

Prof. dr hab. Leszek Drozd  
Uniwersytet Przyrodniczy  
Wydział Nauk o Zwierzętach i Biogospodarki  
Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

## Recenzja

**dorobku naukowego oraz osiągnięcia naukowego dr Magdaleny Zatoń-Dobrowolskiej  
adiunkta w Katedrze Genetyki Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu**

### **1. Podstawa formalna**

Uchwała Centralnej Komisji do Spraw Stopni i Tytułów z dnia 2 września 2019 roku.  
Zlecenie opracowania recenzji – Pismo Dziekana Wydziału Biologii i Hodowli  
Zwierząt Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu.

### **2. Dane biograficzne i przebieg pracy zawodowej**

Pani dr inż. Magdalena Zatoń-Dobrowolska jest absolwentką Wydziału Zootechnicznego Akademii Rolniczej we Wrocławiu uzyskując w 1996 roku tytuł zawodowy magistra inżyniera zootechniki. W 2001 roku uzyskuje stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie zootechnika, specjalność genetyka i hodowla zwierząt broniąc rozprawę doktorską zatytułowaną „Dystans genetyczny w populacjach lisa polarnego (*Alopex lagopus* L.) oraz lisa pospolitego (*Vulpes vulpes* L.) na podstawie polimorfizmu białek surowicy krwi oraz sekwencji mikrosatelitarnych DNA” na Wydziale Biologii i Hodowli Zwierząt Akademii Rolniczej we Wrocławiu. W 2015 roku uzyskuje tytuł magistra MBA Uniwersytetu Ekonomicznego we Wrocławiu broniąc pracę zatytułowaną „Projekt analizy ryzyka w szkolnictwie wyższym”.

Pani dr inż. Magdalena Zatoń-Dobrowolska od 2001 do chwili obecnej jest zatrudniona na Uniwersytecie Przyrodniczym we Wrocławiu w Katedrze Genetyki na stanowisku adiunkta.

### 3. Ocena osiągnięcia naukowego stanowiącego podstawę postępowania habilitacyjnego

Do postępowania habilitacyjnego, jako szczególne osiągnięcie naukowe Habilitantka zgłosiła cykl publikacji pod wspólnym tytułem „Analiza zmienności i porównanie populacji hodowlanej i dziko żyjącej lisa pospolitego (*Vulpes vulpes* L.) w Polsce”. W skład osiągnięcia wchodzi 3 tematycznie powiązanych prac opublikowanych w latach 2016-2018:

**Zatoń-Dobrowolska, M.**, Moska, M., Mucha, A., Wierzbicki, H., Przysiecki, P., & Dobrowolski, M. 2016: Variation in fur farm and wild populations of the red fox, *Vulpes vulpes* (Carnivora: Canidae) - Part I: Morphometry. *Canadian Journal of Animal Science*, 96(4), 589-597; dx.doi.org/10.1139/cjas-2016-0026

**Zatoń-Dobrowolska, M.**, Moska, M., Mucha, A., Wierzbicki, H., & Dobrowolski, M. 2018: Variation in fur farm and wild populations of the red fox, *Vulpes vulpes* (Carnivora: Canidae) - Part II: Craniometry. *Canadian Journal of Animal Science* 98: 84-97; dx.doi.org/10.1139/CJAS-2017-0015

**Zatoń-Dobrowolska M.**, Mucha A., Morrice D., Wierzbicki H., Moska M., Dobrowolski M. 2019: Admixture analyses and phylogeographic relationships reveal complete genetic distinctiveness of Polish farm and wild red foxes (*Vulpes vulpes*) and the North American origin of farm-bred individuals. *Animal Science Journal* DOI:10.1111/asj.13223

Wszystkie prace zostały opublikowane w czasopismach z listy JCR. Sumaryczny współczynnik wpływu (IF) zgodnie z rokiem opublikowania wynosi 2,886, suma pkt MNiSW za ww. publikacje zgodnie z rokiem opublikowania wynosi 85, natomiast zgodnie z ostatnią listą - 90. Deklarowany udział Habilitantki wynosi 40%. Oświadczenia współautorów znajdują się w załączniku nr 6. Należy podkreślić, że we wszystkich tych pracach Habilitantka jest pierwszym autorem.

Na podstawie przedstawionej przez Habilitantkę oraz współautorów cyklu prac oświadczeń, można wnioskować, że we wszystkich etapach a więc przy tworzeniu koncepcji i formułowanie hipotez badawczych oraz przeprowadzaniu badań a potem interpretacji wyników analiz statystycznych udział dr inż. Magdaleny Zatoń-Dobrowolskiej był znaczący i wskazuje na jedną z głównych ról w całym procesie publikacyjnym.

Lis pospolity (*Vulpes vulpes* Linnaeus, 1758), gatunek reprezentujący rodzinę Canidae, jest jednym z najbardziej rozpowszechnionym gatunkiem na świecie. Zamieszkuje ogromne obszary na pięciu kontynentach - Europa, Azja, Ameryka Północna, Australia i północna Afryka. Ponadto żyje w bardzo zróżnicowanych siedliskach, a poprzez dużą plastyczność potrafi dostosowywać się do nowych warunków i adoptować do nowych obszarów np. obszarów miejskich. Lis rudy może być często spotykany w parkach miejskich, ogrodach i cmentarzach i można je znaleźć zarówno w arktycznej tundrze i na pustyniach.

W XIX wieku w Kanadzie rozpoczęto hodowlę zamkniętą lisa pospolitego (*Vulpes vulpes* L.), od których wcześniej pozyskiwano skóry podczas polowań. Jednak skóry te przedstawiały niekiedy niską wartość, ze względu na istotny wpływ wielu czynników, powodujących uszkodzenia skór np. choroby, użycie broni palnej podczas polowania, zła dieta w niektórych latach. Zapoczątkowanie hodowli spowodowało możliwość ujednoczenia jakości pozyskiwanych skór, a także prowadzenia selekcji w celu ich poprawy.

Sukces komercyjny pionierskich farm futrzarskich zwiększone zainteresowanie hodowlą lisów, prowadzące do utworzenie wielu farm futrzarskich na północy Ameryki i w Europie. Hodowla lisa pospolitego koncentruje się na genetycznym doskonaleniu najważniejszych ekonomicznie cech tj. jakość okrywy włosowej czy wielkość pozyskiwanych skór poprzez prowadzenie intensywnej sztucznej selekcji. Doprowadziło to do wystąpienia istotnych różnic pod względem zewnętrznych wymiarów ciała, zachowania, czy fizjologii między lisami hodowanymi a ich dzikimi przodkami. Intensywne zmiany, jakie dokonały się w ciągu ponad 100-letniej hodowli lisa pospolitego wynikają z wysokiej odziedziczalności selekcyjonowanych cech oraz zastosowaniem biotechnik (np. sztucznej inseminacji). Ponadto obecnie hodowane zwierzęta hodowlane (w tym także lis) pochodzą z stosunkowo małych populacji założycielskich poddanych dużej presji selekcyjnej.

Oprócz intensywnej selekcji mającej miejsce w hodowli, drugim, potencjalnie istotnym czynnikiem wpływającym na znaczące morfologiczne różnice między lisami hodowanymi i dziko żyjącymi może być pochodzenie populacji. Tempo zmian na poziomie morfologicznym, anatomicznym, jak i genetycznym hodowlanych lisów pospolitych jako rezultat sztucznej selekcji znacznie przekracza tempo zmian wynikające z doboru naturalnego. Dlatego celem podjętych przez Habilitantkę badań była analiza zmienności morfologicznej, anatomicznej oraz genetycznej w obrębie dwóch populacji lisa pospolitego w Polsce - hodowlanej i dziko żyjącej. W dalszej kolejności na podstawie uzyskanych wyników w trzech poszczególnych aspektach porównanie obu populacji i próba określenia stopnia ich podobieństwa. Aby precyzyjnie określić wpływ bardzo intensywnej oraz stosunkowo krótko

trwającej sztucznej selekcji na ważne cechy lisa pospolitego przeprowadzono analizę porównawczą cech morfologicznych i anatomicznych lisów hodowlanych i ich dzikich krewnych. A następnie podjęto próbę wyjaśnienia, w jakim stopniu fenotypowe różnice między dwiema porównywanymi grupami lisów są zdeterminowane przez różne struktury genetyczne populacji dzikiej i hodowlanej. Realizacja założonego celu wiązała się z koniecznością stworzenia interdyscyplinarnego zespołu badawczego, w skład którego, prócz genetyków, weszli także biostatystycy. Wieloletnia współpraca z nimi pozwoliła Habilitantce na znacznie szersze spojrzenie na poruszaną problematykę.

Wyniki prowadzonych badań, dotyczących zróżnicowania populacji lisa pospolitego, zostały opublikowane w postaci trzech współautorskich prac, w czasopismach obejmujących tematyką nauki o zwierzętach o łącznym IF = 2,886.

Analizy przedstawione we wszystkich trzech pracach zostały przeprowadzone na tym samym zgromadzonym materiale. Do badań pozyskiwane były całe tuszki zwierząt. Lisów hodowlanych po technologicznym uboju przeprowadzonym na fermach, natomiast lisy dziko żyjących zostały pozyskane podczas polowań oraz zabite w wypadkach drogowych. Lisy hodowlane pozyskano z dwóch ferm, natomiast lisy dziko żyjące pochodziły z różnych regionów z całego kraju (21 lokalizacji).

W pierwszej publikacji przedstawiono analizy i wyniki dotyczące cech morfologicznych lisa pospolitego. Badania dotyczyły 132 lisów dzikich (w tym 63 samców, 63 samic oraz 6 osobników, dla których płeć nie została określona) oraz 199 lisów hodowlanych (85 samców i 114 samic). Analizowano następujące cechy: masa, długość i obwód ciała, długość ogona, wysokość ucha, długość przedniej i tylnej prawej łapy oraz długość przedniej i tylnej prawej stopy. Oszacowano także współczynnik proporcjonalności dla kończyn oraz współczynnik dymorfizmu płciowego. Podczas analiz porównywano obie populacje, a także przeprowadzono porównanie uwzględniające płeć zwierząt i jednocześnie ich przynależność populacyjną. Istotne różnice wystąpiły pomiędzy oboma populacjami dla wszystkich pomiarów, z wyjątkiem długości tylnej prawej kończyny. Większymi wartościami średnimi cech charakteryzowały się lisy hodowlane z wyjątkiem długości ogona, wysokości ucha oraz długości tylnej prawej kończyny. Natomiast większą zmienność zaobserwowano u lisów dziko żyjących, z wyjątkiem masy i długości ciała, które to były bardziej zmienne u lisów hodowlanych. Stwierdzono także, że proporcja długości kończyn przednich i tylnych u lisów hodowlanych jest równa, natomiast lisy dziko żyjące charakteryzują dłuższe kończyny przednie niż tylne. Dużo różnic stwierdzono, gdy porównano średnie wartości cech dla wyróżnionych czterech grup z uwzględnieniem płci i populacji (samce hodowlane FM,

samice hodowlane FF, samce dziko żyjące WM, samice dziko żyjące WF). Dla większości cech stwierdzono najwyższe wartości dla samców hodowlanych, natomiast najniższe dla samic dziko żyjących. Wszystkie grupy różniły się statystycznie istotnie pod względem obwodu ciała, długości przedniej i tylnej stopy. Dla masy i długości ciała takie różnice nie wystąpiły jedynie między samicami hodowlanymi a samcami dziko żyjącymi. Natomiast wysokość ucha istotnie różniła się jedynie między samcami hodowlanymi i samicami dziko żyjącymi, podczas gdy pod względem długość ogona płcie w obrębie populacji nie różniły się, natomiast pomiędzy populacjami różnice te były statystycznie istotne. Oszacowane współczynniki proporcjonalności nie różniły się statystycznie. Największe współczynniki dymorfizmu płciowego uzyskano dla samców hodowlanych i samic dziko żyjących pod względem prawie wszystkich analizowanych cech wskazujące na duże różnice pomiędzy nimi. Natomiast przy porównaniu samców dziko żyjących i samic hodowlanych wartości tego współczynnika osiągały wartość około 1, co świadczy o wyrównaniu obu grup.

Ponadto dla analizowanych cech oszacowano korelacje fenotypowe, z których większość okazała się istotna. Spośród wszystkich wartości jedynie pomiędzy masą i obwodem ciała wartości korelacji były identyczne w obu populacjach i były to wartości najwyższe (0,73). Niższe wartości dla większości korelacji jak również bardziej zróżnicowane uzyskano dla populacji hodowlanej niż dziko żyjącej (np. korelacja masy ciała z pozostałymi cechami w populacji hodowlanej przyjmowały wartości od -0,28 do 0,73, natomiast w populacji dziko żyjącej ten zakres był mniejszy od 0,31 do 0,73). W odniesieniu do trzech cech korelacje były przeciwne w obu populacjach - ujemna korelacja między masą ciała a długością obu kończyn oraz długością ciała i długością przedniej prawej kończyny charakteryzowała populację hodowlaną, natomiast w populacji dziko żyjącej te korelacje były dodatnie. Porównując wartości korelacji w obu populacjach stwierdzono istotne różnice w przypadku 11 z nich. Porównanie cech morfologicznych między populacjami lisów dzikich a hodowlanych wykazały znaczący wpływ sztucznej selekcji na lisy hodowlane. Dotyczy to głównie skracania tylnych kończyn i jednocześnie wydłużenie przedniej kończyny i przedniej łapy, a także zmniejszenie wysokości ucha i długości ogona. Lisy hodowlane były większe (dłuższe, szersze, cięższe) niż dzikie, ale jednocześnie bardziej podobne przy porównaniu płci niż samce i samice dzikich lisów. Różnice zaobserwowano również w kształcie ciała i proporcjach obu populacji. Ciało lisów hodowlanych jest prostokątne, podczas gdy kształt ciała lisów dziko żyjących może być opisane jako trapezoidalne z powodu większych różnic w długości kończyn przednich i tylnych. Wszystkie cechy ujęte w tych badaniach są ważne z punktu widzenia przetrwania lisów. Ponieważ istotna rola nie których z nich została jednak

osłabiona w przypadku lisów hodowlanych podczas udomowienia i selekcji (lisy hodowlane nie muszą walczyć o przetrwanie), dlatego też związek genetyczny między nimi być może został osłabiony. Ponadto zmienione proporcje ciała mogą wpływać na osłabienie ruchu i zdolności do polowania lisów hodowlanych.

Publikacja 2 dotyczyła porównania liniowych pomiarów czaszek lisów z populacji hodowlanej i dziko żyjącej. Czaszki wypreparowano od 75 lisów dziko żyjących (32 samic, 38 samców oraz 5 osobników o nieokreślonej płci) oraz od 90 lisów hodowlanych (33 samic i 57 samców). Dokonano 19 pomiarów dla każdego osobnika: długość czaszki, maksymalna szerokość jarzmowa i minimalną szerokość czaszki, wysokość czaszki, środkowa długość oraz szerokość podniebienia, maksymalną szerokość podniebienia, długość i szerokość nozdrzy wewnętrznych oraz zewnętrznych, szerokość czołowa, wysokość i szerokość grzebienia czaszki, wysokość wyrostka sutkowego, odległość między ostatnim siekaczem i kłem, pierwszym siekaczem i kłem, kłem i pierwszym przedtrzonowcem, ostatnim siekaczem i pierwszym przedtrzonowcem oraz wyliczono 4 indeksy: indeks czaszki, indeks podniebienia, stosunek długości podniebienia do długości czaszki, indeks długości-szerokości. Oszacowano średnie wartości dla poszczególnych pomiarów i porównano je pomiędzy populacjami, a także pomiędzy grupami uwzględniającymi jednocześnie płć i populację (analogicznie jak w publikacji 1). Ponadto obliczono korelacje fenotypowe pomiędzy cechami, a także wykonano analizę PCA.

Stwierdzono istotne różnice pomiędzy populacją hodowlaną i dziko żyjącą w przypadku 14 z 19 pomiarów, jedynie długość i szerokość podniebienia, szerokość czołowa, długość nozdrzy wewnętrznych oraz maksymalna szerokość podniebienia nie wykazywały różnic. Czaszki lisów hodowlanych były istotnie dłuższe i wyższe, jednocześnie także istotnie węższe w porównaniu do lisów dziko żyjących. Lisy hodowlane charakteryzowały się także statystycznie istotnie większymi parametrami grzebienia czaszki, nozdrzy, jednocześnie wyrostek sutkowy był istotnie mniejszy. Odległości pomiędzy zębami także były większe w czaszkach lisów hodowlanych, z wyjątkiem odstępu między kłem a pierwszym przedtrzonowcem. W przypadku pomiarów anatomicznych także można zauważyć mniejszą zmienność parametrów w populacji hodowlanej w porównaniu do dziko żyjącej. Analiza obliczonych indeksów wykazała, że indeks czaszki oraz stosunek długości podniebienia do długości czaszki były istotnie wyższe u lisów dziko żyjących, natomiast indeks podniebienia oraz indeks długości-szerokości u lisów hodowlanych, co potwierdza, że czaszki zwierząt hodowlanych są proporcjonalnie węższe. Spośród 171 oszacowanych współczynników korelacji 95 okazało się istotnych w populacji hodowlanej, natomiast w populacji dziko

żyjącej - 80. Porównując uzyskane wartości pomiędzy populacjami stwierdzono, że 85 z nich różni się w sposób istotny. Populacja hodowlana charakteryzowała się zakresem korelacji od bardzo słabej między szerokością grzebienia a najmniejszą szerokością czaszki (0,01) do bardzo silnej między długością podniebienia i długością czaszki (0,83). Natomiast dla populacji dziko żyjącej zakres ten mieścił się od słabej korelacji na poziomie -0,02 między maksymalną szerokością podniebienia a wysokością czaszki oraz wysokością grzebienia a najmniejszą szerokością czaszki do silnej zależności między długością podniebienia i długością czaszki (0,81). W 26 przypadkach stwierdzono przeciwne korelacje w obu populacjach, np. między wysokością czaszki a jej maksymalną szerokością u lisów hodowlanych zależność wyniosła 0,55, natomiast dla dzikich korelacja ta osiągnęła wartość -0,48.

W wyniku analizy głównych składowych (PCA) stwierdzono, że pierwsza i druga składowa wyjaśnia większość zmienności, w związku z tym dla nich przeprowadzono dalsze analizy. Wyniki PCA wskazują na całkowitą odrębność obu populacji i potwierdzają wyniki wcześniejszych analiz. Porównując płcie w populacji hodowlanej stwierdzono, że w przypadku 15 z 19 pomiarów (z wyjątkiem szerokości nozdrzy wewnętrznych, wysokości grzebienia, najmniejszej szerokości czaszki i odległości między kłem a pierwszym przedtrzonowcem statystycznie istotnie wyższe wartości otrzymano dla samców niż dla samic. Podobne wyniki otrzymano także dla płci w obrębie lisów dziko żyjących. Jedyna różnica polegała na tym, że dla tych czterech pomiarów w przypadku samic dziko żyjących wartości były istotnie wyższe, natomiast w populacji hodowlanej w ich przypadku nie stwierdzono różnic. Zdecydowana większość pomiarów osiągała istotnie wyższe wartości u osobników hodowlanych niż dzikich. Spośród wszystkich pomiarów dla 10 (długość czaszki, szerokość nozdrzy wewnętrznych, długość i szerokość nozdrzy, wysokość i szerokość grzebienia, najmniejsza szerokość czaszki, odległości między: ostatnim siekaczem i kłem, pierwszym siekaczem i kłem oraz ostatnim siekaczem i pierwszym przedtrzonowcem) stwierdzono istotnie wyższe wartości dla samic hodowlanych niż dla samic dzikich, w przypadku 7 (wysokość czaszki, długość i szerokość podniebienia, długość nozdrzy wewnętrznych, maksymalna szerokość podniebienia, szerokość czołowa czaszki i wysokość wyrostka sutkowego) nie stwierdzono istotnych różnic między tymi grupami, natomiast w dwóch przypadkach (szerokość czaszki oraz odstęp między kłem i pierwszym przedtrzonowcem) były istotnie wyższe u samic dzikich. Podobne wyniki uzyskano porównując grupy samców dla 9 z 19 pomiarów (długość czaszki, szerokość nozdrzy wewnętrznych, długość i szerokość nozdrzy, wysokość i szerokość grzebienia, odległości

między ostatnim siekaczem i kłem, pierwszym siekaczem i kłem oraz ostatnim siekaczem i pierwszym przedtrzonowcem) statystycznie istotnie wyższe wartości charakteryzowały samce hodowlane, w przypadku 7 (wysokość czaszki, długość i szerokość podniebienia, długość nozdrzy wewnętrznych, maksymalna szerokość podniebienia, szerokość czołowa czaszki i wysokość wyrostka sutkowego) nie stwierdzono różnic, natomiast dla 3 pomiarów (szerokość czaszki, najmniejsza szerokość czaszki i odstęp między kłem a pierwszym przedtrzonowcem) stwierdzono wyższe wartości u samców dzikich.

Analiza indeksów w obrębie czterech wyróżnionych grup wykazała dla indeksu podniebienia brak istotnych różnic, indeks czaszki nie różnił się pomiędzy płciami w obrębie populacji, ale istotne różnice odnotowano pomiędzy samcami hodowanymi i zarówno samcami jak i samicami dziko żyjącymi. Podobnie kształtowały się wyniki analizy dla indeksu długości- szerokości, tylko stwierdzono różnice między obiema grupami samic oraz obiema grupami samców. Dla stosunek długości podniebienia do długości czaszki uzyskano różnice istotne między płciami w obrębie populacji hodowlanej oraz pomiędzy populacjami zarówno w porównaniu samic jak i samców, nie różniły się jego wartości natomiast w obrębie populacji dziko żyjącej.

Wyniki PCA ponownie potwierdziły odrębność płci między populacjami, ale także w obrębie populacji hodowlanej. Samce i samice dziko żyjące nie stanowiły aż tak wyraźnie odrębnych grup. Pomimo, że różne czynniki mogą wpływać na ewolucję wymiarów i kształtu czaszki, a rola wielu z nich pozostaje nadal niejasna, to na bazie uzyskanych wyników ponownie można spekulować, że pochodzenie lisów oraz selektywna hodowla odgrywają znaczącą rolę w różnicowaniu czaszek hodowlanych i dzikich lisów pospolitych. Będąc pod silną presją sztucznej selekcji pod względem ważnych ekonomicznie cechy lisy hodowlane, mające odrębną pulę genów w porównaniu z dzikimi odpowiednikami pochodzenia euroazjatyckiego, tworzą własną mikroewolucyjną ścieżkę pod względem kształtu i wymiarów czaszki.

Wskazanie czynników wpływających na różnice w obrębie analizowanych cech morfologicznych i anatomicznych wymagało także genetycznej analizy porównawczej obu populacji, a także analizy filogenetycznej. Wyniki tego zakresu badań zostały przedstawione w publikacji 3. Do badań genetycznych wykorzystano pobraną od zwierząt tkanę (koniuszek języka). Próbkę pobrano od 200 zwierząt hodowlanych oraz 130 dziko żyjących. Analizy genetyczne dotyczyły analizy wybranych 30 sekwencji mikrosatelitarnych (REN135K06, REN210I14, REN307J23, REN88H03, REN258F18, REN248F14, REN64E19, REN252E18, REN144O22, REN44K10, REN75M10, FH2613, FH2097, FH2980, FH3970, FH3241,



FH2263, FH3713, FH2060, FH2295, FH3775, FH3824, FH3771, FH2312, FH3853, FH3287, FH4001, ZUBECA6, UOR4101 i AHT137) dla wszystkich prób oraz dwóch fragmentów mitochondrialnego DNA (fragmentu cytochromu b oraz fragmentu regionu kontrolnego D-Loop) dla 96 osobników (48 hodowlanych i 48 dziko żyjących).

Badania wykazały, że obie populacje różniły się zarówno liczbą alleli w poszczególnych *loci* (lisy hodowlane od 1 do 12 średnio 5,14, natomiast lisy dziko żyjące od 1 do 60, średnio 17,25), ale również poziomem heterozygotyczności zarówno obserwowanej (lisy hodowlane od 0,00 do 0,77, średnio 0,47, natomiast dziko żyjące od 0,00 do 0,91, średnio 0,66), jak i oczekiwanej (odpowiednio od 0,00 do 0,75, średnio 0,48 i od 0,00 do 0,97, średnio 0,71), a także liczbą alleli prywatnych - 27 charakterystycznych dla populacji hodowlanej i 328 dla dziko żyjącej.

Wartości współczynnika FIS w obu grupach były niskie, jednak 13 spośród 23 obliczonych dla lisów dzikich istotnie różniło się od 0 wskazując na brak równowagi Hardy'ego-Weinberga, natomiast w przypadku lisów hodowlanych taka sytuacja miała miejsce jedynie w przypadku 3 sekwencji z 19. Współczynnik utrwalenia FST oszacowany zarówno dla pojedynczych sekwencji, jak i dla wszystkich łącznie ( $FST = 0.27$ ) wskazuje na istotny genetyczny dystans między populacją hodowlaną a dziko żyjącą lisa pospolitego. Wyniki analizy PCA wskazują na całkowitą genetyczną odrębność obu populacji i spójne grupowanie się między nimi. Analiza wykonana w programie Structure i pakietem LEA w R jednoznacznie wskazują podział danych na dwie subpopulacje, co potwierdza wyniki uzyskane z PCA.

Porównanie połączonych haplotypów zarówno dla krótszych, jak i dłuższych fragmentów obu regionów mtDNA wykazuje brak wspólnych haplotypów dla obu grup lisów. Charakterystycznych tylko dla lisów hodowlanych stwierdzono 6 połączonych haplotypów, natomiast występujących tylko u dzikich lisów było 19 połączonych haplotypów. Najczęściej spotykany połączony haplotyp dla krótszych fragmentów występujący w grupie lisów hodowlanych (E-86,  $n = 19$ ) został wcześniej znaleziony u lisów hodowlanych oraz w populacji ze wschodnich Stanów Zjednoczonych. W grupie lisów dzikich haplotypy U, U4, U33, H4 i 57 były wcześniej klasyfikowane jako europejskie lub eurazjatyckie i należały do kladu holarktycznego. Porównanie połączonych haplotypów skonstruowanych przy użyciu „dłuższych” fragmentów mtDNA pokazuje również dwie odrębne grupy haplotypów charakterystycznych dla lisów hodowlanych (8 haplotypów) i dzikich (23 haplotypy). Dominowały dwa haplotypy - FOX9-FOX30 ( $n = 17$  u lisów hodowlanych) i FOX29-D408 ( $n = 14$  u dzikich lisów).

Obie skonstruowane sieci haplotypów (dla połączonych krótszych i dłuższych analizowanych fragmentów) wyraźnie wskazują na dwie genetycznie odrębne grupy (haplotypy „fermowe” i „dzikie” są zgrupowane osobno), co potwierdza wyniki wcześniej przedstawionych analiz sekwencji mikrosatelitarnych oraz wskazuje na odrębne, północnoamerykańskie pochodzenie lisów hodowlanych.

Wyniki przeprowadzonych badań, przedstawione w publikacji 3, wskazują na zdecydowanie wyższe genetyczne zróżnicowanie lisów dziko żyjących w porównaniu do zwierząt hodowlanych. Jednak współczynnik inbredu FIS, w przeciwieństwie do tego czego można było oczekiwać, był wyższy wśród dzikich lisów. Zarówno analiza markerów mikrosatelitarnych, jak i fragmentów mtDNA dostarczyła mocnych dowodów potwierdzających północnoamerykańskie pochodzenie lisów pospolitych hodowanych na polskich fermach oraz genetyczną odrębność obu populacji.

Cykl przedstawionych publikacji stanowiących szczególne osiągnięcie habilitacyjne w kompleksowy sposób przedstawia porównanie dwóch populacji lisa pospolitego: hodowlanej i dziko żyjącej i pozwala wnioskować iż są to całkowicie odrębne populacje. Różnią się w sposób istotny zarówno morfologicznie, anatomicznie jak i genetycznie.

Najważniejsze osiągnięcia opublikowane w pracach 1-3 to:

1. Stwierdzenie istotnej odrębności populacji hodowlanej od dziko żyjącej zarówno morfologicznej, anatomicznej, jak i genetycznej,
2. Potwierdzenie pochodzenia i ścisłego powiązania genetycznego lisów hodowlanych z populacją północnoamerykańską lisa pospolitego,
3. Wskazanie bardzo wyraźnych różnic w zmiennościach na wszystkich etapach analizy - zwierzęta hodowlane są bardziej wyrównane niż dziko żyjące, co najprawdopodobniej jest wynikiem silnej selekcji.

#### **4. Ocena dorobku naukowo-badawczego nie wchodzącego w skład szczególnego osiągnięcia naukowego**

Dorobek publikacyjny Habilitantki obejmuje 34 pozycje w tym 25 po doktoracie. Wśród nich należy wymienić 7 publikacji z sumaryczny współczynnikiem wpływu (IF) zgodnie z rokiem opublikowania wynoszącym 3,217, suma pkt MNiSW (zgodnie z rokiem opublikowania) wynosi 47, a zgodnie z ostatnią listą (2017) 80 gdzie w trzech Habilitantka jest pierwszym autorem a w jednej drugim, 4 monografie lub rozdziały w monografii, 23

publikacje naukowe w czasopismach międzynarodowych lub krajowych. Ogółem dorobek publikacyjny wynosi, po wyłączeniu publikacji stanowiących osiągnięcie naukowe, 31 pozycji o łącznym sumarycznym *Impact Factor* - 3,217 i sumie punktów MNiSW – 176.

Zainteresowania naukowe Habilitantki od początku koncentrowały się na genetyce populacji i wykorzystaniu markerów genetycznych. Równolegle interesowała się wykorzystaniem markerów genetycznych w pracy hodowlanej i ich związku z cechami, genetyką populacji zwierząt hodowlanych - analizą zmienności w populacji i dystansów genetycznych, szacowaniem parametrów genetycznych oraz ochroną zasobów genetycznych.

Interesującym zagadnieniem z punktu widzenia hodowlanego jest wskazanie markerów genetycznych, które wykazywałyby związek z cechami istotnymi z punktu widzenia doskonalenia zwierząt, a które to cechy w większości przypadków są cechami ilościowymi. Przeprowadzona analiza związku markerów mikrosatelitarnych z cechami morfometrycznymi hodowlanych lisów pospolitych pozwoliła wskazać markery, których genotypy istotnie różniły się pod względem analizowanych cech.

Lisy polarne charakteryzują się specyficznym polimorfizmem kariotypowym, czyli zmiennością w liczbie chromosomów. Wyróżnia się lisy z liczbą chromosomów wynoszącą  $2n = 50, 49$  i  $48$ . Prowadzone badania wskazywały na wpływ tej zmienności na różne cechy lisów. Wykonano szeroką analizę związku polimorfizmu kariotypowego a cechami reprodukcji, płodnością, a także wzrostem zwierząt i jakością skór. Wykonano także analizę związku polimorfizmu transferryny z umaszczeniami lisa polarnego i pospolitego.

Opracowano pracę przeglądową dotyczącą znaczenia polimorfizmu kappa-kazeiny w hodowli bydła, w której przedstawiono wyniki wielu badań wskazujących istotną zależność między genotypem kappa- kazeiny a wydajnością mleka i jego parametrami technologicznymi.

Kolejny obszar zagadnień dotyczy analizy zmienności w populacji i dystansów genetycznych. Zagadnienia związane z szeroko rozumianą genetyką populacji stanowią ważny fragment Jej zainteresowań naukowych. Dotyczyła tego zagadnienia praca doktorska, w której w oparciu o polimorficzne białko, jak i sekwencje mikrosatelitarne oszacowano dystans genetyczny między populacjami lisa pospolitego i polarnego, wykazując, że gatunki stanowią odrębne grupy. Wyniki dotyczące dystansu genetycznego między tymi gatunkami oszacowane w oparciu o zmienność transferryny.

Ważnym elementem w realizowanych badaniach była analiza zmienności i szacowanie dystansu genetycznego dla różnych ras bydła czerwonego w oparciu o różnego typu markery

genetyczne, zarówno o geny, geny białek mleka, jak i *loci* mikrosatelitarne. Podobne badania wykonano także dla różnych ras owiec.

Habilitantka wykonała analizy zmienności dla populacji wizona amerykańskiego oraz obu gatunków lisów - pospolitego i polarnego.

W oparciu o zdobytą wiedzę z zakresu genetyki populacji Habilitantka brała udział w opracowaniu we współautorstwie monografii, stanowiącej także podręcznik akademicki.

Innym zagadnieniem będącym obiektem zainteresowań naukowych Habilitantki, a które jest związane z genetyką populacji i analizą związku pomiędzy cechami, jest szacowanie parametrów genetycznych i analiza wpływu czynników takich jak płeć, sezon urodzenia, czynniki środowiskowe na wielkość ciała i cechy użytkowe lisów polarnych i pospolitych, ale także współpraca w tym zakresie w analizach dotyczących cech u koni w zakładach treningowych.

Tematem będących w dorobku Habilitantki dwóch monografii jest ochron zasobów genetycznych, w tym także genetyki konserwatorskiej i analizy wpływu gatunków inwazyjnych.

##### **5. Ocena dorobku dydaktycznego i popularyzatorskiego oraz współpracy międzynarodowej Habilitantki**

Działalność dydaktyczna stanowi istotny element pracy Habilitantki w Uniwersytecie Przyrodniczym we Wrocławiu. Wykaz prowadzonych przez dr inż. Magdalenę Zatoń-Dobrowolską indywidualnie lub zespołowo przedmiotów przedstawia się następująco:

###### **Przedmioty obligatoryjne (nazwa, kierunek, rodzaj):**

Genetyka populacji i cech ilościowych (Biologia) - wykład i ćwiczenia

Genetyka populacji (Bioinformatyka) - wykład i ćwiczenia

Genetyka (Zootechnika, Biologia) - ćwiczenia

Podstawy hodowli zwierząt (Zootechnika) - ćwiczenia

Informatyka (Zootechnika) - ćwiczenia

Biometria (Zootechnika) - ćwiczenia

Metody hodowlane (Zootechnika) - ćwiczenia

###### **Przedmioty fakultatywne (nazwa, kierunek, rodzaj):**

Kynologia i felinologia (Zootechnika) - wykład, ćwiczenia

Hodowla zwierząt towarzyszących (Zootechnika) - wykład, ćwiczenia

Genetyka populacji zwierząt gospodarskich (Zootechnika) - wykład, ćwiczenia

Terapeutyczne wykorzystanie zwierząt (Biologia człowieka) - wykład, ćwiczenia

Dzicy przodkowie i krewni zwierząt towarzyszących (Biologia, Zootechnika) - wykład i ćwiczenia

Bioróżnorodność organizmów (Biologia) - wykład, ćwiczenia, ćwiczenia terenowe

Habilitantka prowadzi również zajęcia w języku angielskim dla studentów programu Erasmus – „Population genetics” - wykład i ćwiczenia oraz „Wild ancestors and relatives of pets” - wykłady i ćwiczenia,

Przygotowała autorskie i współautorskie programy wykładów i ćwiczeń z następujących przedmiotów:

Genetyka populacji

Kynologia i felinologia

Hodowla zwierząt towarzyszących

Genetyka populacji zwierząt gospodarskich

Terapeutyczne wykorzystanie zwierząt

Dzicy przodkowie i krewniacy zwierząt towarzyszących

Bioróżnorodność organizmów.

Była opiekunem 61 prac inżynierskich i licencjackich oraz 30 prac magisterskich realizowanych przez studentów Zootechniki, Biologii i Bioinformatyki Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu. Była również promotorem pomocniczym w 1 przewodzie doktorskim zakończonym obroną oraz promotorem pomocniczym w 2 otwartych przewodach doktorskich. Jest także opiekunem Studenckiego koła naukowego „Kynologów”.

Jest współautorką 1 pracy o charakterze popularno-naukowym. Prowadziła dla dzieci warsztaty „DNA - kod życia” w ramach projektu UniKids w Świdnicy i Wałbrzychu oraz wygłosił wykład w ramach Dolnośląskiego Festiwalu Nauki „Pies - towarzysz czy przyjaciel?”.

Uczestniczyła również w programach europejskich oraz innych programach międzynarodowych i krajowych takich jak:

Rok 2017. Projekt badawczy, Fundusz Współpracy Bilateralnej Mechanizmu Finansowego Europejskiego Obszaru Gospodarczego 2009-2014 dla programu PL02 „Ochrona różnorodności biologicznej i ekosystemów”. - członek zespołu realizującego projekt

Jest autorką lub współautorką opublikowanych 18 streszczeń w materiałach konferencji międzynarodowych oraz 8 opublikowane streszczenia w materiałach konferencji krajowych.

Bierze udział, jako członek komitetów naukowych, w 5 międzynarodowych i krajowych konferencji naukowych. Ponadto przewodniczy sesjom podczas seminarium PTZ Sekcja Hodowli Zwierząt Futerkowych Bukowiec 2017 i Seminarium PTZ Sekcja Hodowli Zwierząt Futerkowych Kazimierz Dolny n/Wisłą 2018

Za swoją działalność dydaktyczną i organizacyjną otrzymała od Rektora Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu zespołową nagrodę I stopnia w dziedzinie organizacyjnej w 2016, 2017 i 2018 roku oraz zespołową nagrodę II stopnia Rektora Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu w dziedzinie organizacyjnej w 2005 roku oraz Nagrodę Rektora Akademii Rolniczej we Wrocławiu zespołowa II stopnia w dziedzinie dydaktycznej w 2005 roku.

Jest członkiem Polskiego Towarzystwa Genetycznego, we wcześniejszych kadencjach wiceprezes oraz członek zarządu Oddziału Wrocławskiego PTG oraz członkiem Polskiego Towarzystwa Zootechnicznego.

Habilitantka jest współautorem podręcznika dla studentów Żuk B, Wierzbicki H., Zatoń- Dobrowolska M., Kulisiewicz M 2011: Genetyka populacji i metody hodowlane. PWRiL Warszawa

### **Podsumowanie**

Dr inż. Magdalena Zatoń-Dobrowolska jest dojrzałym i niezwykle aktywnym nauczycielem akademickim, potrafi umiejętnie łączyć nauczanie z nauką, dobrze prowadzić dydaktykę i jednocześnie organizować badania i publikować prace naukowe. Podjęta przez nią problematyka mieści się w ważnych obszarach dziedziny nauk rolniczych, w dyscyplinie zootechnika . Sumaryczny *Impact Factor* według listy JCR, zgodnie z rokiem opublikowania wynosi 6,103, w tym 2,886 za osiągnięcie naukowe. Suma punktów MNiSW, zgodnie z rokiem opublikowania – 266; w tym: za publikacje w czasopismach z listy JRC – 132, za monografie – 66, za pozostałe publikacje – 68. Suma punktów MNiSW, zgodnie z ostatnią listą – 570, w tym za publikacje w czasopismach z listy JRC – 170, za monografie – 186 i za pozostałe publikacje 214. Liczba cytowań publikacji według bazy Web of Science – 17, bez autocytowań – 15. Indeks Hirscha według bazy Web of Science – 3.

. Powyższe wskaźniki należy uznać pod względem bibliometrycznym za dorobek wystarczający przy ubieganiu się o stopień doktora habilitowanego. Pozytywnie należy również ocenić obszar Jej działalności dydaktycznej i organizacyjnej. Świadczy o dużej pracowitości Habilitantki. Również działania Habilitantki mające na celu uprzystępnienie wyników badań naukowych oraz przedstawienie problemów nauki szerokiemu odbiorcy są

godne podkreślenia. Popularyzacja wiedzy stanowi niezwykle istotny obszar działań, który winien znaleźć się w szerszym polu zainteresowań badaczy. W zakończeniu oświadczam, że osiągnięcie naukowe i pozostały dorobek naukowy i organizacyjny dr inż. Magdaleny Zatoń-Dobrowolskiej spełnia w wystarczającym stopniu kryteria określone w art. 16 ust. 3 ustawy z dnia 14. marca 2003 r. o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. z 2017 r. poz. 1789) oraz rozporządzenie Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 1. września 2011 roku w sprawie kryteriów osiągnięć osoby ubiegającej się o nadanie stopnia doktora habilitowanego.

Wnoszę więc do Wysokiej Komisji o dopuszczenia dr inż. Magdaleny Zatoń-Dobrowolskiej do dalszych etapów postępowania kwalifikacyjnego przy ubieganiu się o stopień doktora habilitowanego w dziedzinie NAUK ROLNICZYCH w dyscyplinie ZOOTECHNIKA.

Lublin, dnia 12. października 2019 roku

A handwritten signature in blue ink, appearing to be 'M. Zatoń', written over a horizontal line.