



Białowieża, 06.06.2017r.

Recenzja rozprawy doktorskiej mgr inż. Katarzyny Sieńko
p.t. „Genetic diversity of the common shrew *Sorex araneus* and the pygmy shrew *Sorex minutus* in Poland and Southern Sweden”

Przedstawiona mi do recenzji rozprawa doktorska Pani mgr inż. Katarzyny Sieńko zatytułowana „Genetic diversity of the common shrew *Sorex araneus* and the pygmy shrew *Sorex minutus* in Poland and Southern Sweden” opisuje wyniki genetycznych badań porównawczych mitochondrialnego i jądrowego DNA wykonanych na materiale składającym się ze 110 przedstawicieli gatunku *Sorex araneus* i 77 przedstawicieli *Sorex minutus*, pochodzących z terenu Polski oraz południowej Szwecji. Badania wykonane zostały w Katedrze Genetyki Wydziału Biologii i Hodowli Zwierząt Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu pod kierunkiem dr hab. inż. Heliodora Wierzbickiego.

Rozprawa liczy 110 stron, przygotowana została w języku angielskim, i podzielona na 9 rozdziałów: 1. Introduction, 2. Materials and methods, 3. Results, 4. Discussion, 5. Conclusions, 6. References, 7. List of figures, 8. List of tables, 9. Supplementary material. Ponadto zawiera Abstract i polskojęzyczne Streszczenie, umieszczone na początku, tuż za List of Contents.

Rozdział 1 (Introduction) zawiera informacje o taksonomii i biologii obu gatunków, rys historyczny o wykorzystaniu markerów DNA w podobnych badaniach, informacje o polimorfizmie kartotypowym i rasach chromosomowych ryjówek. Przegląd literatury i opis aktualnego stanu wiedzy przeprowadzony został rzetelnie, cele badań przedstawione są wypunktowane.

Brakuje tu jednak klarownie i przejrzystości przedstawionych przyczyn, dla których badania zostały podjęte i co stanowi o ich oryginalności.

Rozdział 2 (Materials and methods) zawiera również rzetelny opis wykorzystanego materiału badawczego i zastosowanych metod.

Opisane i zastosowane przez autorkę metody są właściwe i uzasadnione dla realizacji postawionych sobie celów i świadczą o biegłości i kompetencji autorki. Użycie

wykorzystanych przez nią markerów mikrosatelitarnych i mitochondrialnych jest standardowym sposobem analizy zmienności genetycznej gatunków, szczególnie dzikich i niemodelowych. Autorka właściwie wykorzystwała dostępne oprogramowania służące do analizy danych genetycznych.

Nie zauważyłam informacji o przyczynie wykorzystania innych prób do analiz DNA jądrowego i innych (przynajmniej częściowo) do mitochondrialnego. Wykorzystanie tego samego materiału do obu celów mogłoby dostarczyć dodatkowych cennych informacji. Rozumiem, że istniał powód takiego działania, powinien on zostać krótko wyjaśniony.

Zabrakło mi ważnej informacji o wykorzystanych markerach mikrosatelitarnych – czy są to markery specyficzne gatunkowo czy nie. Jeśli nie, to należałoby odnieść się do problemu tzw. błędu założenia (ang. ascertainment bias), który może, choć nie musi, wpłynąć na wyniki badań.

Rozdział 3 (Results) jest wyczerpującym opisem uzyskanych wyników, z podziałem na gatunek, rodzaj markera i szacowane parametry. Autorka w sposób jasny i zwięzły omawia wyniki uzyskane dla wykorzystanych w pracy parametrów genetycznych (microsatellite variation, genetic diversity, population differentiation, genetic clustering, variable sites, haplotype variation, phylogenetic relationship), ilustrując je serią rycin i tabeli. Ich prezentacja jest bardzo staranna i przejrzysta.

Autorka dość szeroko posługuje się parametrami statystyki opisowej F (F_{st} , F_{is}), co jest zresztą praktyką powszechną wśród genetyków populacyjnych. Jednak w przypadku wysoko polimorficznych populacji, a takimi są oba badane przez autorkę gatunki, analiza wyników szacunków F_{st} może prowadzić do błędnych interpretacji. Przydałoby się krótkie odniesienie się do tego problemu i wyjaśnienie, czy i w jaki sposób autorka próbowała jego potencjalne skutki zminimalizować.

Rozdział 4 (Discussion), podobnie jak poprzednie, został podzielony na 2 odrębne części dotyczące obu badanych gatunków oraz część wspólną General discussion, która podkreśla potrzebę prowadzenia dalszych, szerzej zakrojonych badań w oparciu o markery jądrowe i mitochondrialne i próby badawcze o większej liczebności. Rozdział ten zawiera wyczerpujące omówienie uzyskanych wyników na tle danych literaturowych, świadczące o dużej wiedzy autorki i umiejętności łączenia informacji uzyskanej z różnych źródeł.

Rozdział 5 (Conclusions) zawiera wypunktowane wnioski z uzyskanych wyników, osobno dla każdego gatunku. Nieco zabrakło mi w tej części uwypuklenia, które z nich mają szczególne znaczenie dla odtworzenia ewolucji i migracji gatunków i w jaki sposób modyfikują one dotychczasową wiedzę.

Jeśli chodzi o słabsze strony rozprawy, to oprócz kilku drobnych w sumie mankamentów rozprawy, które zawarłam w uwagach powyżej, uważam, że niewątpliwie ambitne zajęcie się aż dwoma gatunkami, jest jednocześnie słabszą stroną pracy. Nie ze względów merytorycznych, ale z powodu ludzkich ograniczeń recenzentów i innych czytelników. Rozdwojenie percepcji na dwa równoległe kanały informacji jest bardzo trudne, zwłaszcza dla kogoś, kto nie zajmuje się ryjówkami na co dzień. Gdyby przedmiotem rozprawy był tylko jeden gatunek, nie straciłaby ona jakości a zyskała na skuteczności przekazu.

Pomimo wyrażenia kilku krytycznych uwag, wysoko oceniam ilość i jakość pracy, jaką Pani Katarzyna Sieńko włożyła w jej przygotowanie. Uważam, że opisane badania zostały dobrze zaprojektowane, wykonane i zinterpretowane. Rozprawa napisana jest bardzo poprawną i profesjonalną angielszczyzną oraz umiejętnie i zgrabnie zredagowana. Autorka włożyła wiele pracy w przygotowanie bogatego i wyczerpującego przeglądu literatury i to aż dla dwóch różnych, choć spokrewnionych gatunków. Wyniki i wnioski z pracy własnej zostały umiejętnie odniesione do aktualnego stanu wiedzy. Przedstawiona publikacja jest bardzo rzetelnie przygotowana i oceniam ją bardzo pozytywnie, jako spełniającą wymagania stawiane rozprawom doktorskim oraz wnioskuję o jej wyróżnienie.

Z poważaniem



dr hab. inż. Małgorzata Tokarska