

ZAŁĄCZNIK II

AUTOREFERAT

(OPIS DOROBKU I OSIĄGNIĘĆ NAUKOWYCH)

JOANNA KANIA-GIERDZIEWICZ

KATEDRA GENETYKI I METOD DOSKONALENIA ZWIERZĄT
WYDZIAŁ HODOWLI I BILOGII ZWIERZĄT
UNIwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie

KRAKÓW 2019

1. Imię i nazwisko: Joanna Kania-Gierdziewicz

Miejsce pracy: Katedra Genetyki i Metod Doskonalenia Zwierząt,
Wydział Hodowli i Biologii Zwierząt,
Uniwersytet Rolniczy im. H. Kołłątaja w Krakowie,
Al. Mickiewicza 24/28
30-059 Kraków
Tel. (012) 662 41 43
e-mail: rzkania@cyf-kr.edu.pl

2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe

Magister inżynier – kierunek Zootechnika, Akademia Rolnicza
im. H. Kołłątaja w Krakowie, 1993.

Doktor nauk rolniczych – kierunek Zootechnika, specjalność Genetyka i hodowla
zwierząt, Uniwersytet Rolniczy im. H. Kołłątaja
w Krakowie, 2003.

tytuł pracy: „Struktura genetyczna krajowej populacji
buhajów czarno-białych”.

promotor: prof. dr hab. Andrzej Żarnecki

recenzenci: prof. dr hab. Zbigniew Staliński
prof. dr hab. Hanna Czaja

3. Informacje o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych

II 2003 – nadal	asystent naukowo - dydaktyczny z doktoratem Uniwersytet Rolniczy im. H. Kołłątaja w Krakowie Katedra Genetyki i Metod Doskonalenia Zwierząt
XI 1993 – II 2003	asystent naukowo - dydaktyczny Uniwersytet Rolniczy im. H. Kołłątaja w Krakowie Katedra Genetyki i Metod Doskonalenia Zwierząt
II-X 1993	asystent stażysta Akademia Rolnicza im. H. Kołłątaja w Krakowie Katedra Genetyki i Metod Doskonalenia Zwierząt

4. Wskazanie osiągnięcia wynikającego z art. 16 ust. 2 ustawy z dnia 14 marca 2003 roku o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki – Dz. U. 2016 r. poz.882 ze zm. w Dz. U. z 2016 r. poz.1311.):

a) Tytuł osiągnięcia naukowego

Podstawą do ubiegania się o stopień naukowy doktora habilitowanego jest monografia:

Joanna Kania-Gierdziewicz. **Wpływ struktury genetycznej stada na wskaźniki płodności i długość użytkowania samic szynszyli**. 2019. Wydawnictwo Uniwersytetu Rolniczego w Krakowie.

Recenzenci:

Dr hab. prof. nadzw. Iwona Rozempolska-Rucińska,
Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

Dr hab. inż. Lidia Felska-Błaszczyk,
Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie

b) Omówienie celu naukowego w/w pracy i osiągniętych wyników oraz ich ewentualnego wykorzystania**Wprowadzenie**

Zainteresowanie hodowców i badaczy rasami zwierząt o znaczeniu lokalnym zostało zapoczątkowane przez konwencję o zachowaniu różnorodności biologicznej w latach 90-tych XX wieku [<https://www.cbd.int>]. Uznano wtedy, że rasy lokalne są ważne w aspekcie zachowania bioróżnorodności danego obszaru. Konwencja ta zmieniła nieco spojrzenie na występowanie i utrzymanie ras miejscowych o niskiej liczebności i mało popularnych ze względu na niższą wydajność, tak wśród większości hodowców, jak też wśród przedstawicieli organizacji rządowych i samorządowych wszystkich szczebli w danym kraju. Wiele z tych ras uznano za chronione rezerwy genetyczne danego obszaru. Jednakże często jest bardzo trudne utrzymanie odpowiedniego poziomu zmienności genetycznej tych ras, ze względu na znacznie ograniczoną ich liczebność. Opisane wyżej powody oraz postępy w technologii rozrodu zwierząt gospodarskich skutkujące rosnącym dysparytetem płci w populacjach aktywnych sprawiły, że analiza struktury genetycznej populacji różnych gatunków i ras zwierząt domowych stała się w ostatnich dziesięcioleciach bardzo popularnym zagadnieniem badawczym. Szacowano udziały założycieli i przodków, a przede wszystkim poziom

spokrewnienia i zimbredowania w kontekście występowania w małych populacjach zjawiska depresji inbredowej oraz ujawniania się wad dziedzicznych. Badania z tego zakresu dotyczyły bydła, małych przeżuwaczy, trzody chlewnej, koni, psów oraz zwierząt futerkowych. Wśród tych ostatnich najczęściej prac dotyczyło analizy skutków występowania nadmiernej homozygotyczności i depresji inbredowej u królików [m.in. Bieniek i in. 1995, Farghaly i in. 2000, Moura i in. 2000, Nagy i in. 2010, Nagy i in. 2011, Nagy i in. 2013a, Nagy i in. 2013b, Ragab i in. 2015, Martin de la Rosa i in. 2016, Sakthivel i in. 2018]. Znacznie mniej prac badawczych dotyczyło struktury genetycznej oraz możliwości wystąpienia depresji inbredowej i jej skutków u mięsożernych zwierząt futerkowych [np. Johanessen i in. 2004, Wierzbicki i in. 2004, Strandén i Peura 2007, Ślaska i in. 2007, Demontis i in. 2011, Thirstrup i in. 2012]. Natomiast u szynszyli badań z tego zakresu dotychczas nie prowadzono.

Szacowanie wartości hodowlanej zwierząt wymaga uprzedniego określenia wartości parametrów genetycznych, tj. odziedziczalności i korelacji genetycznych, oraz środowiskowych (powtarzalność). Częstotliwość oraz liczba opracowań dotyczących tego zagadnienia zależy między innymi od stopnia zaawansowania metod oceny wartości hodowlanej oraz od liczby cech uwzględnianych u danego gatunku. W tym zakresie najczęściej opracowań dotyczyło bydła, ale już znacznie mniej małych przeżuwaczy, koni i trzody chlewnej. Szacowanie parametrów genetycznych różnych cech użytkowych prowadzono również u zwierząt futerkowych. W największym zakresie dotyczyło to królików [m.in. Rastogi i in. 2000, Sanchez i in. 2006, Gyovai i in. 2009, Abou Khadiga i in. 2012, Blasco i in. 2017, Nguyen i in. 2017], następnie zwierząt futerkowych mięsożernych [np. Wierzbicki i Jagusiak 2006, Kempe i Strandén 2014, Thirstrup i in. 2014, Karimi i in. 2018], a w niewielkim stopniu szynszyli [Jeżewska i in. 2003, Rozempolska-Rucińska i in. 2006, Seremak 2007].

Badania prowadzone na szynszylach dotyczyły głównie różnych aspektów ochrony tego gatunku w stanie dzikim [Jiménez 1995, Jiménez 1996, Cortés i in. 2002, Spotorno i in. 2004], czy też żywienia szynszyli jako zwierząt towarzyszących [Wolf i in. 2001]. Badano również parametry rozrodu szynszyli, czy też możliwość zastosowania u nich inseminacji [Călămar i in. 2008, Busso i in. 2012, Galeano i in. 2014]. Ze względu na dużą popularność hodowli szynszyli w Polsce, najwięcej badań dotyczących tego gatunku prowadzono w naszym kraju. Dotyczyły one najczęściej analizy różnych czynników wpływających na plenność i płodność szynszyli. Badano zmiany w sezonowości rozrodu tego gatunku [m.in. Gromadzka-Ostrowska 1998, Bieniek i in. 2003, Barabasz i Bieniek 2005, Felska-Błaszczuk i Błaszczuk 2007, Szeleszczuk i in. 2017] oraz wpływ oświetlenia na fermie na płodność samic szynszyli [np. Felska i Brzozowski 2004, Felska-Błaszczuk 2005]. Analizowano również różnice w płodności samic różnych odmian barwnych [m.in. Seremak i Sulik 2004, Socha i in. 2009] oraz różnych genotypów [np. Felska-Błaszczuk i Kaczmarek 2006, Felska-Błaszczuk i in. 2008], jak też analizowano potencjalne możliwości poprawy płodności u tego gatunku [m.in. Barabasz i in. 2000, Socha i in. 2001, Barabasz i Bieniek 2005, Ślaska i in. 2012, Świącicka i in. 2018]. Tematem badań była także długość użytkowania samic szynszyli [m.in. Sulik i in. 2001, Bieniek i in. 2003b, Brzozowski i Nyrek-Koczkodaj 2007, Dzierżanowska-Góryń i in. 2011], jak również wpływ pokroju i wieku samicy na wyniki rozrodu [np. Ślaska i Jeżewska-Witkowska 2008, Socha i in. 2010, Ślaska i in. 2012, Świącicka i in. 2018].

Biorąc pod uwagę popularność hodowli szynszyli w Polsce oraz fakt, iż do prowadzenia racjonalnej pracy hodowlanej konieczna jest znajomość parametrów genetycznych cech oraz struktury genetycznej populacji, a w szczególności poziomu zimbredowania i spokrewnienia, oraz wpływu tych czynników na wartości cech reprodukcyjnych, celem badań było: 1) oszacowanie parametrów struktury genetycznej populacji oraz ocena stanu jej zmienności

genetycznej; 2) zbadanie wpływu struktury genetycznej, a szczególnie poziomu zimbredowania matek i potomstwa na cechy płodności, wydajności życiowej i długości użytkowania samic szynszyli; 3) oszacowanie parametrów genetycznych cech płodności i wydajności życiowej samic szynszyli oraz przeanalizowanie wpływu inbredu matek i potomstwa na wartości tych oszacowań.

Badany materiał stanowiły rodowody 1603 szynszyli, 231 samców i 1372 samic, urodzonych w latach 1990-2010, oraz informacje o 6442 miotach, urodzonych w latach 1991-2010, pochodzących po 1033 matkach. Analiza rodowodów obejmowała oszacowanie współczynników inbredu i spokrewnienia oraz efektywnej liczby założycieli i przodków. Cechami wydajności życiowej badanymi u samic były całkowita liczba miotów i całkowita liczba młodych urodzonych i odchowanych oraz życiowa efektywność odchowu. Analiza płodności obejmowała liczebność miotu urodzonego i odchowanego, efektywność odchowu każdego miotu i odstęp czasu między kolejnymi wykotami oraz wiek pierwszego skutecznego krycia. Długość użytkowania samicy określano na dwa sposoby: 1) jako liczbę dni od urodzenia do ostatniego zarejestrowanego wykotu i 2) jako całkowitą liczbę miotów urodzonych przez samicę.

Wyniki

W badanej populacji szynszyli uzyskano niskie wartości średniego zimbredowania i spokrewnienia, wskazujące obecnie na brak oznak zagrożenia depresją inbredową. Stwierdzono jednak sukcesywne narastanie z pokolenia na pokolenie średnich wartości inbredu, pomimo zapobiegawczych działań hodowców, polegających na imporcie reproduktorów. Wprawdzie w badanej populacji szynszyli przyrost inbredu na pokolenie kształtował się na poziomie znacznie poniżej 1%, to jednak niekorzystny kierunek tych zmian powinien stanowić ostrzeżenie dla hodowców.

Udziały genów założycieli i przodków badanej populacji szynszyli były niskie i rozkładały się równomiernie. Analiza udziałów założycieli i przodków wykazała, że w badanej populacji wystąpiła nieznaczna tendencja do zawężania puli genetycznej, którą należy również potraktować jako ostrzeżenie. Nie zrównoważyło jej także wprowadzenie do stada obcych samców, ponieważ prawdopodobnie było ich za mało a do tego zostały nierównomiernie wykorzystane jako reproduktory. W konsekwencji doprowadziło to do powstania dużych grup spokrewnionego potomstwa, co może w przyszłości utrudnić dobór par niespokrewnionych czy też o najniższym możliwym spokrewnieniu do kojarzeń.

W badanej populacji stwierdzono również duży odsetek zestawów poligamicznych (rodzin), w których występowało spokrewnienie między samcem i samicami. Ponieważ założeniem racjonalnej hodowli był brak spokrewnienia między samcem i przydzielonymi mu samicami, w przyszłości należałoby dokładniej analizować rodowody zwierząt mających tworzyć te rodziny, uwzględniając nawet do pięciu pokoleń przodków, bowiem wspólni przodkowie bardzo często występują głębiej niż w drugim pokoleniu.

Analiza nie wykazała istotnego wpływu poziomu zimbredowania matki na cechy wydajności życiowej i płodności. Niemniej stwierdzono, iż wzrost inbrodu matek o 10% powinien nieznacznie podnieść wartości cech związanych wydajnością życiową samicy wyrażoną liczbą uzyskanego od niej potomstwa. Zimbredowanie samic w niewielkim stopniu negatywnie wpływało na liczebność miotu urodzonego i nieznacznie pozytywnie na liczebność miotu odchowanego. Natomiast poziom inbrodu matek nie miał wpływu na życiową efektywność odchowu u samic oraz efektywność odchowu pojedynczego miotu matki.

Stwierdzono, że poziom inbrodu matek wpłynął wysoko istotnie na wiek pierwszego skutecznego krycia, powodując jego opóźnienie u samic zimbredowanych nawet o pięć miesięcy. Ponadto, wysoko istotnie i pozytywnie wpływał inbred samic na długość ich

użytkowania. Natomiast wzrost poziomu inbrodu matki o 10% wpływał na skrócenie długości okresu między wykotami o około 15 dni.

Analiza nie wykazała istotności wpływu inbrodu potomstwa na cechy płodności matek. Poziom zimbredowania potomstwa nie wpływał na liczebność miotu urodzonego i odchowanego oraz średnią efektywność odchowu miotu, jak również na długość okresu między wykotami. Natomiast samice rodzące zimbredowane potomstwo wykazywały wysoko istotnie skrócony czas użytkowania o około 39 dni.

Oszacowania parametrów genetycznych cech wydajności życiowej samicy oraz cech płodności uległy niewielkiej zmianie po wprowadzeniu regresji na inbred samicy czy regresji na inbred matki i miotu. Oszacowane wpływy inbrodu były niewielkie i pozytywne dla wydajności życiowej samicy. Natomiast w odniesieniu do cech płodności zróżnicowanie efektów inbrodu było większe, tak w przypadku wpływu inbrodu matki, jak i miotu.

W badanej populacji szynszyli nie udało się jednoznacznie stwierdzić negatywnego wpływu inbrodu samic i potomstwa na badane cechy wydajności życiowej i płodności, co w pewnym stopniu należy tłumaczyć ogólnie niskimi wartościami współczynników inbrodu samic i miotów (poniżej 0,0625), a także małą liczbą zimbredowanych matek czy miotów w badanej populacji. Do tego przy zbliżonym poziomie zimbredowania u innych gatunków zwierząt obserwowano polepszenie zamiast pogorszenia wartości cech (co częściowo zaobserwowano również w niniejszych badaniach).

Oszacowania odziedziczalności cech wydajności życiowej i płodności samic przyjmowały niskie wartości, które oznaczały, że obserwowane różnice między osobnikami były w małym stopniu natury genetycznej. Stwierdzono ujemne korelacje genetyczne między życiową efektywnością odchowu młodych a pozostałymi cechami wydajności życiowej samicy oraz między efektywnością odchowu pojedynczego miotu a jego liczebnościami oraz długością okresu między wykotami. Istnienie takich korelacji wskazuje, iż jedyną drogą

zwiększenia efektywności odchowu potomstwa u szynszyli byłaby poprawa warunków środowiskowych.

Stwierdzono negatywny trend genetyczny obniżający życiową efektywność odchowu u samic zimbredowanych w większości badanych roczników samic. Również podobny trend skracający długość okresu między wykotami wykazano dla miotów o najwyższych wartościach inbredu w większości analizowanych roczników potomstwa. Analiza łącznego efektu inbredu matek i miotów wykazała, iż wpływał on do pewnego stopnia pozytywnie na konsolidację genetyczną populacji zmniejszając zakres zmienności badanych cech.

Podsumowując należy stwierdzić, że przeprowadzona po raz pierwszy w populacji szynszyli analiza struktury genetycznej oraz wpływu inbredu na cechy reprodukcyjne samic szynszyli, wykazała, że, przy racjonalnie prowadzonej pracy hodowlanej, istnieje u tego gatunku możliwość ograniczania wzrostu homozygotyczności oraz negatywnego wpływu tego zjawiska na cechy związane z wydajnością życiową i rozrodem. Uzyskane wyniki szerokiego spektrum analizy mają niewątpliwie walor poznawczy, a także stanowią praktyczne wskazania dla hodowców szynszyli, jak w sposób racjonalny można kontrolować, a także utrzymywać niski poziom inbredu w stadzie.

Niezależnie od tego, dokonane w niniejszych badaniach oszacowania parametrów genetycznych (odziedziczalności i korelacji genetycznych) i środowiskowych (powtarzalność) cech reprodukcyjnych samic szynszyli mogą zostać wykorzystane w pracy hodowlanej. Do tego dla niektórych cech parametry te oszacowano po raz pierwszy u tego gatunku.

5. Omówienie pozostałych osiągnięć naukowo – badawczych

W mojej działalności naukowo-badawczej, wyróżnić można następujące obszary badań:

- A. Szacowanie poziomu spokrewnienia i inbredu w celu oceny zmienności genetycznej dużych i małych populacji różnych gatunków zwierząt domowych.

- B. Szacowanie udziałów założycieli i przodków dla dużych i małych populacji różnych gatunków zwierząt domowych w kontekście ochrony zasobów genetycznych.
- C. Badania wpływu poziomu inbrodu osobników na wartości różnych cech u zwierząt hodowlanych i towarzyszących.
- D. Szacowanie parametrów genetycznych różnych cech użytkowych u zwierząt hodowlanych oraz badanie wpływu różnych czynników na cechy użytkowe i długość użytkowania zwierząt hodowlanych i towarzyszących.

Szacowanie spokrewnienia i inbrodu w celu oceny zmienności genetycznej dużych i małych populacji różnych gatunków zwierząt domowych.

Jeden z głównych obszarów badań dotyczył szacowania spokrewnienia i inbrodu u różnych gatunków i ras zwierząt hodowlanych i towarzyszących, takich jak bydło i konie oraz psy.

(Publikacje wg Załącznika 3: B.2, B.5, B.8, B.9, B.10, B.13, B.14, B.15, B.16, B.19, B.23)

Wszystkie badania dotyczące szacowania spokrewnienia i zimbredowania różnych populacji zwierząt domowych przeprowadzono w oparciu o metody analizy rodowodowej.

W ramach tego obszaru analizowano strukturę rodowodową populacji buhajów rasy polskiej czerwonej urodzonych w latach 1973-1998, w kontekście objęcia tej rasy rodzimej ochroną zasobów genetycznych. Analizując rodowody 288 buhajów badanej rasy stwierdzono istnienie 22 grup krewniaczych, których założycielami tylko w 9 przypadkach były buhaje czystorasowe polskie czerwone lub mieszańce z niewielkim udziałem innych ras. Jedna grupa krewniacza była założona przez buhaja duńskiego czerwonego, zaś 12 przez buhaje rasy Angler. Średnie spokrewnienie w badanej grupie buhajów wynosiło ponad 2,5% z uwagi na występujące w tym czasie systematyczne krzyżowanie wypierające rasami: duńską czerwoną i Angler. U 38 buhajów z udziałem genów rasy polskiej czerwonej od 100% do 75% średnie spokrewnienie było nieco wyższe (3,7%). Stwierdzono stały dość znaczny spadek udziału genów rasy rodzimej u badanych buhajów (**B.2**). Przeanalizowano również strukturę genetyczną polskiej populacji buhajów czarno-białych liczącej 25036 osobników.

Wyznaczono trzy najbardziej rozgałęzione linie męskie (ścieżka ojciec-syn) buhajów holsztyńsko-fryzyjskich, których przedstawiciele zostali użyci do krzyżowania wypierającego z rasą polską czarno-białą. Większość ze wspomnianych importowanych reproduktorów holsztyńsko-fryzyjskich była pochodzenia amerykańskiego lub kanadyjskiego i była ze sobą spokrewniona, a niektóre były też zimbredowane (**B.5**). Przeanalizowano także spokrewnienie i zimbredowanie 25 036 krajowych buhajów rasy polskiej czarno-białej urodzonych w latach 1960-2000. Analiza wykazała stosunkowo niskie wartości inbredu (około 0,3%) oraz spokrewnienia (od 0,1% do 0,7%), co związane było z przeprowadzaną w badanej populacji w tym czasie holsztynizacją rasy. Niemniej stwierdzono stopniowy wzrost w czasie tak odsetka zwierząt zimbredowanych, jak i wartości średniego inbredu w badanej populacji buhajów (**B.10**).

Przeanalizowano też od strony metodycznej efektywności oszacowań spokrewnienia po wprowadzeniu do programu elementu rekursji wykorzystującego powtarzalność obliczeń współczynników spokrewnienia. Analizę przeprowadzono na łącznie 63 264 zwierzętach pochodzących z rodowodów 25 036 buhajów polskich czarno-białych i uzyskano 18-krotne przyspieszenie obliczeń programem zmodyfikowanym w stosunku do wersji podstawowej (**B.13**). Badano również wpływ głębokości rodowodu i stopnia jego wypełnienia na dokładność oszacowań spokrewnienia i inbredu u 25 056 buhajów czarno-białych. Przeanalizowano zmiany oszacowań inbredu i spokrewnienia w zbiorze bez stosowania poprawki na średni inbred dla nieznanymi przodków w porównaniu do oszacowań z zastosowaniem takiej poprawki w drugim pokoleniu oraz również w zależności od liczby pokoleń wziętych do szacowania wymienionych parametrów. Stwierdzono, iż przy dużych brakach w informacji rodowodowej zastosowanie poprawek na inbred nieznanymi przodków nie ma większego znaczenia dla dokładności oszacowania współczynników inbredu i pokrewieństwa. Natomiast duże znaczenie ma w tym przypadku liczba pokoleń branych pod

uwagę w badanych rodowodach, ponieważ każde jej ograniczenie powoduje utratę ważnych informacji (**B.14**). Zajęto się również opisaniem w aspekcie historycznym i praktycznym różnej metodyki szacowania pokrewieństwa i inbrodu (**B.15**).

Kolejnym gatunkiem, u którego prowadzono analizę poziomu spokrewnienia i inbrodu był pies. Badano spokrewnienie i zimbredowanie w populacji gończego polskiego liczącej 661 osobników urodzonych w latach 1988-2000. Oszacowane średnie współczynniki inbrodu (około 3,5%) oraz spokrewnienia (około 9%) nie dawały podstaw do stwierdzenia związku poziomu zimbredowania z obniżeniem żywotności osobników w badanej populacji (**B.9**). Szacowano również poziom inbrodu i spokrewnienie w populacji owczarków podhalańskich z krakowskich hodowli. Wartość oszacowanego średniego inbrodu była równa około 1,4% przy odsetku zimbredowanych osobników wynoszącym ponad 23%, zaś średniego spokrewnienia – około 5,2%. Maksymalne wartości inbrodu w badanej populacji wynosiły ponad 14%, zaś spokrewnienia około 61%. Stwierdzono, że z uwagi na to, iż owczarki podhalańskie to rasa rodzima o niewielkiej liczebności, należałoby przeanalizować całość populacji pod kątem wdrożenia programu ochrony jej zasobów genetycznych (**B.16**). Badaniami dotyczącymi spokrewnienia i inbrodu objęto również populację owczarków niemieckich z krakowskich hodowli. Średni poziom inbrodu oszacowano na około 13%, zaś średnie spokrewnienie wynosiło około 4%. W prezentowanej pracy stwierdzono, że tak wysoki poziom inbrodu może wpływać negatywnie na zdrowotność zwierząt i z tego względu badana populacja wymaga wdrożenia monitorowania zmienności genetycznej (**B.19**). Przeanalizowano też poziom inbrodu i spokrewnienia w populacjach golden i labrador retrieverów z krakowskich hodowli. W obu badanych populacjach uzyskano niskie (około 1%) wartości średniego współczynnika inbrodu oraz także niskie wartości średniego spokrewnienia (3% do ponad 6%). Stwierdzono, iż ze względu na dużą popularność obu ras nie występowało zagrożenie depresją inbredową (**B.23**).

Analizę rodowodową przeprowadzono również dla koni i oszacowano spokrewnienie i inbred. Badania prowadzono u kuców szetlandzkich z krakowskich hodowli. Wartość średniego spokrewnienia wynosiła w badanej populacji ponad 24%. Analizując rodowody badanych kuców wyznaczono trzy linie żeńskie (ścieżka matka-córka) oraz jedną męską (ścieżka ojciec-syn) **(B.8)**.

Szacowanie udziałów założycieli i przodków dla dużych i małych populacji różnych gatunków zwierząt domowych w kontekście ochrony zasobów genetycznych.

Drugi z głównych obszarów badań dotyczył szacowania udziałów założycieli i przodków u różnych gatunków i ras zwierząt hodowlanych i towarzyszących, takich jak bydło i psy. (Publikacje według załącznika 3: A.2, B.4, B.11, B.17, B.18, C.8)

Przeanalizowano rodowody 25036 krajowych buhajów czarno-białych, holsztyńsko-fryzyjskich i ich mieszańców. Oszacowano efektywną liczbę założycieli, która wynosiła dla wszystkich zwierząt 1460, zaś dla 11447 buhajów ocenionych tylko 370, a dla 1347 buhajów aktywnych była równa 420. Łączne udziały dziesięciu najważniejszych założycieli wahały się od 8% do 18% w zależności od badanej grupy buhajów. Stwierdzono, że badane buhaje wykazywały zadowalającą zmienność puli genetycznej **(B.4)**. Oceniano udział genów bydła odmiany holsztyńsko-fryzyjskiej w populacji krajowych buhajów czarno-białych. Stwierdzono od 1971 roku sukcesywny wzrost udziału genów bydła holsztyńsko-fryzyjskiego do prawie 88% w latach 1996-2000, przy czym większość buhajów mieszańców z dużym udziałem holsztyńsko-fryzyjskim była użytkowana w inseminacji **(C.8)**.

Opisano w pracy przeglądowej metody analizy struktury genetycznej populacji, a w szczególności szacowanie udziałów założycieli i przodków. Przeanalizowano sposób ich szacowania i znaczenie w przypadku dużych i małych liczebnie populacji oraz możliwości przewidywania i oceny na podstawie ich wartości prawidłowości prowadzenia pracy hodowlanej. Stwierdzono, że im wyższa będzie wartość spokrewnienia i inbredu tym niższe

wartości będą przyjmować efektywna liczba założycieli i przodków, choć dokładność szacowania wszystkich tych parametrów będzie zależna od jakości posiadanej informacji rodowodowej (**B.11**).

Badaniami objęto też różne rasy psów. I tak badano populacje golden i labrador retrieverów z krakowskich hodowli. Stwierdzono, stosunkowo wysokie wartości efektywnej liczby założycieli (52 dla goldenów i 96 dla labradorów) oraz efektywne liczby przodków (odpowiednio 33 i 43), ze względu na stały dopływ genów poprzez import zwierząt (**A.2**). Oszacowano też udziały założycieli i przodków w populacji owczarków podhalańskich z krakowskich hodowli. Efektywna liczba założycieli wynosiła w tej populacji 28, zaś efektywna liczba przodków była równa 16. Najwyższe udziały założycieli (3 osobniki) były równe około 7,4%, zaś najwyższy udział przodka wynosił około 15%. Udziały 31 głównych założycieli wyjaśniały około 90% zmienności puli genetycznej badanej populacji. Zaś około 95% zmienności puli genetycznej obejmowały udziały 22 głównych przodków (**B.17**). Badano też udziały założycieli i przodków w populacji owczarków niemieckich hodowanych w Krakowie. Stwierdzono, że badana populacja wykazywała dużą różnorodność genetyczną, ponieważ uzyskano wysokie wartości efektywnej liczby założycieli i przodków (**B.18**).

Szacowanie spokrewnienia, inbrodu oraz efektywnej liczby założycieli i przodków łącznie.

Powstało też kilka prac łączących zagadnienia szacowania spokrewnienia i inbrodu oraz efektywnej liczby założycieli i przodków w różnych populacjach psów i koni.

(Publikacje według załącznika 3: A.1, A.3, A.4, B.20, B.21, B.24, B.28)

Oszacowano spokrewnienie oraz poziom inbrodu, a także efektywną liczbę założycieli i przodków w populacji psów rasy beagle hodowanych w Krakowie. Uzyskano stosunkowo niskie wartości inbrodu wynoszące średnio od około 0,7% do około 5%, oraz również niskie wartości spokrewnienia (od około 1% do około 8,5%). Oszacowano też dość wysokie wartości efektywnej liczby założycieli i przodków, odpowiednio 102 i 26. Stwierdzono, iż na

podstawie przeprowadzonej analizy można wnioskować, iż populacja psów rasy beagle nie była zagrożona zawężaniem puli genetycznej oraz wzrostem poziomu inbredu. Wnioskowano również na podstawie wartości maksymalnych spokrewnienia wynoszących ponad 67%, iż w przyszłości należałoby unikać w tej rasie, w miarę możliwości, kojarzeń w bliskim pokrewieństwie (A.1). Kolejne badania dotyczyły poziomu spokrewnienia i inbredu oraz efektywnej liczby założycieli i przodków w polskiej populacji psów rasy hovawart liczącej 845 osobników oraz przeanalizowanie trendów i zmian w umaszczeniu w tej rasie. Uzyskano niskie wartości średniego zimbredowania w badanej populacji (poniżej 0,5%) oraz średniego spokrewnienia (poniżej 1%). Oszacowano również wysokie wartości efektywnej liczby założycieli (268) i przodków (233), które świadczyły o dobrym stanie struktury genetycznej populacji i braku zagrożenia zawężeniem puli genetycznej (A.3). Badaniami łączącymi szacowanie pokrewieństwa i inbredu oraz efektywnej liczby założycieli i przodków objęto również psy rasy owczarek podhalański hodowane na Podhalu. Stwierdzono stały wzrost zimbredowania zwierząt należących do populacji aktywnej (reproduktory i suki hodowlane). Oszacowano również wysokie średnie wartości pokrewieństwa w badanej populacji, wynoszące około 18%, zaś maksymalne równe od 65% do ponad 67%. Natomiast uzyskano niskie wartości efektywnej liczby założycieli (44) i przodków (11). Stwierdzono, że populacja psów badanej rasy hodowana na Podhalu jest najważniejszą częścią tej rasy, ponieważ większość owczarków podhalańskich hodowana w innych regionach Polski i na świecie pochodzi właśnie z Podhala. Należałoby więc objąć ją monitorowaniem zmienności genetycznej jako rezerwę genetyczną rasy (A.4). Przeanalizowano również strukturę genetyczną populacji owczarków podhalańskich hodowanych na terenie województwa Śląskiego. Stwierdzono średni poziom zimbredowania wynoszący około 5%, zaś spokrewnienia około 12%. Efektywna liczba założycieli w badanej populacji wynosiła 11 a przodków była równa 5. Stwierdzono niewysokie wartości spokrewnienia i inbredu oraz

zadowalającą zmienność wyrażoną udziałami genów założycieli i przodków, choć zwrócono równocześnie uwagę na wysoki odsetek zwierząt zimbredowanych (ponad 77%) oraz spokrewnionych (około 75%), które mogą budzić pewien niepokój hodowców i utrudniać dobór osobników do kojarzeń w taki sposób, by spokrewnienie był jak najniższe (**B.21**).

Przedstawiono również w pracy przeglądowej najnowsze badania dotyczące struktury genetycznej różnych gatunków i ras zwierząt wykorzystywane do ochrony zasobów genetycznych. Opisano badania dotyczące szacowania poziomu inbredu i spokrewnienia oraz efektywnej liczby założycieli i przodków u bydła, trzody chlewnej, owiec, koni, królików i psów. Zwrócono uwagę na badania dotyczące wpływu nadmiernej homozygotyczności i tym samym występowania depresji inbredowej u różnych gatunków zwierząt (bydło, owce, konie i psy). Stwierdzono w omawianej pracy, iż opisywana tematyka badań staje się coraz bardziej popularna ze względu na wzrastające zainteresowanie ochroną mało popularnych ras zwierząt hodowlanych o znaczeniu regionalnym (**B.20**).

Przeprowadzono analizę struktury genetycznej populacji koni rasy American Quarter. Wartości średniego inbredu i spokrewnienia w badanej populacji wynosiły odpowiednio około 1% i około 6%, były więc niskie. Efektywna liczba założycieli wynosiła w badanej populacji 121, zaś efektywna liczba przodków była równa 26. W podsumowaniu zwrócono uwagę na niskie wartości spokrewnienia i inbredu, pomimo wysokiego odsetka zwierząt spokrewnionych i zimbredowanych. Stwierdzono również, iż hodowcy w sposób przemysłany dobierali ogiery do klaczy, by uzyskać konie nadające się do zawodów reiningowych (**B.24**). Drugą analizowaną populacją były konie śląskie. Oszacowano spokrewnienie i zimbredowanie tej populacji oraz efektywną liczbę założycieli i przodków, otrzymując wartości średniego inbredu na poziomie 2% do 2,5%, zaś średniego spokrewnienia od około 8% do 10%. Przy czym stwierdzono w badanej populacji, iż wszystkie osobniki były ze sobą spokrewnione, a około 90% było zimbredowanych. Wartości efektywnej liczby założycieli i przodków

wynosiły odpowiednio 163 i 22. Stwierdzono, że możliwe jest użycie do rozrodu ogierów importowanych, np. w starym typie oldenburskim. Określono również, iż, z punktu widzenia zachowania rezerwy genetycznej rasy jako całości, niewłaściwym jest dzielenie jej na dwa podtypy. Sugerowano, iż ta część koni śląskich z udziałem genów koni pełnej krwi angielskiej do około 25% mogłaby zostać wykorzystana do kojarzenia z czystorasowymi przedstawicielami rasy śląskiej, a potomstwo z takich kojarzeń mogłoby powiększyć pulę osobników objętych programem ochrony zasobów genetycznych (**B.28**).

Badania wpływu poziomu inbredu osobników na wartości różnych cech u zwierząt hodowlanych i towarzyszących.

Przebadano również wpływ inbredu na cechy płodności u kilku ras psów oraz u samic królików.

(Publikacje według załącznika 3: A.6, C.1)

W omawianej pracy przeanalizowano wpływ zimbredowania u pięciu ras psów (owczarków niemieckich, golden i labrador retrieverów, rasy beagle i owczarków podhalańskich) na cechy płodności, takie jak liczebność miotu, liczba samców i samic w miocie, proporcja płci oraz różnica między liczbą samców i samic w miocie. Zastosowano modele liniowe, w których uwzględniono zimbredowanie ojca i matki lub zimbredowanie miotu, oprócz stałych czynników rasy i roku urodzenia miotu. Na podstawie przeprowadzonych analiz stwierdzono, że hodowcy starali się w miarę możliwości unikać kojarzenia zimbredowanych rodziców. Wpływ inbredu rodziców czy miotu na badane cechy okazał się nieistotny, ponieważ w większości ras zimbredowanych rodziców czy też zimbredowanych miotów nie było dużo. Niemniej stwierdzono konieczność monitorowania poziomu inbredu we wszystkich badanych rasach psów, szczególnie zaś u ras mniej popularnych i przez to mniej licznych, jak np. owczarki podhalańskie (**A.6**).

Badano wpływ kojarzeń w pokrewieństwie w małym, zamkniętym stadzie królików rasy białej nowozelandzkiej. Przeanalizowano dane dotyczące zimbredowania oraz wzrostu

uzyskane od 2433 królików z 438 miotów. Króliki podzielono na trzy grupy. Pierwsza obejmowała zwierzęta niezinbredowane, druga te, dla których wartości inbredu wynosiły do 12,5% oraz trzecia – króliki wysoko zinbredowane (ponad 12,5%). Regresja na współczynnik inbredu miotu okazała się istotna dla masy w 56 dniu życia oraz przyrostów dziennych między 56 a 70 dniem życia. Stwierdzono negatywny wpływ inbredu miotu na masę miotu przy urodzeniu oraz nieznacznie pozytywny na masę ciała w poszczególnych okresach czasu dla królików z drugiej grupy inbredu. Króliki o najwyższym stopniu inbredu (grupa trzecia) i niezinbredowane osiągały niższe masy ciała niż grupa druga (C.1).

Szacowanie parametrów genetycznych różnych cech użytkowych u zwierząt hodowlanych oraz badanie wpływu różnych czynników na cechy użytkowe i długość użytkowania zwierząt hodowlanych i towarzyszących.

Zajmowano się również szacowaniem parametrów genetycznych cech użytkowych zwierząt hodowlanych oraz badaniem wpływu różnych czynników na cechy użytkowe, reprodukcyjne i długość użytkowania zwierząt hodowlanych i towarzyszących.

(Publikacje według załącznika 3: A.5, B.6, B.7, B.12, B.22, B.25, B.26, B.27, C.2, C.3, C.5, C.6, C.7)

Badano dokładność oszacowań wartości hodowlanej krów mlecznych w zależności od liczby próbnego udojów oraz liczebności grup pólśiostr po ojcu. Dane stanowiły informacje o wydajności mleka z 2 579 829 próbnego udojów 352 592 krów pierwiastek czarno-białych. Oszacowano dokładność uzyskanych wartości hodowlanych badanych krów, która wynosiła średnio około 48% ($\pm 3,13\%$) z wahaniami od 26% do 64%. Stwierdzono, że średnia dokładność oszacowania wartości hodowlanej stopniowo rosła, od około 41% przy jednym pobranym próbnym udoju do około 48% przy 5-6 próbnego udojach. Przy większej liczbie pobranych próbnego udojów (od 7 do 11) zwiększanie dokładności oszacowania wartości hodowlanej było bardzo powolne, a w zakresie od 9 do 11 udoju wartość ta się ustabilizowała na poziomie 48,7%. Zaobserwowano również, że im większa była grupa pólśiostr danej

krowy, tym bardziej zwiększała się dokładność oszacowania jej wartości hodowlanej, od około 41% dla grupy do 10 pólśióstr do ponad 49% dla grupy liczącej ponad 1000 pólśióstr. Wnioskowano więc, iż krowy z małą liczbą pólśióstr powinny mieć więcej pobranych próbných udojów. Niemniej na podstawie analizy stwierdzono również, iż pobranie większej liczby próbných udojów niż 7-8 nie wpływa na dokładność oceny wartości hodowlanej krowy **(B.6)**. Badano również wpływ różnych czynników genetycznych i pozagenetycznych na śmiertelność cieląt. Dane stanowiły informacje z dokumentacji porodów 1800 krów polskich czarno-białych oraz mieszańców z udziałem odmiany holsztyńsko-fryzyjskiej. Przebadano siedem ferm (w tym jedną państwową). Na podstawie przeprowadzonej analizy stwierdzono, że najczęstszą przyczyną upadków cieląt we wszystkich gospodarstwach była biegunka, a następnie choroby układu oddechowego oraz pokarmowego. U najmłodszych cieląt na wystąpienie powyższych schorzeń miał również wpływ system utrzymania w gospodarstwie i poziom obsługi **(B.25)**.

Badano cechy pokroju i umaszczenie u kuców szetlandzkich z krakowskich hodowli. Badanymi cechami były wysokość w kłębie, obwód klatki piersiowej, skośna długość tułowia oraz obwód nadpęcia przedniego. W oparciu o wartości pomiarów dla różnych grup wiekowych kuców oraz oszacowane na ich podstawie indeksy pokrojowe stwierdzono, że większość kuców mierzyła około 100 cm w kłębie (około 77% ogierów i około 72% klaczy). Pozostałe pomiary i indeksy zmieniały się z wiekiem koni, przy czym stwierdzono, że kuce charakteryzowały się powolnym wzrostem i rozwojem. Analiza umaszczenia wykazała, iż badana grupa kuców wykazywała w dużym stopniu różne warianty srokatości, z przewagą karo-srokatego. Następną w kolejności dość popularną maścią wśród krakowskich kuców szetlandzkich była maść kara, zaś maść kasztanowata i siwa występowały sporadycznie **(B.7)**. Analizie poddano również występowanie koni pochodzenia iberyjskiego w Polsce, ich liczbę, strukturę rasową, stan hodowli i użytkowanie. Stwierdzono występowanie około 70 koni rasy

andaluzyjskiej. Konie te pochodzące w większości z importu, były wykorzystywane wierzchowo (teatr konny, pokazy), rekreacyjnie a czasem sportowo (ujeżdżenie, WKKW), a tylko w niewielkim stopniu były to konie hodowlane. Podobnie z około 35 koni rasy luzytańskiej tylko niewielka część (kilka osobników) były to konie hodowlane. Większość koni tej rasy była sprowadzona jako konie użytkowe (przeważnie wierzchowe rekreacyjne lub sportowe). Występowało również 12 osobników będących mieszańcami obu wspomnianych ras oraz 11 koni w tzw. typie iberyjskim, będących mieszańcami po ogierach iberyjskich i klaczach innych ras. W podsumowaniu stwierdzono rosnącą popularność koni iberyjskich w Polsce (**B.26**).

Analizowano wydajność rzeźną i jakość mięsa królików w zależności od ich genotypu. Badaniami objęto króliki czystorasowe należące do ras: białej nowozelandzkiej i czarnej podpalanej oraz mieszańce pochodzące z krzyżowania wstecznego samic czystorasowych każdej z ras z samcami pochodzącymi z krzyżowania obukierunkowego wspomnianych wcześniej ras. Stwierdzono, iż lepsze wyniki dotyczące wydajności rzeźnej uzyskały króliki mieszańce z większym udziałem genów rasy białej nowozelandzkiej. Parametry jakości mięsa nie uległy pogorszeniu u mieszańców. Zawartość białka w mięsie u mieszańców była o około 1% wyższa niż u ras czystych (**C.2**). W kolejnych badaniach zajęto się zagadnieniem dotyczącym ewentualnych różnic w efektywności odchowu młodych u królic czystorasowych i mieszańców. Badanymi rasami były: biała nowozelandzka i czarna podpalana. Pozostałe grupy samic były mieszańcami pochodzącymi z krzyżowania obukierunkowego wspomnianych ras (dwie grupy) oraz pochodzącymi z krzyżowania wstecznego samic mieszańców obukierunkowych z samcami czystorasowymi lub samic czystorasowych z samcami mieszańcami obukierunkowymi (osiem grup). Badanymi cechami była liczba młodych w miocie przy urodzeniu oraz w 7., 12., 14., 21., 28., 35. i 42. dniu życia oraz oszacowana efektywność odchowu. Stwierdzono, iż w momencie urodzenia wpływ genotypu

królika był nieistotny, natomiast dopiero w późniejszym okresie zaznaczyły się niewielkie różnice. Zaobserwowano również liczniejsze mioty i lepsze wyniki odchowu, gdy u młodych przeważał udział genów rasy białej nowozelandzkiej (około 75%). Efektywność odchowu młodych we wszystkich grupach była stosunkowo wysoka (ponad 80%), natomiast po 42. dniu odchowu (odsadzenie) przeważały liczbowo samiczki, zatem zwiększyła się w tym czasie śmiertelność samców (C.3). Zbadano również długość użytkowania królic w stadzie reprodukcyjnym. Analizą objęto dwa stada reprodukcyjne utrzymujące odpowiednio króliki ras białej nowozelandzkiej i kalifornijskiej. Badanymi cechami były: wiek królicy przy pierwszym i kolejnych kryciach, wiek matki przy pierwszym i kolejnych wykotach, długość ciąży, liczebność miotu przy urodzeniu i odsadzeniu (dla wszystkich miotów), śmiertelność w każdym miocie, wiek młodych królików przy odsadzeniu oraz wydajność życiowa królicy wyrażona łączną liczbą młodych urodzonych, odchowanych i padłych. Stwierdzono, że królice białe nowozelandzkie były kryte po raz pierwszy o około miesiąc wcześniej niż kalifornijskie, natomiast miały nieco niższą wydajność życiową (8 miotów) niż kalifornijskie (10 miotów). Długość użytkowania samic wynosiła około 13 miesięcy, zaś efektywność odchowu młodych około 90% (C.5). Zajmowano się też szacowaniem parametrów genetycznych dla cech jakości mięsa królików. Cechy jakości mięsa królików wykazywały wystarczającą zmienność. Odziedziczalności dla pomiarów pH mięsa wahały się od 0,31 do 0,55, zaś korelacja między zawartością wody i tłuszczu w mięsie była wysoka i ujemna. Korelacja między soczystością mięsa a jego kruchością była wysoka (C.7).

Analizowano sezonowe zmiany w wydajności reprodukcyjnej 346 samic szynszyli, które urodziły łącznie 1876 miotów. Badanymi cechami były wiek samicy przy pierwszym kryciu, długość użytkowania samicy, liczebność kolejnych miotów oraz długość okresów międzyporodowych. Stwierdzono średnią liczebność miotu od 2,5 do 1,62 osobnika (w miocie 8 do 10), zaś największą liczebność miotu (ponad 2 osobniki) osiągały samice w

miotach od 2 do 4. Wydajność życiowa samic szynszyli wynosiła od 4 do 32 osobników, zależnie od długości użytkowania, zaś około 60% okresów międzyporodowych było krótszych niż 100 dni. Przy czym stwierdzono, że największa liczba miotów rodziła się od marca do września (C.6).

Badano dopasowanie funkcji opisujących krzywą nieśności oraz masę jaj u kur niosek odmian broilerowych w celu wcześniejszego przewidywania parametrów nieśności. Analizowano cztery funkcje: funkcję Gamma, funkcję Narushin-Takma, logistyczną krzywoliniową oraz funkcję przedziałową. Uzyskane średnie tempo nieśności w ciągu 44 tygodni wynosiło u badanych niosek około 71%, nieśność w szczycie osiągała ponad 90%, zaś średnia masa jaja – ponad 62 g. Ogólna liczba jaj na nioskę wynosiła średnio 211 sztuk. Badane nioski podzielono w zależności od poziomu nieśności na grupę o wysokiej, średniej i niskiej produkcji jaj. Dobroć dopasowania funkcji logistycznej krzywoliniowej do analizowanych danych była najlepsza, natomiast najgorzej dopasowana była funkcja przedziałowa. Dodatkowo analiza kształtu badanych krzywych wykazała, iż krzywa Narushin-Takma była najmniej elastyczna, ponieważ wystąpiły na niej nieoczekiwane ekstrema dla poziomu nieśności. Jeżeli rozpatrywano dobroć dopasowania krzywych we wcześniej wspomnianych grupach poziomu nieśności, otrzymano podobne wyniki. Stwierdzono, iż funkcja logistyczna krzywoliniowa najlepiej przewidywała zarówno nieśność niosek broilerowych jak i masę jaja w okresie produkcyjnym. Dodatkowo jest ona stosunkowo łatwa ze względów obliczeniowych (mała liczba parametrów) i może być używana do przewidywania potencjału reprodukcyjnego kur niosek broilerowych w warunkach hodowlanych (A.5).

W artykule przeglądowym opisano geny letalne i semiletalne oraz jednostki chorobowe, warunkowane przez te geny u zwierząt hodowlanych i człowieka. Opisano sposób dziedziczenia wad monogenowych autosomalnych i sprzężonych z płcią, dominujących i

recesywnych oraz zależne od tego sposoby diagnozy nosicielstwa tych genów. Opisano choroby charakterystyczne dla jednego gatunku, np. sprzężony z płcią pasmowaty brak owłosienia u bydła czy zespół deformacji kręgow (CVM), wadę autosomalną występującą również u bydła. Scharakteryzowane zostały też wady genetyczne wspólne dla większej liczby gatunków zwierząt domowych, a nawet także dla człowieka, jak przykładowo hemofilia A u ludzi, koni i psów, czy wrodzony niedobór leukocytarnych cząsteczek adhezyjnych (syndrom LAD) podobny u bydła, psów i ludzi. W podsumowaniu stwierdzono, iż opisane wady mutacyjne dotyczą często funkcjonowania całego organizmu (działanie plejotropowe), tak zwierzęcia jak i człowieka. W tym kontekście medycyna weterynaryjna i ludzka w wielu przypadkach powinny zjednoczyć swoje siły i podjąć próbę ujednoczenia metod diagnostycznych wad genetycznych (**B.12**).

Badano też różne aspekty związane z hodowlą i użytkowaniem psów. I tak przeanalizowano długość użytkowania i przyczyny wycofywania ze służby psów policyjnych. Analizie poddano wiek przyjęcia psa do służby i jego brakowania, oszacowano długość użytkowania psów oraz opisano częstość różnych przyczyn ich brakowania. Stwierdzono, że do służby przyjmowano młode psy (1-2 letnie), a ponad 50% psów użytkowano najdłużej do 10 lat, przy czym najwięcej psów służbowych miało około 7-8 lat. Wiek brakowania ich ze służby wynosił średnio 8 lat i większość psów zdrowych po zakończeniu służby była przekazywana przewodnikom. Natomiast 45% psów padło z przyczyn naturalnych lub zostało uśpionych z przyczyn zdrowotnych, opisywanych jako ogólnie zły stan zdrowia, choroby układu krążenia, układu pokarmowego i nowotworowe. Stwierdzono również, że przy rekrutacji psa do określonego rodzaju służby należałoby brać pod uwagę podatność genetyczną danego osobnika na warunki stresowe (**B.22**). Przeanalizowano również użytkowanie i hodowlę psów ras pasterskich na Podkarpaciu. Badania te podjęto z uwagi na fakt, iż na terenie Podkarpacia, m.in. w Bieszczadach, występuje dość dużo gospodarstw

zajmujących się hodowlą owiec, bydła i koni. Ogólnie wiadomo, iż psy pasterskie pracujące przy ochronie i wypasie stad stanowią dużą pomoc dla pasterzy i ochronę przed atakami wilków. Do ras psów pasterskich należą między innymi badane w prezentowanej pracy owczarki podhalańskie, berneńskie psy pasterskie czy psy rasy border collie. Przebadano 16 gospodarstw zajmujących się wypasem oraz 8 hodowli psów ras pasterskich. Stwierdzono, iż najczęściej wykorzystywano przy wypasie owczarki podhalańskie oraz psy mieszańce, przyuczane do pracy przez właścicieli. Z badanych hodowli najwięcej było hodowli berneńskich psów pasterskich, potem owczarków podhalańskich, a na Podkarpaciu występowała tylko jedna hodowla rasy border collie. Niestety w żadnej z badanych hodowli nie prowadzono szkolenia psów do pracy ze stadem a dodatkowo znajdowały się one raczej w pobliżu większych miast. Stwierdzono, że z badanych ras psów tylko border collie podlega obowiązkowym próbom pracy, więc większość hodowców nie jest zainteresowana szkoleniem swoich zwierząt. Użytkownicy psów pasterskich preferowali zaś zwierzęta tańsze, z własnej lub zaprzyjaźnionej hodowli. Zasugerowano zatem, iż należałoby dokonać zmian we wzorcach pozostałych dwóch ras pasterskich stróżujących, wpisując do nich obowiązek wykonywania prób pracy, co byłoby wyjściem naprzeciw potrzebom gospodarstw zajmujących się wypasem (B.27).

Prace powstałe w wyniku współpracy z innymi zespołami.

W ramach współpracy z Zakładem Szczegółowej Uprawy Roślin Akademii Rolniczej w Krakowie oraz Zakładem Żywienia Zwierząt Instytutu Zootechniki w Balicach uczestniczyłam w badaniach mających na celu określenie wpływu miejsca wytworzenia nasion na pędzie jako czynnika różnicującego masę i skład chemiczny nasion odmian bobiku (B.1).

We współpracy z Katedrą Anatomii Akademii Medycznej w Lublinie uczestniczyłam w badaniach dotyczących wybranych parametrów przewodu pokarmowego królików z różnych

grup wiekowych (wiek uboju 70. i 140 dni). Na podstawie analizy wyników oszacowano korelacje fenotypowe między wymiarami poszczególnych odcinków przewodu pokarmowego królików. Stwierdzono, iż ekstensywny wzrost i rozwój przewodu pokarmowego następuje również w czasie późniejszego wzrostu zwierząt (C.4).

Przedstawione wyniki badań, były również prezentowane na licznych konferencjach krajowych i międzynarodowych.

6. Podsumowanie dorobku naukowego

- sumaryczny Impact Factor (IF) za publikacje naukowe wg bazy Journal Citation Reports (JCR) zgodny z rokiem ukazania się pracy – **4,071**
- ogólna liczba punktów za publikacje naukowe wg wykazu czasopism naukowych MNiSW, zgodnie z rokiem ukazania się pracy – **328**
- indeks Hirscha wg bazy **Web of Science** (All databases) Cited Reference Search – **2**; Basic – **2**; wg bazy **Scopus** – **2**
- liczba cytowań: wg bazy **Web of Science** (All databases) Cited Reference Search – **10** (bez autocytowań – **6**); Basic – **7 (3)**; wg bazy **Scopus** – **24 (8)**

Zestawienie publikacji naukowych przed i po uzyskaniu stopnia doktora

Rodzaj publikacji	Przed doktorem			Po doktoracie			Ogółem		
	N	IF	P	N	IF	P	N	IF	P
Publikacje w czasopismach z listy A MNiSW	–	–	–	6	4,071	120	6	4,071	120
Publikacje w czasopismach z listy B MNiSW	3	–	8	16	–	103	28	–	111
Publikacje w suplementach i recenzowanych materiałach konferencyjnych	7	–	0	1	–	2	8	–	2
Monografie	–	–	–	1	–	80	1	–	80
Rozdziały w monografiach	–	–	–	–	–	–	–	–	–
Prace przeglądowe i popularnonaukowe	–	–	–	5	–	15	5	–	15
Doniesienia na konferencje i zjazdy	4	–	–	39	–	–	43	–	–
Łącznie bez suplementów	14	–	8	67	4,071	318	81	4,071	326
Łącznie	14	–	8	68	4,071	320	82	4,071	328

N – liczba publikacji;

IF – suma Impact Factor wg bazy Journal Citation Reports (JCR) zgodnie z rokiem opublikowania;

P – suma punktów wg wykazu czasopism punktowanych MNiSW zgodnie z rokiem opublikowania.

Szczegółowy wykaz opublikowanych przeze mnie prac naukowych wraz z informacją o osiągnięciach dydaktycznych, współpracy naukowej i popularyzacji nauki stanowi odrębny załącznik do Wniosku o wszczęcie postępowania habilitacyjnego.

Piśmiennictwo:

Abou Khadiga G., Youssef Y.M.K., Baselga M. 2012. Characterization of reproductive performance of the APRI line of rabbits. Proc. of 10th World Rabbit Congress, September 3-6, 2012, Sharm-El-Sheikh, Egypt, 743-747.

Barabasz B., Bieniek J. 2005. Granice intensyfikacji użytkowania rozplodowego szynszyli. Przegl. Hod., 5, 31-33.

Barabasz B., Fortuńska D., Bieniek J. 2000. Ocena intensywności użytkowania rozplodowego samic szynszyli. Zeszyty Naukowe Akademii Rolniczej w Krakowie, Hodowla i Biologia Zwierząt 35, 121-131.

Bieniek J., Brach R., Gierdziewicz M. 2003b. Nutzungsdauer und Reproduktionsleistung zweier Chinchilla-Farbschläge in einer Zuchtherde. I. Teil Standard-Chinchillas. 13. Arbeitstagung über Haltung und Krankheiten der Kaninchen, Pelztiere und Heimtiere, 14-15. Mai 2003, Deutsche Veterinärmedizinische Gesellschaft e.V., 221-230.

Bieniek J., Gierdziewicz M., Brach R. 2003a. Wpływ sezonu wykotu na częstotliwość i wielkość miotów szynszyli odmiany standard. Zesz. Nauk. Przegl. Hod. (obecnie: Rocz. Nauk. PTZ), 68(6):95-100.

Bieniek J., Kania J., Jagusiak W. 1995. Einfluß der Verwandtschaftspaarung auf die Fruchtbarkeit und Aufzuchtergebnisse der WN-Kaninchen. 9. Arbeitstagung über Haltung und Krankheiten der Kaninchen, Pelztiere und Heimtiere, Celle (Niemcy), 10-11. Mai 1995, Deutsche Veterinärmedizinische Gesellschaft e.V., 65-74.

Blasco A., Martínez-Álvaro M., Garcia M.-L., Ibáñez-Escriche N., Argente M.-J. 2017. Selection for environmental variance of litter size in rabbits. Genet. Sel. Evol., 49, 48-55.

Brzozowski M., Nyrek-Koczkodaj A. 2007. Chinchillas reproduction results in relation to the age of the first mating time. Ann. Warsaw Univ. Life Sci. – SGGW, Anim. Sci., 44, 3-7.

Busso J.M., Ponzio M.F., Fiol do Cuneo M., Ruiz R.D. 2012. Reproduction in chinchilla (*Chinchilla lanigera*): current status of environmental control of gonadal activity and advances in reproductive techniques. Theriogenology, 78, 1-11.

Cortés A., Miranda E., Jiménez J.E. 2002. Seasonal food habits of the endangered long-tailed chinchilla (*Chinchilla lanigera*) : the effect of precipitation. Mamm. Biol., 67, 167-175.

Călămar C.D., Bura M., Bănăţean-Dunea I., Goina D., Călămar A. 2008. The comparative study of reproduction parameters for *Chinchilla laniger*. Lucrări științifice Zootehnie și Biotehnologii, 41(2), 537-540.

Demontis D., Larsen P.F., Brækgaard H., Sønderup M., Hansen B.K., Nielsen V.H., Loeschcke V., Zalewski A., Zalewska H., Pertoldi C. 2011. Inbreeding affects fecundity of American mink (*Neovison vison*) in Danish farm mink. Anim. Genet., 42, 437-439.

- Dzierżanowska-Góryń D., Góral K., Głogowski R.** 2011. The analysis of chinchilla females reproduction (*Chinchilla laniger* M.), on the example of Polish breeding farm. Ann. Warsaw Univ. Life Sci. – SGGW, Anim. Sci., 49, 21-26.
- Farghaly H.M.** 2000. Effects of inbreeding on doe's performance traits in closed commercial rabbit populations in Egypt. Proc. of 7th World Rabbit Congress, July 4-7, 2000, Valencia, Spain, 8(1A), 375-379.
- Felska-Błaszczuk L.** 2005. Wpływ różnego natężenia światła na długość okresu międzyporodowego, liczbę miotów w ciągu roku oraz roczną plenność szynszyli (*Chinchilla Lanigera*). Acta Sci. Pol., Zootechnica, 4(2), 43-50.
- Felska L., Brzozowski M.** 2004. Litter size, weaning success, and nursing mortality in chinchillas (*Chinchilla lanigera*) in relation to cage illumination. Scientifur, 28(3), 234-237. Proc. from VIII International Scientific Congress in Fur Animal Production – 's-Hertogenbosch, The Netherlands, 15-18 September 2004.
- Felska-Błaszczuk L., Kaczmarek J.** 2006. Wpływ wieku i pochodzenia na niektóre wskaźniki użytkowości rozrodczej szynszyli (*Chinchilla laniger* M.). Acta Sci. Pol., Zootechnica, 5(2), 27-38.
- Felska-Błaszczuk L., Błaszczuk P.** 2007. Sezonowość w rozrodzie szynszyli fermowych (*Chinchilla laniger* M.) pochodzących z Polski i Danii. Folia Univ. Agric. Stetin., Agric., Alim., Pisc., Zoot., 259(4), 59-66.
- Felska-Błaszczuk L., Sulik M., Semik A., Seremak B.** 2008. Polish vs. Danish chinchillas (*Chinchilla laniger* M.). An analysis of body conformation and reproduction performance in two populations. Scientifur, 32(4), 42-46. Proc. from IX International Scientific Congress in Fur Animal Production — Halifax, Nova Scotia, Canada, August 19-23, 2008.
- Galeano M.G., Cantarelli V.I., Ruiz R.D., Fiol de Cuneo M., Ponzio M.F.** 2014. Reproductive performance and weaning success in fur-chewing chinchillas (*Chinchilla lanigera*). Reprod. Biol., 14, 213-217.
- Gromadzka-Ostrowska J.** 1998. Studia nad fizjologią szynszyli ze szczególnym uwzględnieniem rozrodu i odporności. Zesz. Nauk. AR w Krakowie, Rozprawy, Zeszyt nr 238.
- Gyovai P., Nagy I., Radnai I., Bíróné Németh E., Szendrő Z.** 2009. Heritability and genetic trends of number of kits born alive in a synthetic Maternal Rabbit Line. Ital. J. Anim. Sci., 8 (Suppl.3), 110-112.
- Jeżewska G., Rozempolska-Rucińska I., Zięba G., Nowak N.** 2003. Genetyczne uwarunkowania wybranych cech rozrodu szynszyli. Zesz. Nauk. PTZ, Przegl. Hod., 68(6), 35-41.
- Jiménez J.E.** 1995. Conservation of the last wild chinchilla (*Chinchilla lanigera*) archipelago: a metapopulation approach. Vida Silv. Neotrop., 4(2), 89-97.
- Jiménez J.E.** 1996. The extirpation and current status of wild chinchillas *Chinchilla lanigera* and *C. brevicaudata*. Biol. Conserv., 77, 1-6.

- Johannessen K.-R., Børsting E., Kristiansen H.** 2004. Inbreeding in a commercial fur animal breeding program. *Scientifur* 28(3), 201-205. Proc. from VIII International Scientific Congress in Fur Animal Production – 's-Hertogenbosch, The Netherlands, 15-18 September 2004.
- Karimi K., Sargolzaei M., Plastow G.S., Wang Z., Miar Y.** 2018. Genetic and phenotypic parameters for litter size, survival rate, gestation length, and litter weight traits in American mink. *J. Anim. Sci.*, 96, 2596-2606.
- Kempe R., Strandén I.** 2016. New breeding value evaluation of litter size in Finnish blue fox. *Scientifur*, 40(3/4), 153-157. Proc. from XIth International Scientific Congress in Fur Animal Production – Helsinki, Finland, August 23-26, 2016.
- Martín de la Rosa A.J., Cervantes I., Gutiérrez J.P.** 2016. Equivalent effective population size mating as a useful tool in the genetic management of the Ibicenco rabbit breed (Conill Pages d'Eivissa). *Czech J. Anim. Sci.*, 61(3), 108-116.
- Moura A.S.A.M.T., Polastre R., Wechsler F.S.** 2000. Dam and litter inbreeding and environmental effects on litter performance in Botucatu rabbits. *World Rabbit Sci.*, 8(4), 151-157.
- Nagy I., Curik I., Radnai I., Cervantes I., Gyovai P., Baumung R., Farkas J., Szendro Z.** 2010. Genetic diversity and population structure of the synthetic Pannon White rabbit revealed by pedigree analysis. *J. Anim. Sci.*, 88, 1267-1275.
- Nagy I., Farkas J., Onika-Szvath S., Radnai I., Szendrő Zs.** 2011. Genetic parameters and inbreeding depression of litter weight in Pannon White rabbits. *Agric. Cons. Sci.*, 76(3), 231-233.
- Nagy I., Gyovai P., Radnai I., Kiszlinger H., Farkas J., Szendrő Zs.** 2013a. Genetic parameters, genetic trends and inbreeding depression of growth and carcass traits of Pannon terminal line rabbits. *Arch. Tierz.*, 56(18), 191-199.
- Nagy I., Gorjanc G., Curik I., Farkas J., Kiszlinger H., Szendrő Zs.** 2013b. The contribution of dominance and inbreeding depression in estimating variance components for litter size in Pannon White rabbits. *J. Anim. Breed. Genet.*, 130, 303-311.
- Nguyen N.T., Farkas J., Szendrő Zs., Nagy I.** 2017. Genetic evaluation of litter traits in Pannon Large rabbits. *Anim. Sci. Pap. Rep.*, 35(2), 181-192.
- Ragab M., Sánchez J.P., Baselga M.** 2015. Effective population size and inbreeding depression on litter size in rabbits. A case study. *J. Anim. Breed. Genet.*, 132, 68-73.
- Rastogi R.K., Lukefahr S.D., Lauckner F.B.** 2000. Maternal heritability and repeatability for litter traits in rabbits in a humid tropical environment. *Livest. Prod. Sci.*, 67, 123-128.
- Rozempolska-Rucińska I., Jeżewska G., Zięba G.** 2006. Genetic improvement of reproductive traits in chinchillas. *Ann. Anim. Sci.*, 6(2), 195-204.
- Sakthivel M., Balasubramanyam D., Kumarasamy P., Raja A., Anilkumar R., Gopi H., Devaki A.** 2018. Genetic structure of a small closed population of the New Zealand White rabbit through pedigree analyses. *World Rabbit Sci.*, 28, 101-112.

- Sánchez J.P., Baselga M., Ducrocq V.** 2006. Genetic and environmental correlations between longevity and litter size in rabbits. *J. Anim. Breed. Genet.*, 123, 180-185.
- Seremak B.** 2007. Wybrane aspekty rozrodu szynszyli (*Chinchilla laniger* M.) w chowie fermowym. Praca habilitacyjna. Wydawnictwo Naukowe Akademii Rolniczej w Szczecinie, Seria Rozprawy nr 240.
- Seremak B., Sulik M.** 2004. Comparison of reproduction management intensity of three genetic lines of female chinchillas (*Chinchilla lanigera* M.). *Scientifur*, 28(3), 254-258. (Proc. from VIII International Scientific Congress in Fur Animal Production – 's-Hertogenbosch, The Netherlands, 15-18 September 2004.
- Socha S., Jeżewska G., Gontarz A.** 2001. Quantitative characterisation of chinchillas (*Chinchilla velligera*) litters. 12. Arbeitstagung über Haltung und Krankheiten der Kaninchen, Pelztiere und Heimtiere, Celle (Niemcy), 9-10. Mai 2001, Deutsche Veterinärmedizinische Gesellschaft e.V., 231-235.
- Socha S., Wójcik D., Konopka E.** 2009. The analysis of the factors that influence the fertility in three colour types of chinchilla. *Lucrări științifice Zootehnie și Biotehnologii*, 42(2), 375-378.
- Socha S., Wójcik D., Kołodziejczyk D., Gontarz A.** 2010. Analysis of conformation characters in chinchillas of standard and polish beige strains in the breeding farm 'Raba' in Myślenice. *Sci. Pap.: Anim. Sci. Biotech.*, 43(2), 272-275.
- Spotorno A.E., Zuleta C.A., Valladares J.P., Deane J.L., Jiménez J.E.** 2004. *Chinchilla laniger*. *Mammalian Species* 758, 1-9.
- Stranden I., Peura J.** 2007. Inbreeding and relationships coefficients in the Finnish blue fox population. *Agric. Food Sci.*, 16, 147-156.
- Sulik M., Seremak B., Bielińska A., Mieleńczuk G.** 2001. Intensywność użytkowania rozplodowego samic szynszyli w wybranej fermie na Pomorzu Zachodnim. *Zesz. Nauk. PTZ, Przegl. Hod.*, 58, 73-78.
- Szeleszczuk O., Kowalczyk A., Satoła A.** 2017. Seasonality in the reproductive activity of male chinchillas on a breeding farm in the climatic conditions of southern Poland. *Sci. Ann. Pol. Soc. Anim. Prod.*, 13(4), 17-27.
- Ślaska B., Jeżewska G.** 2007. Identyfikacja sekwencji mikrosatelitarnych w genomie szynszyli (*Chinchilla lanigera*, Molina 1782). *Roczn. Nauk. PTZ*, 3(4), 95-100.
- Ślaska B., Jeżewska-Witkowska G.** 2008. Wykorzystanie testów behawioralnych do oceny dobrostanu reprodukcyjnego szynszyli (*Chinchilla lanigera*, Molina 1782). *Roczn. Nauk. PTZ*, 4(3), 323-335.
- Ślaska B., Surdyka M., Jarczak J., Kowalska D., Nisztuk S.** 2012. Aplikacyjne wykorzystanie wyników zmienności cech rozrodu w hodowli szynszyli. *Roczn. Nauk. Zoot.*, 39(2), 249-258.

Święcicka N., Bernacka H., Zawiślak J., Peter E. 2018. The effect of female age and subsequent number of litter on the number of standard chinchilla kits (*Chinchilla lanigera*) born and reared. JCEA, 19(1), 38-48.

Thirstrup J.P., Nielsen V.H., Larsen P.F., Pertoldi C. 2012. Inbreeding and heterosis in a six generation mink population. Scientifur, 37(2), 30. Annual Report 2012, 43-49. Kopenhagen Research, Denmark.

Thirstrup J.P., Larsen P.F., Pertoldi C., Jensen J. 2014. Heterosis and genetic variation in the litter size of purebred and crossbred mink. J. Anim. Sci., 92, 5406-5416.

Wierzbicki H., Filistowicz A., Jagusiak W. 2004. Breeding value evaluation in Polish fur Animals: Statistical description of fur coat and reproduction traits – relationship and inbreeding. Czech J. Anim. Sci., 49(1), 16-27.

Wierzbicki H., Jagusiak W. 2006. Breeding value evaluation in Polish fur animals: Estimates of (co)variances due to direct and litter effects for fur coat and reproduction traits. Czech J. Anim. Sci., 51(1), 39-46.

Wolf P., Schröder A., Wenger A., Kamphues J. 2001. Zur Ernährung des Chinchilla in der Heimtierhaltung – Daten, Einflussfaktoren und Abhängigkeiten. 12. Arbeitstagung über Haltung und Krankheiten der Kaninchen, Pelztiere und Heimtiere, Celle (Niemcy), 9-10. Mai 2001, Deutsche Veterinärmedizinische Gesellschaft e.V., 87-93.

Joanna Kania-Gierdziewicz