



PODPIS ZAUFANY

MAREK
ŁUKASZEWICZ
26.08.2021 08:24:50 [GMT+2]
Dokument podpisany elektronicznie
podpisem zaufanym

Prof. dr hab. Marek Łukaszewicz
Ogrodowa 3, 05-503 Głusków
e-mail: roisab100@gmail.com

Głusków, 26.08.2021

Recenzja pracy doktorskiej mgr. inż. Sławomira Sadkowskiego pt. „Profile otłuszczenia świń oraz ich uwarunkowanie genetyczne”.

Hodowcy wszystkich gatunków zwierząt gospodarskich starali się od zawsze poszukiwać kompleksowego wskaźnika jakości danej użytkowości (np. indeksy selekcyjne), by wykorzystać go w selekcji. Badania mgr. inż. Sławomira Sadkowskiego wpasowują się w ten trend. Z powodu zdrowotnego i ekonomicznego znaczenia tłuszczu w surowcach pochodzenia zwierzęcego, zwłaszcza w produkcji wieprzowiny, w swojej pracy doktorskiej zaproponował utworzenie profilu otłuszczenia świń łączącego kilka pomiarów tej cechy w jeden użyteczny w selekcji wskaźnik. Założył jednocześnie, że zmienność osobnicza takiej cechy pozwoli na skuteczną selekcję w obrębie doskonałej populacji, wspomagając jednocześnie tę selekcję informacją o markerach DNA.

Problem rozpatrywany przez mgr. Sadkowskiego składał się więc z dwóch części – z zaproponowania kilku wariantów rasowych fenotypu profilu otłuszczenia oraz ze zbadania ich uwarunkowania genetycznego, tak na poziomie poligenu (wskaźniki odziedziczalności), jak i na poziomie bardzo szerokiego zestawu kandydujących loci markerowych, których wyboru dokonał na podstawie przeglądu piśmiennictwa.

W uzasadnieniu podjęcia badań Doktorant poruszył również ważną sprawę przydatności gatunku w badaniach biomedycznych, w których wątek otłuszczenia człowieka stanowi znaczący wycinek.

W zasadzie nie mam uwag merytorycznych do pierwszego wątku doktoratu dotyczącego zaproponowania sposobu określenia fenotypu profilu otłuszczenia. Mam jedynie zastrzeżenia, co do sposobu wprowadzenia pojęcia profilu – Doktorant przez długi czas posługuje się enigmatycznym określeniem „Profil 1” i „Profil 2” dotyczącym miejsca odkładania tłuszczu w organizmie świni. O tym, co wyróżnia te dwa profile dowiadujemy się dopiero na stronie 48 przy omawianiu wyników, kiedy profile te zostały nazwane. Wspominam ten problem, ponieważ miałem trudności z prześledzeniem powodu zdefiniowania, od samego początku narracji, jedynie dwóch profili, gdy możliwe jest przewidywanie większej ich ilości. Osobiście wprowadziłbym te dwa profile w momencie uzasadniania podjęcia badań, jako wniosek z przeglądu piśmiennictwa, albo właśnie dopiero

jako wynik analizy rozkładu otłuszczenia, ponieważ wtedy możemy decydować, co do liczby wyróżnionych profili, jeśli nie założymy ich liczby przy definicji problemu.

Co do drugiego wątku pracy – analiz genetycznych – mam więcej uwag, w tym merytorycznych. Głównym problemem w tym przypadku jest niewielka liczba obserwacji, zwłaszcza w ujęciu rasowym, a zwłaszcza cechy „zawartość tłuszczu śródmięśniowego”. Z tego względu oczekiwałbym drobiazgowej informacji o materiale zwierzęcym i uwarunkowaniach środowiskowych.

Jeśli chodzi o uwarunkowania środowiskowe brakuje mi informacji *explicite* skąd pochodziły „prosięta dostarczane do SKURTCCh w Pawłowicach ...” – czy były to fermy ZD Pawłowice, czy inne oraz czy rasy pochodziły każda z jednego źródła-fermy, czy z różnych. Dysponując taką informacją można by wnioskować o ewentualnym uwikłaniu genotypu i środowiska lub braku takiego uwikłania, a w konsekwencji wnioskować, w jakim stopniu rasowe szacunki h^2 odzwierciedlają rzeczywisty udział zmienności genetycznej w zmienności fenotypowej. Niezależnie, bardzo zróżnicowane estymatory h^2 przytaczane w piśmiennictwie dotyczą różnych warunków środowiskowych (także różnych modeli statystycznych), co może być główną przyczyną zróżnicowania wielkości estymatorów – niskie uzyskiwane są w analizach polowych, wysokie w analizach stacyjnych. W przypadku ocenianego doktoratu nie wiemy, czy środowiska ferm pochodzenia ras są zbliżone, czy nie, a szacunki wskaźników odziedziczalności różnią się, bywa, znacznie.

Kontynuując rozważanie wielkości szacunków h^2 w omawianym doktoracie, należy koniecznie zwrócić uwagę na strukturę rodzinną uzyskanych prób rasowych zwierząt. Pytanie brzmi: w jakim stopniu sposób wyboru zwierząt do próby mógł wpłynąć na zmienność genetyczną analizowanych prób rasowych? Doktorant podaje ogólną liczbę ojców reprezentowanych w poszczególnych rasach, bez szczegółowego podania liczby potomstwa przypadającego na ojca. Oczekuję, że w próbie zdominowanej przez niewielu ojców (ogólnie – zdominowanej przez niewiele rodzin) szacunki zmienności genetycznej będą zaniżone w porównaniu do sytuacji, kiedy przedstawiciele wielu rodzin mają szansę pojawić w próbie. Wpływ loch-matek jest mniej istotny w powyższym kontekście, chociaż, zważywszy wielkości miotów u tego gatunku, może również przyczyniać się do zróżnicowania wielkości uzyskanych szacunków. Wielkości szacunków wariancji genetycznej mogą też być pochodną powodu zwiększonej obecności jakichś rodzin w próbie – np. wybór losowy w porównaniu do strategicznego.

Tak, jak struktura rodzinowa próby może mieć pewien wpływ na szacunek komponentu genetycznego zmienności w analizach poligenicznych (nawet próba składająca się z niewielu rodzin może okazać się przydatna), tak wyniki analizy polimorfizmu DNA są znacznie bardziej podatne na ten aspekt doboru próby. Mówiąc o polimorfizmie DNA

dyskutujemy frekwencje alleli, a te mogą być znacznie zafałszowane w próbach zdominowanych przez niewiele rodzin. Podając skrajny przykład: potomstwo homozygotycznego ojca dostanie od niego tylko jeden allel, zawyżając jego frekwencję, choć w całej populacji może być rzadki.

W kontekście badania asocjacji polimorfizm-użytkowość należy także rozpatrzyć problem *locus* kodującego (QTL) w porównaniu do *locus* markerowego, sprzężonego z regionem QTL. *Locus* kodujące może być jednym z wielu o niewielkim wpływie na zmienność analizowanej użytkowości będąc elementem poligeny lub stawać się genem głównym, wyjaśniającym więcej niż jakaś wartość progowa (np. 5%) zmienności genetycznej cechy. Analizując wyniki przytaczane w piśmiennictwie na ten temat to to, że mamy do czynienia z genem głównym możemy wywnioskować na podstawie powtarzalności między populacjami uzyskiwanych szacunków wpływów (ich kierunku, wielkość samych szacunków może zależeć od genów towarzyszących – epistazy; wciąż z zastrzeżeniem prawidłowości doboru próby).

Geny/*loci* główne jest to pierwszy z typów genów, których związek *implicite* z użytkowością bada Doktorant. Drugi typ genów to geny/*loci* markerowe, które same nie kodują danej użytkowości lecz są sprzężone z *loci* kodującymi. Na temat wpływów takich *loci* w różnych populacjach piśmiennictwo przytacza często sprzeczne lub indyferentne wyniki tak, co do wielkości wpływu, jak i jego kierunku. Spowodowane jest to faktem, że na *locus* markerowym markerem jest jeden z możliwych alleli, a ten może znajdować się w stanie różnej fazy sprzężeniowej z QTL. W jednej populacji (rodzinie) może być raczej sprzężony z regionem QTL o słabych założeniach, w innej raczej o dobrych. Na dodatek faza sprzężeniowa może się zmienić wskutek rekombinacji podczas mejozy, wprowadzając tym więcej chaosu do wyników przytaczanych w piśmiennictwie. Z punktu widzenia *loci* markerowych problem struktury rodzinowej nabiera więc szczególnego znaczenia w kontekście reprezentatywności prób rasowych – faza sprzężeniowa jest znaczącym atrybutem rodziny i w takim przypadku dominującą wielkością rodziny w próbie mogą odchyłać uzyskane wyniki od przeciętnych w populacji.

Powyższe akapity dotyczące analiz genetycznych rozszerzyłem celowo by wskazać, w jaki sposób drobiazgową informacją o strukturze rodzinowej próby mogłaby wpłynąć na jakość dyskusji i interpretacji wyników, ponieważ sama dyskusja wyników w niniejszym doktoracie jest moim zdaniem ograniczona. W zasadzie każdy aspekt dyskutowany przez Doktoranta rozpoczyna się od zbędnego powtórzenia metodyki. Zbędna jest również rozbudowana część dyskusji omawiająca podręcznikowo problem otyłości u człowieka i świni rozmywając w ten sposób dyskusję ściśle związaną z doktoratem – możliwość wykorzystania informacji na temat badanych przez Doktoranta *loci* w badaniach biomedycznych.

Na koniec chciałem się ustosunkować do bardzo ważnego rozdziału „Podsumowanie i wnioski”. Tak, jak bardziej szczegółowa informacja o materiale zwierzęcym pomogłaby dokładniej zinterpretować zaprezentowane wnioski wynikające z badań mgr. Sadjkowskiego, tak zdecydowanie zabrakło mi jakiegoś „zoo technicznego” wniosku. Np. czy na podstawie różnicowania profili otłuszczenia między rasami istnieje możliwość zaproponowania jakiegoś systemu doboru ras do programów krzyżowania? Oczywiście w tym przypadku punktem wyjścia mógłby być układ: hybrydyzacja materiału matczyne go (wbp*pbz) a następnie materiału towarowego wykorzystując ojcowską linię 990.

Niezależnie od moich uwag dotyczących lakonicznej informacji o materiale zwierzęcym i sposobu dyskusowania wyników uważam, że badania przeprowadzone przez mgr. Sławomira Sadjkowskiego spełniają kryteria oczekiwane od prac przedstawianych w procesie występowania o uzyskanie stopnia doktora. Na wstępie Doktorant uzasadnił potrzebę podjęcia badań – zdefiniował problem, postawił hipotezy badawcze, sformułował cele, zastosował właściwe narzędzia metodyczne (w tym własne oprogramowanie) i wyciągnął wnioski, w których wykazał, że zaproponowane przez Niego profile otłuszczenia tusz są odziedziczalne w stopniu umożliwiającym wydajną selekcję trzody chlewnej pod tym względem, a selekcja może być dodatkowo wspomóżona informacją molekularną, poprzez wskazanie jedenastu miejsc polimorficznych DNA, jako kandydujących na markery profilu otłuszczenia. Niezależnie, wskazał marker *MC4R* jako wspólny mianownik do badań biomedycznych świnia-człowiek.

W związku z powyższym wnoszę do Rady Naukowej Dyscypliny Zootechnika i Rybactwo Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu o dopuszczenie mgr. inż. Sławomira Sadjkowskiego do dalszych etapów przewodu doktorskiego.

