań, zaprezentowana w rozdziale Materiał i metody, była w pełni zasadna merytorycznie, a jednocześnie realistyczna od strony organizacyjnej. Na uwagę

zasługuje wykorzystanie nowoczesnych i aktualnych metod badań oraz analiz popartych właściwie dobranymi metodami statystycznymi.

Na podkreślenie zasługuje również odpowiednio umotywowany dobór genów, jako potencjalnych markerów uwzględnionych w pracy wskaźników rozrodu owiec.

Rozdział Materiał i metody napisany jest poprawnie z wykorzystaniem najważniejszych informacji istotnych dla wyjaśnienia podjętego w pracy zagadnienia. Zdaniem recenzenta można byłoby go wzbogacić wyjaśniając:

- czym uwarunkowany był wybór ras, spośród utrzymywanych w Polsce,
- czy typowanie osobników do badań miało charakter losowy, czy też autor kierował się określonymi wyróżnikami np. użytkowymi,
- w tym podrozdziale warto również zamieścić krótką charakterystykę chowu zwierząt, który jak można wnioskować po miejscu pochodzenia materiału doświadczalnego był odpowiedni, to jednak mógł dodatkowo różnicować wyniki reprodukcji.

W części wynikowej (rozdział Wyniki) autor zaprezentował obszerny zbiór danych liczbowych w formie tabelarycznej oraz graficznej, obrazujący uzyskane efekty badań i analiz. W pracy przeprowadzono bardzo istotną dla tego typu badań analizę związku poziomu ekspresji oraz polimorfizmu genów z wartością cech związanych z plennością u owiec, co pozwoliło na określenie puli zadań genów *BMP-15*, *GDF-9*, *AMH*, w kształtowaniu cech rozrodczych owiec badanych ras. Jak wskazuje autor jest to przyczynek do dalszych badań z tego zakresu, które uważam za bardzo celowe i zasadne z punktu widzenia naukowego, ale również ważne dla wielu regionów Polski w aspekcie gospodarczym. Innym ważnym naukowo i aplikacyjnie wynikiem wykonanych badań jest określenie formuły genotypowej dla loci *BMP-15* i *GDF-9* charakterystycznej dla macierek o najwyższej plenności. Bardzo istotne dla krajowej hodowli ras Cakiel podhalański, Romanowskiej i Wrzosówki jest określenie ich struktury genetycznej na podstawie analizowanych genów.

W rozdziale Dyskusja Doktorant szczegółowo omówił zagadnienia dotyczące podjętego w rozprawie problemu polimorfizmu oraz ekspresji wybranych genów potencjalnie związanych z rozrodem analizowanych ras owiec. Na podstawie dostępnych danych literaturowych autor poprawnie uzasadnił wybór genów będących celem badań, jak również czytelnie ustosunkował się do uzyskanych wyników badań własnych, uwzględniając dane z piśmiennictwa. Na podkreślenie zasługuje staranne przygotowanie części dotyczącej polimorfizmu i ekspresji badanych genów, mając na uwadze fakt obszerności omawianego zagadnienia w aspekcie badań tego typu prowadzonych w Polsce i na świecie.

Szczegółowa i wykonana w pełnym zakresie merytorycznym analiza statystyczna uzyskanych wartości liczbowych pozwoliła autorowi sformułować ważne wnioski w aspekcie naukowym, ze wskazaniem możliwości umiejscowienia wyników badań własnych w praktyce hodowlanej i produkcyjnej. Przedstawione stwierdzenia końcowe stanowią bezpośrednie odzwierciedlenie badań i analiz własnych prezentowanych w rozprawie z wyjątkiem wniosku 8, który w aspekcie prowadzonych badań zdaje się być zbyt ogólnikowy.

Podsumowując, należy podkreślić, że zawarty w pracy materiał charakteryzuje się skrupulatnością analiz oraz interpretacji wyników, jak też właściwą ich prezentacją.

Opracowanie ogólnie zostało napisane poprawnie pod względem formalnym i językowym, jakkolwiek zdarzają się fragmenty wymagające korekty redakcyjnej:

- podrozdział Podsumowanie i wnioski można ograniczyć do wniosków, jako że informacje zawarte w podsumowaniu stanowią jedynie streszczenie podjętych przez autora działań realizacyjnych pracy,
- brak cytowania zamieszczonych tabel w tekście m.in. 3,5-10, 14-17, 20-23,
- inne drobne uwagi, niemające wpływu na ocenę końcową, zaznaczono w maszynopisie.

### **Podsumowanie**

Po zapoznaniu się z pracą doktorską mgr inż. Grzegorza Smołuchy stwierdzam, że opracowanie jest wynikiem przemyślanej koncepcji i gruntownej wiedzy z zakresu hodowli i genetyki niezbędnej w prowadzeniu tego typu badań. Praca jako całość, zachowując komplementarny układ podrozdziałów, tworzy logicznie spójny materiał, wnoszący bardzo interesujące i aktualne pod względem poznawczym ustalenia. Na podkreślenie zasługuje również aspekt aplikacyjny uzyskanych wyników badań. Realizacja zagadnienia merytorycznego przedstawionego w pracy doktorskiej mgr inż. Grzegorza Smołuchy z wykorzystaniem właściwie dobranego warsztatu badawczego pozwala umiejscowić przedstawione wyniki badań i analiz w grupie aktualnych opracowań wykonywanych w wiodących ośrodkach naukowych zajmujących się tego typu problematyką.

### **Wniosek końcowy**

Mając powyższe na uwadze stwierdzam, że przedstawiona do oceny praca pt. „Polimorfizm i ekspresja genów kodujących białka z nadrodziny TGF- $\beta$  w aspekcie plenności owiec” odpowiada warunkom sprecyzowanym w Ustawie o stopniach naukowych i tytule

naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki z dnia 14 marca 2003 roku (Dz. U. RP z 2003 r., Nr 65, poz. 595, wraz z późniejszymi zmianami i rozporządzeniami do tej ustawy) i przedkładam Wysokiej Radzie Naukowej Instytutu Zootechniki Państwowego Instytutu Badawczego w Balicach wniosek o dopuszczenie mgr inż. Grzegorza Smołuchy do dalszych etapów przewodu doktorskiego. Jednocześnie podkreślając wartość naukową i potencjał praktyczny rozprawy doktorskiej wnioskuję o jej wyróżnienie.

Lublin, dnia 21.06.2017 r.

Monika Jabłońska