

## Załącznik 2

### AUTOREFERAT

#### 1. Imię i Nazwisko

**Iwona Głazewska**

#### 2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe/ artystyczne – z podaniem nazwy, miejsca i roku ich uzyskania oraz tytułu rozprawy doktorskiej

- magister inżynier zootechnik, Akademia Rolniczo-Techniczna Olsztyn, Wydział Zootechniczny, 1980 r., na podstawie pracy magisterskiej: *„Związek między polimorfizmem transferyny i ceruloplazminy u bydła a poziomem żelaza oraz zdolnością jego wiązania przez transferynę osocza krwi”*
- doktor nauk biologicznych w zakresie biologii, tytuł uzyskany w 2002 roku na Wydziale Biologii, Geografii i Oceanologii Uniwersytetu Gdańskiego na podstawie rozprawy doktorskiej: *”Zastosowanie analizy udziału założycieli do oceny zróżnicowania genetycznego nielosowo kojarzącej się populacji na przykładzie koni czystej krwi arabskiej”*

#### 3. Informacje o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych

- asystent w Zakładzie Genetyki Zwierząt, Wydział Zootechniczny Akademii Rolniczo-Technicznej w Olsztynie, w okresie 1.10.1980 r.-15.05.1982 r.
- pracownik gdańskich instytucji nienaukowych (Pracownia Bakteriologii Klinicznej, Technikum Przemysłu Spożywczego i Chemicznego, Wojewódzki Ośrodek Doradztwa Rolniczego, Zakład Higieny Weterynaryjnej) w latach 1982-1990
- specjalista w Centrum Biologii Morza PAN w okresie: 1.06.1990-31.07.1990
- Uniwersytet Gdański, Wydział Biologii (wcześniej: Wydział Biologii, Geografii i Oceanologii) od 1.08.1990 r. kolejno jako:
  - specjalista w Katedrze Genetyki (wcześniej: Katedra Genetyki i Cytologii) do 28.02.2003 r.
  - adiunkt (nauczyciel akademicki-pracownik naukowy) w Katedrze Genetyki od 1.03.2003 r. do 30.06.2010 r.
  - adiunkt (nauczyciel akademicki-pracownik naukowy) w Katedrze Taksonomii Roślin i Ochrony Przyrody od 1.07.2010 r.

4. Wskazanie osiągnięcia\* wynikającego z art. 16 ust. 2 ustawy z dnia 14 marca 2003 r. o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. nr 65, poz. 595 ze zm.):

Osiągnięcie pod wspólnym tytułem:

**Wykorzystanie mitochondrialnego DNA w badaniach wybranych populacji rodowodowych**

tworzy cykl pięciu publikacji:

1. **Głażewska I.**, Wysocka A., Gralak B., Prus R., Sell J. 2007. A new view on dam lines in Polish Arabian horses based on mtDNA analysis. *Genetics Selection Evolution* 39, 609-619 (IF=1,735)
2. **Głażewska I.** 2010. Speculations on the origin of the Arabian horse breed. *Livestock Science* 129, 49-55 (IF=1,295)
3. **Głażewska I.**, Prusak B. 2012. Evaluation of the effectiveness of introducing new alleles into the gene pool of a rare dog breed: Polish Hound as the example. *Czech Journal of Animal Science* 57, 248-254 (IF= 0,922)
4. **Głażewska I.**, Zielińska S., Prusak B., 2012. Formation of a new dog population observed by pedigree and mtDNA analyses of the Polish Hovawart. *Archiv Tierzucht* 55, 4, 391-401 (IF=0,463)
5. **Głażewska I.**, Prusak B., Gralak B. 2013. Pedigrees as a source of information in mtDNA studies of dogs and horses. *Animal Genetics* 44, 2, 227-230 (IF=2,584)

W publikacjach zespołowych mój wkład w powstanie pracy obejmował generalnie: autorstwo koncepcji i planu badań, napisanie tekstu publikacji oraz wykonanie analizy rodowodowej, natomiast udział współautorów dotyczył wykonania laboratoryjnej części projektów. Szczegółowe informacje na temat udziału każdego ze współautorów podane są w załącznikach 4-6.

5. Omówienie celu naukowego/artystycznego ww. pracy/prac i osiągniętych wyników wraz z omówieniem ich ewentualnego wykorzystania

Wielopokoleniowe rodowody stanowią wartościowe źródło wiedzy o zwierzęciu i jego pochodzeniu, lecz ich szersze wykorzystanie w badaniach naukowych stało się możliwe dopiero wraz z rozwojem techniki komputerowej. Począwszy od lat 1990-ych opublikowano szereg prac poświęconych analizom rodowodowym dzikich gatunków zwierząt utrzymywanych w hodowli zachowawczej oraz różnych gatunków zwierząt domowych. Celem tych analiz było zdefiniowanie przodków badanych populacji, odtworzenie ich historii oraz określenie poziomu zmienności

genetycznej. Wskaźniki rodowodowe posłużyły także do oceny sposobu zarządzania populacją oraz do wytyczenia kierunków jej rozwoju i do wskazania genetycznie najważniejszych przedstawicieli populacji, istotnych z punktu widzenia hodowli zachowawczej.

Prowadzone przeze mnie analizy rodowodowe są częścią tego nurtu badań. Obiektem badań są trzy populacje zwierząt rodowodowych: koni czystej krwi arabskiej i psów rasy ogar polski i hovawart. Wspólną cechą wybranych populacji jest ich niewielka liczebność, a istotną zaletą jest stosunkowo duży zasób dostępnej informacji rodowodowej, obejmujący od kilku do około 20 pokoleń przodków. Celem prowadzonych badań była ocena zróżnicowania genetycznego badanych populacji oraz poszukiwanie odpowiedzi na istotne pytania stawiane przez hodowców.

W części projektów, których wyniki prezentuję w ramach cyklu stanowiącego znaczące osiągnięcie, analiza wskaźników rodowodowych uzupełniona została o analizę mitochondrialnego DNA, wykorzystanego do rozstrzygnięcia kwestii wykraczających poza zakres samej analizy rodowodowej. Generalnie, badania mtDNA u koni i psów, które dotyczą głównie zagadnień filogenetycznych, taksonomicznych i kryminalistycznych, prowadzone są jak dotąd w stosunkowo małym zakresie. Przykładowo, jak podają Verscheure i wsp. (*ZooKeys 2013*), na przestrzeni lat 1995-2013 opublikowano na świecie zaledwie 58 artykułów prezentujących wyniki badań mtDNA u psów. W tym niszowym nurcie badawczym mieszczą się także moje prace, odnoszące się do zagadnień związanych z pochodzeniem populacji i weryfikacją rodowodów.

\*\*\*

Podstawowym źródłem wiedzy w analizach rodowodowych są rodowody, a warunkiem rzetelności badań jest ich kompletność i wiarygodność. Niestety, z oczywistych względów zasoby danych rodowodowych są ograniczone i dotyczą co najwyżej okresu objętego zapisami ksiąg stadnych. Z kolei wiarygodność danych wynika ze specyfiki hodowli danego gatunku zwierząt i historii rasy. Wraz z rozwojem metod molekularnych, kontrola pochodzenia, prowadzona w oparciu o analizę markerów genetycznych, stała się nieodłącznym etapem hodowli wielu ras zwierząt domowych, gwarantując prawidłowość danych rodowodowych. Jednakże, z uwagi na brak próbek biologicznych od dalszych przodków, markery jądrowe mogą być używane wyłącznie do weryfikacji zapisów dotyczących najbliższych pokoleń w rodowodzie. Narzędziem, które umożliwia weryfikację zapisów historycznych, jest mitochondrialny DNA, który jest dziedziczony w linii żeńskiej, a zatem pozwala na ocenę zapisów właśnie w tych liniach. W analizie laboratoryjnej wykorzystywane są próbki pobrane od współcześnie żyjących osobników, a schemat badań jest następujący: ustalenie linii żeńskich występujących w badanej populacji na podstawie danych rodowodowych, wytypowanie przedstawicieli poszczególnych linii i ich gałęzi do badań mtDNA, przeprowadzenie analizy laboratoryjnej mtDNA. Weryfikacja jest możliwa tylko wtedy, jeżeli w obrębie danej linii żeńskiej występują różne gałęzie. W praktyce interpretacja wyników oparta jest o podstawowe założenie, że

co do zasady rodowody są prawdziwe, a błędy są wyjątkiem (przy założeniu przeciwnym, tj. że rodowody zawierają liczne błędy, ich skuteczna weryfikacja nie byłaby możliwa). Ocena wyników analizy, w której znaleziono identyczne lub odrębne sekwencje mtDNA w różnych gałęziach linii, nie wymaga użycia skomplikowanych programów komputerowych, lecz odbywa się metodą zero-jedynkową. Sekwencje identyczne dowodzą prawdziwości rodowodów (nie ma podstaw do ich podważenia), a sekwencje różne są podstawą do przyjęcia, że wystąpił błąd w rodowodach. Szczególnym przypadkiem jest sytuacja, gdy różnica między sekwencjami obejmuje jeden lub dwa nukleotydy, co może sugerować zarówno nową mutację jak i błąd w rodowodzie. W takiej sytuacji interpretacja wyniku wymaga uwzględnienia także faktów z historii rasy, sprzyjających powstaniu błędu lub go wykluczających.

Przykładem wykorzystania mtDNA do weryfikacji rodowodów jest analiza historycznych rodowodów polskich koni arabskich, opisana w pierwszym artykule z prezentowanego cyklu [1]. Punktem wyjścia do badań były wątpliwości dotyczące jednej z linii żeńskich (W. Kwiatkowski- *A guide to the complete pedigrees of Arabian horses from Poland*, 1993). Według Kwiatkowskiego jedna z dwóch gałęzi linii klaczy Milordka, urodzonej w 1816 roku w stadninie Sławuta, w rzeczywistości pochodziła od niespokrewnionej z Milordką klaczy Malikarda, urodzonej ok. 1810 roku. Powyższe zastrzeżenia były o tyle istotne, że choć początek polskiej hodowli koni arabskich datowany jest na koniec XVIII wieku, to historia oficjalnych ksiąg stadnych sięga zaledwie 1926 roku. We wcześniejszym okresie w stadninach prowadzono mniej lub bardziej dokładne rejestry, z których większość przepadła w latach 1914-1918, a nasza obecna wiedza na ten temat jest zasługą dr. Edwarda Skorkowskiego, który na podstawie ocalałej dokumentacji oraz przekazów ustnych odtworzył XIX-wieczne rodowody i opublikował je w pierwszym tomie *Księgi Stadnej Koni Arabskich* (1926) oraz w *Tablicach genealogicznych koni arabskich* (1938).

Analiza próbek pobranych od 44 reprezentantów linii i ich gałęzi, przeprowadzona w ramach naszych badań, potwierdziła występowanie 14 haplotypów mtDNA w piętnastu liniach żeńskich. Występowanie ośmiu haplotypów ograniczone było wyłącznie do pojedynczych linii. W przypadku dwóch haplotypów stwierdziliśmy, że każdy z nich występuje jednocześnie w dwóch liniach. Szczegółowa analiza źródeł historycznych nie dostarczyła żadnych przesłanek, które by podważały zapisy rodowodowe dotyczące tych linii, stąd też można przyjąć, że występowanie identycznego haplotypu jednocześnie w dwóch liniach wynikało z pochodzenia założycielek linii od wspólnego przodka żyjącego we wcześniejszym okresie nieobjętym zapisami rodowodowymi.

W przypadku dwóch linii znaleźliśmy więcej niż jeden haplotyp. U przedstawicieli linii Milordki haplotyp *D* znaleziony został w gałęzi linii wywodzącej się od córki Milordki, Zairy 1826, a haplotyp *E* został stwierdzony w drugiej gałęzi linii, wywodzącej się od klaczy Delfina 1825, której pochodzenie zostało zakwestionowane przez Kwiatkowskiego. Różnice pomiędzy haplotypami były

znaczące i dotyczyły 13 nukleotydów, co wykluczyło wspólne pochodzenie obu gałęzi. Uzyskane wyniki wskazują na istnienie dwóch niezależnych linii żeńskich w obrębie dotychczasowej linii Milordki, co może potwierdzać sugestię Kwiatkowskiego. Tym nie mniej, z uwagi na brak większej liczby rozgałęzień linii na przestrzeni dziewiętnastowiecznych zapisów i wynikającą stąd niemożność precyzyjnego datowania, wyniki nie mogą być interpretowane jako pewny dowód, że założycielką drugiej linii była rzeczywiście Malikarda.

Również u reprezentantów linii Gazelli, importowanej w 1845 r., stwierdziliśmy występowanie dwóch haplotypów, różniących się między sobą dziewięcioma nukleotydami. Haplotyp *F* występuje w gałęzi linii wywodzącej się od klaczy Gazella II, ur. 1914 w stadninie Jezupol. Drugi haplotyp, tożsamy z haplotypem *H* znalezionym u koni z linii Sahary, występuje w gałęzi linii zapoczątkowanej przez klacz Fryga, ur. 1914 w stadninie Pełkinie. Ten wynik podważa oficjalne zapisy rodowodowe odnośnie linii Gazelli. Analiza źródeł historycznych wskazała na kilka możliwych przyczyn pomyłki, jednak najbardziej prawdopodobna wydaje się pomyłka co do identyfikacji Frygi w czasie wojny. W 1914 roku, gdy niemal wszystkie konie ze stadniny Pełkinie zostały zarekwirowane przez wojska rosyjskie, w stadninie pozostało tylko kilka źrebiąt, w tym Fryga. Niestety, wobec braku stosownych danych stadnych nie jest możliwe precyzyjne wskazanie domniemanej tożsamości Frygi, choć wynik analizy mtDNA wskazuje na jej przynależność do linii żeńskiej Sahary, także obecnej w tej stadninie.

\*\*\*

Przyczynkiem do podjęcia kolejnego zagadnienia badawczego, opisanego w artykule [1], były wątpliwości na temat pochodzenia najstarszych linii żeńskich polskich arabów oraz ich rasowej czystości. W polskich źródłach historycznych przewijają się różne opinie co do pochodzenia stad założycielskich naszych pierwszych stadnin. Wedle tych opinii, stada te mogły pochodzić od miejscowych klaczy tarpanowatych krzyżowanych z orientalnymi ogierami lub też od klaczy określonych jako polskie, perskie i czerkieskie. W wyniku analizy porównawczej, uwzględniającej także sekwencje amerykańskich koni arabskich uzyskane przez Bowling et al. (*Animal Genetics* 2000), ustalono, że w przypadku dwóch z pięciu kwestionowanych linii występują identyczne sekwencje jak te znalezione w liniach założonych przez klacze uznawane za oryginalne arabów (or.ar.). Występowanie identycznych haplotypów w liniach klaczy or.ar. oraz w liniach klaczy o nieznanym pochodzeniu jest mocnym argumentem przemawiającym za arabskim pochodzeniem tych ostatnich.

Kontynuację powyższych badań stanowiła szczegółowa analiza zagadnień związanych z pochodzeniem rasy arabskiej, której wyniki przedstawia kolejna publikacja [2]. Pochodzenie koni arabskich jest tematem wielu mitów i legend, łączących początki rasy z historycznymi postaciami króla Salomona i Mahometa. Aczkolwiek pochodzenie koni arabskich datowane jest na odległe

czasy, historia współczesnych populacji rasy, uwzględniona w zapisach rodowodowych, liczy nie więcej niż 200 lat. Materiałem założycielskim europejskich i amerykańskich stadnin były konie importowane w XIX wieku i przez pierwsze dekady XX wieku ze Wschodu, reprezentujące różne szczepy arabsów, a także konie o nieznanym pochodzeniu. Problem czystości rasy oraz szczepów to jeden z najczęstszych tematów w literaturze hipologicznej. Według obiegowych poglądów pustynna hodowla prowadzona była w czystości rasy, a arabscy hodowcy ściśle przestrzegali odrębności poszczególnych szczepów.

W celu sprawdzenia słuszności tych opinii przeprowadziłam analizę porównawczą sekwencji mtDNA pochodzących od polskich i amerykańskich koni arabskich o znanej przynależności do linii żeńskiej, oraz sekwencji z bazy GenBank, pochodzących od różnych ras koni potencjalnie niespokrewnionych z końmi arabskimi. Analiza potwierdziła duże zróżnicowanie mtDNA w rasie arabskiej, w której jak dotąd zostało znalezionych 38 różnych sekwencji w 43 liniach żeńskich, oraz brak jednoznacznych zależności pomiędzy sekwencją mtDNA a przynależnością założycielki linii żeńskiej do określonego szczepu. W tych samych haplogrupach (wyznaczonych przy wartości wsparcia bootstrap  $\geq 50\%$ , zwyczajowo przyjętej w badaniach koni) znalazły się haplotypy charakterystyczne dla różnych szczepów, a jednocześnie haplotypy obecne u koni z tych samych szczepów grupowały się w różnych haplogrupach.

Porównanie sekwencji arabskich z sekwencjami innych ras koni potwierdziło występowanie szeregu sekwencji tożsamyh. Poza sekwencjami identycznymi, dla większości linii udało się ustalić także sekwencje podobne, z różnicami obejmującymi jeden lub dwa nukleotydy, które to różnice mogły być efektem nowych mutacji. Szczególnie znaczące jest podobieństwo pomiędzy sekwencjami arabskimi a sekwencjami znalezionymi w materiałach archeologicznych. Spośród ośmiu haplotypów stwierdzonych u 13 koni z grobowca Scytów w górach Ałtaj (Berel, Kazachstan, 3 w. pne), aż sześć sekwencji okazało się identycznych z sekwencjami znalezionymi u koni arabskich. Dotyczyło to haplotypów stwierdzonych w trzech najstarszych polskich liniach o nieznanym pochodzeniu oraz w pięciu liniach założonych przez klacze or. ar. Również wśród sekwencji znalezionych w końskich szczątkach z rejonu Chin, Irlandii i Europy występują sekwencje tożsame. Warte odnotowania jest także podobieństwo sekwencji arabskich do współczesnych sekwencji koni achatekińskich, uznawanych za jedną z najstarszych ras koni, oraz koników polskich i koni zimnokrwistych z terenu Polski i Niemiec.

Identyczne sekwencje rozpowszechnione na obu kontynentach w bardzo wczesnym okresie historii, o setki lat wyprzedzającym okres formowania się współczesnych ras koni, potwierdzają hipotezę, że już na wczesnych etapach historii konia domowego nastąpiło znaczące wymieszanie pierwotnie endemicznych sekwencji mtDNA w pasie od Chin po Zachodnią Europę i Północną Afrykę. Przyczyną tego genetycznego wymieszania mogła być intensywna wymiana handlowa

prowadzona na Jedwabnym Szlaku, jak również wędrówki ludów Wielkiego Stepu. Przemieszczenie koni z lokalnych populacji spowodowało, że obecnie nie jesteśmy w stanie precyzyjnie odtworzyć, skąd pochodzili przodkowie danej rasy, a bardziej szczegółowa interpretacja wyników takich analiz wymagałaby odniesienia się do historii populacji ludzkich. Uzyskane wyniki pozwoliły na sformułowanie generalnego wniosku, że rasa arabska powstała na bazie różnych ras i populacji koni, a idea czystości rasowej koni arabskich może być rozważana wyłącznie w kontekście zapisów rodowodowych z ostatnich dwustu lat.

\*\*\*

Badania mtDNA u psów były elementem szerszej analizy, dotyczącej zróżnicowania genetycznego w populacjach dwóch ras psów. Punktem wyjścia do badań ogarów polskich [3] były sygnały od hodowców dotyczące problemów zdrowotnych rasy. Jedną z możliwych przyczyn tego stanu rzeczy mógł być nadmierny poziom spokrewnienia tej nielicznej rodzimej rasy psów. Pierwszy etap moich badań obejmował standardową analizę rodowodową, która została opisana w artykule omówionym w drugiej części autoreferatu, a która ujawniła dramatycznie niski poziom zróżnicowania genetycznego populacji. Znaczne zubożenie puli genowej ogarów i jej nieprawidłowa struktura budzą obawy co do przyszłości rasy i szans na jej przetrwanie. W takich przypadkach zalecanym sposobem wzbogacenia puli genowej mogą być albo krzyżówki międzyrasowe albo włączanie do hodowli psów o nieznanym pochodzeniu, które fenotypowo są zgodne ze standardem rasy. U ogarów polskich na przestrzeni lat, poza psami zapisanymi w Polskiej Księdze Rodowodowej, w hodowli wykorzystywane były również psy o wyglądzie ogara, ale o nieznanym pochodzeniu, które były rejestrowane w Księdze Wstępnej (KW) na podstawie protokołu oględzin. Pochodzenie psów z KW jest niejasne, mogły to być zarówno psy rasowe hodowane bez dokumentacji związkowej jak i psy, które wśród swoich przodków miały też reprezentantów innych ras. W zależności od pochodzenia tych psów możliwe były dwa scenariusze: w pierwszym przypadku do puli genowej wprowadzane były geny już obecne w puli, natomiast w drugim przypadku do puli genowej trafiały geny, o których nie wiadomo, czy były identyczne czy też różne od genów ogarów oraz czy ich obecność w puli genowej w przyszłości przyniesie korzystne skutki czy też nie. Z uwagi na krytyczne oceny jakości psów KW ze strony kynologów, w listopadzie 2010 roku Związek Kynologiczny w Polsce podjął decyzję o zamknięciu Księgi Wstępnej. Ta decyzja skłoniła mnie do dokonania oceny znaczenia hodowlanego ogarów polskich zarejestrowanych w KW oraz do sprawdzenia ich pochodzenia przy pomocy analizy mtDNA.

Przeprowadzona analiza rodowodowa ujawniła bardzo ograniczony sukces hodowlany psów zapisanych w Księdze Wstępnej. Populacja ogarów z lat 1960-2008 wywodziła się od 21 założycieli rasy, w tym od 4 psów i 13 suk z KW. Spośród linii żeńskich dominowała linia pierwszej założycielki rasy, suk Czita. W liniach założonych przez suk z KW urodziło się zaledwie 16,5%

miotów, z których nieproporcjonalnie mało suk i psów z tych linii zostało włączonych do hodowli. Chociaż założyciele wpisani do KW stanowili 80,9% założycieli rasy, to odsetek suk hodowlanych z KW wyniósł jedynie 14,3%, a reproduktorów z KW 4,7%. Brak zainteresowania hodowców ogarami z grupy KW wpłynął na ich małe znaczenie genetyczne, które znalazło odzwierciedlenie w strukturze puli genowej populacji. Udział genów założycieli z KW w puli genowej populacji stopniowo rósł aż do okresu 1990-1994, kiedy osiągnął wartość 18,2%, po czym spadł do poziomu 12,3% w latach 2005-2008.

W świetle powyższych wyników, istotne znaczenie miała ocena przynależności rasowej założycielek wpisanych do KW, dokonana w oparciu o wyniki badań mtDNA pochodzącego od żyjących przedstawicieli sześciu linii żeńskich. W kontekście historii ogarów, starej rasy, która praktycznie wyginęła na ziemiach polskich w wyniku wojny i zmiany granic państwa, takie badania wydawały się szczególnie zasadne, ponieważ wątpliwym jest, by współcześnie możliwe było odnalezienie czystej krwi ogarów rozmnażanych poza zarejestrowanymi hodowlami. Spodziewanym wynikiem, z uwagi na różne pochodzenie założycielek, było znalezienie odrębnych sekwencji mtDNA w dwóch liniach: Czity, sprowadzonej w 1958 roku z terenów Białorusi, oraz Yumy Strapczyzny, przywiezionej z Litwy w 1990 roku. Odnośnie pozostałych czterech linii, z uwagi na brak wiedzy o pochodzeniu suk-założycielek, możliwe były dwa wyniki analizy, czyli zarówno znalezienie sekwencji tożsamy z haplotypem Czity, który można uznać za podstawowy haplotyp rasy, jak i sekwencji odmiennych. Wyniki analizy mtDNA potwierdziły wstępne hipotezy. Sekwencje w liniach Czity i Yumy, odpowiednio: PH1 i PH2, okazały nie tylko różne, ale i wykazały bardzo wysoki stopień odrębności genetycznej, lokując się w różnych haplogrupach. Co do pozostałych linii, w dwóch liniach znaleziono haplotyp PH1, a w pozostałych dwóch - nowy haplotyp PH3. Porównanie z sekwencjami innych ras psów z bazy GenBank wykazało, że dwie sekwencje, PH1 i PH3, są identyczne z sekwencjami kilku ras reprezentujących różne typy użytkowe. Dla haplotypu PH2 nie udało się znaleźć identycznych sekwencji, a najbardziej podobne, różniące się jednym nukleotydem od PH2, okazały się sekwencje występujące u myśliwskiej rasy Walker Hound i pasterskiej rasy Schipperke. Różne haplotypy mtDNA potwierdziły odrębne pochodzenie przynajmniej części psów zapisywanych do KW, które musiało skutkować wprowadzaniem nowych genów do puli genowej rasy. Następstwem większego zróżnicowania genetycznego był wzrost zróżnicowania fenotypowego w populacji potomnej, które niestety nie znalazło akceptacji u hodowców. Sytuacja, w jakiej znalazły się ogary polskie, obrazuje swoistą „pułapkę genetycznej niemożności”: rasa ma bardzo ubogą pulę genową, której nie można wzbogacić bez sięgnięcia po psy spoza tej rasy, ale ich użycie w hodowli nie spotyka się z akceptacją kynologów z uwagi na gorszą jakość ich potomstwa.

\*\*\*



Wnioski płynące z badań nad ogarami polskimi skłoniły mnie do realizacji kolejnego projektu, którego celem było ustalenie, jakie przesłanki decydują o składzie puli genowej nowo tworzonej populacji psów rasowych [4]. Obiektem badań była polska populacja hovawartów, która podobnie jak ogary polskie jest nieliczna, ale stanowi część stosunkowo dużej populacji światowej. Zasadniczym etapem badań była analiza rodowodowa, natomiast analiza mtDNA została tu wykorzystana do ustalenia pochodzenia założycielek populacji i stopnia ich spokrewnienia, a także do weryfikacji rodowodów.

W latach 1988-2008 w polskich hodowlach hovawartów urodziły się 192 mioty po 93 sukach i 113 reproduktorach. Wyjściowy materiał do hodowli stanowiły 23 importowane suki. Większość reproduktorów z 21-letniej historii populacji to psy zagranicznej hodowli (79,1%). Stałe korzystanie z zagranicznych psów korzystnie wpłynęło na poziom mierników rodowodowych. Wzrostowi ogólnej liczby założycieli towarzyszył wzrost liczby założycieli odpowiadających za  $\geq 50\%$  puli genowej, natomiast wartości współczynnika inbredu wykazywały stałą tendencją spadkową. Powyższe wyniki są oczywistą konsekwencją otwartego charakteru populacji i niemal nieograniczonych możliwości sięgnięcia po niespokrewnione reproduktory. Tym niemniej warta odnotowania jest dbałość polskich hodowców o zachowanie wysokiego poziomu zróżnicowania genetycznego populacji. Nie odnotowano w szerszej skali zjawisk, typowych dla hodowli psów, które skutkują ograniczeniem zmienności genetycznej populacji. Szczególną uwagę zwraca niska średnia liczba miotów przypadająca na jednego ojca i duży odsetek ojców tylko z jednym miotem (76,5%). Hodowcy bardzo chętnie sięgali po nowe reproduktory, w wyniku czego stosunek liczby matek do ojców miotów wyniósł 0,8:1. Jest to jeden z ciekawszych wyników, ponieważ generalnie u psów z uwagi na tzw. „efekt popularnego reproduktora” liczba suk użytych w hodowli jest większa od liczby samców, jak choćby u ogarów polskich, u których ta proporcja wyniosła 1,6:1, czy w rasach badanych przez Leroy’a i Baumung (*Animal Genetics* 2011) (proporcje od 1,1:1 do 2,3:1). Z pozytywów polityki hodowlanej należy odnotować także unikanie kojarzenia w pokrewieństwie. Takie podejście nie jest typowe dla hodowli psów. Według Leroy’a et al. (*Revue Méd. Vét.* 2007) 24% francuskich hodowców deklaruje stosowanie chowu wsobnego i zapewne podobne tendencje można odnaleźć w hodowli większości ras psów.

Drugi etap badań dotyczył zróżnicowania mtDNA w populacji. Analiza mtDNA u potomków 23 suk-założycielek polskiej populacji ujawniła dwa haplotypy mtDNA, odpowiednio Ho1 i Ho 2, różniące się 18 nukleotydami i należące do odrębnych haplogrup. Porównanie z wybranymi sekwencjami mtDNA psów z bazy GenBank wykazało, że haplotyp Ho1 jest identyczny z haplotypami szeregu ras psów reprezentujących różne typy użytkowe, natomiast haplotyp Ho2 został odnaleziony jak dotąd jedynie u psów rasy labrador retriever. Uzyskane wyniki potwierdziły opinię, że współczesne rasy zwierząt domowych pochodzą od różnych, genetycznie odległych przodków.

Istotnym wnioskiem płynącym z przeprowadzonej analizy mtDNA było stwierdzenie zgodności danych rodowodowych z danymi molekularnymi, co jest interesującą obserwacją zważywszy na fakt, że z reguły w podobnych badaniach u koni są wykrywane błędy zapisów rodowodowych.

\*\*\*

Ostatnia publikacja z prezentowanego cyklu stanowi podsumowanie moich doświadczeń płynących z analiz rodowodowych populacji psów i koni. W dotychczas omówionych projektach analiza mtDNA pełniła rolę pomocniczego narzędzia, użytego do wyjaśnienia zagadnień wykraczających poza zakres informacji rodowodowej. Możliwa jest jednak sytuacja odwrotna, gdy dane rodowodowe są źródłem dodatkowej wiedzy w sytuacji, gdy wiedza taka nie jest osiągalna dla badacza dysponującego wyłącznie wynikami analizy laboratoryjnej mtDNA. W publikacji [5] omówione zostały trzy przykłady takiego zastosowania analizy rodowodowej.

Pierwszy przykład dotyczył wykorzystania analizy rodowodowej do wykrywania wszystkich nosicieli potencjalnie różnych sekwencji mtDNA. Realistycznie rzecz biorąc, wyszukanie wszystkich haplotypów mtDNA obecnych w populacji zwierząt o nieznanym pochodzeniu wymaga przebadania całej populacji. Przy znanym pochodzeniu zwierząt i przy założeniu, że rodowody są wiarygodne, a mutacje występują na tyle rzadko, że można je pominąć w rozważaniach, liczbę badanych osobników można ograniczyć wyłącznie do reprezentantów poszczególnych linii żeńskich, które potencjalnie posiadają różne haplotypy mtDNA. Przykładowo, próbki pobrane od 11 ogarów i 23 hovawartów pozwoliły na ustalenie sekwencji mtDNA występujących w całej populacji, a próbki od zaledwie 44 koni arabskich pozwoliły na ustalenie sekwencji mtDNA występujących u 98,4% klaczy stadnych.

Drugi przykład dotyczył oceny zmian frekwencji haplotypów mtDNA w populacji. Z oczywistych powodów analiza laboratoryjna nie pozwala na określenie częstości haplotypów na przestrzeni lat. Poznanie historii haplotypów jest jednak możliwe, jeżeli frekwencje haplotypów obliczymy drogą pośrednią, poprzez ustalenie liczby reprezentantów poszczególnych linii żeńskich. Wykresy zamieszczone w artykule ukazują zmiany frekwencji haplotypów ogarów polskich i koni arabskich na przestrzeni lat. Zwracają uwagę duże różnice we frekwencji poszczególnych haplotypów w dłuższej perspektywie czasowej. Kolejną interesującą obserwacją było ukazanie dużej stabilności co do liczby haplotypów w populacji koni arabskich oraz utraty haplotypów przenoszonych przez wygasłe linie żeńskie u ogarów, z czego można wnosić, iż liczba haplotypów obserwowanych we współczesnych populacjach zwierząt domowych wynika nie tylko z historii ich powstania, ale i z tego, czy hodowcy dbają o kontynuację linii, jak u koni arabskich, czy też nie.

Trzecim zagadnieniem związanym z badaniami mtDNA jest pytanie o zakres wiedzy, jaką przynoszą te badania. Laboratoryjna analiza mtDNA współczesnej populacji nie dostarcza informacji na temat sekwencji posiadanych przez założycielki wygasłych linii żeńskich oraz przez męskich

założycieli populacji. Rodzi to istotne pytanie, jaki procent źródeł puli genowej danej populacji jest definiowany poprzez analizę mtDNA występującego w populacji. Jest to szczególnie istotne w badaniach filogenetycznych, gdzie interesuje nas pochodzenie całej puli genowej, a nie tylko jej fragmentu, obserwowanego poprzez analizę mtDNA. Oszacowanie tego na drodze laboratoryjnej jest niemożliwe, jest to jednak możliwe przy pomocy analizy udziałów założycieli w puli genowej populacji. Spośród trzech analizowanych ras, niskie udziały założycielek o znanym mtDNA odnotowano w przypadku dwóch hodowli o stałym dopływie osobników z zewnątrz, czyli u koni arabskich (z maksimum udziałów ok. 10% puli genowej) i u hovawartów (do 26%), natomiast wyższe udziały, ok. 40%, odnotowano w zamkniętej populacji ogarów polskich. Powyższe liczby wskazują na możliwe źródło rozbieżności w wynikach badań filogenetycznych w zależności od tego, jaki marker genetyczny, mitochondrialny lub jądrowy, został użyty w badaniach. Wyniki obu estymacji zależą zapewne także od historii danej populacji, np. lokalne lub obce pochodzenie samców- w pierwszym przypadku oczekiwać można relatywnie dużej zgodności wyników, w drugim natomiast spodziewać się można wystąpienia różnic pomiędzy wynikami obu analiz.

#### Podsumowanie

Przedstawione w cyklu publikacje spotkały się z dużym zainteresowaniem środowiska naukowego na całym świecie. Miarą ich pozytywnego odbioru były liczne prośby o przesłanie kopii artykułów oraz cytowania w artykułach publikowanych w istotnych czasopismach genetycznych, takich jak *Animal Genetics*, *BMC Genetics*, *Journal of Heredity* i *PNAS*. Prezentowane publikacje okazały się ważnym głosem także w dyskusjach toczonych wśród hodowców badanych ras zwierząt. Szczególnie istotne było zainteresowanie moją pracą ze strony hodowców koni arabskich oraz Sekretarza Światowej Organizacji Konia Arabskiego (WAHO), a także miłośników koni arabskich skupionych na międzynarodowych forach internetowych. Również artykuły o psach spotkały się z pozytywnym odbiorem ze strony środowiska kynologicznego. Odnotować też trzeba, że sekwencje polskich koni arabskich, uzyskane w ramach prezentowanych badań, zostały wykorzystane również przez innych naukowców w analizach, których wyniki zostały opublikowane w prestiżowych czasopismach *PNAS* (Orlando et al., 2009; Achilli et al. 2012) i *Plos One* (Cieslak et al. 2010).

#### 6. Omówienie pozostałych osiągnięć naukowo – badawczych

Początek moich zainteresowań genetyką populacji i analizami rodowodowymi, których ukoronowaniem są publikacje omówione powyżej, datuje się na czasy licealne i mój udział w Olimpiadzie Biologicznej, okres studiów na Wydziale Zootechnicznym Akademii Rolniczo-Technicznej w Olsztynie oraz czas pracy na stanowisku asystenta w Zakładzie Genetyki Zwierząt ART w Olsztynie. Od powrotu do Trójmiasta w 1982 roku, pracowałam w różnych instytucjach

nienaukowych z zakresu szkolnictwa średniego, medycyny i weterynarii oraz doradztwa rolniczego. Praca w pracowniach diagnostycznych pozwoliła mi na zdobycie dużego doświadczenia w zakresie analiz laboratoryjnych, a dogłębne poznanie specyfiki hodowli zwierząt domowych podczas pracy w doradztwie rolniczym zwróciło moją uwagę na decydujący wpływ człowieka i jego decyzji na skład puli genowej hodowanej populacji. Doświadczenia zdobyte w tym okresie zaważyły na moich zainteresowaniach i wyborach naukowych.

W pierwszych latach pracy w Katedrze Genetyki Uniwersytetu Gdańskiego zajmowałam się wykonywaniem laboratoryjnej części badań w projektach realizowanych w Katedrze, które dotyczyły polimorfizmu markerów genetycznych u skorupiaków wodnych. W przypadku czterech projektów mój udział w badaniach został odnotowany poprzez współautorstwo publikacji szerzej omówionych w dalszej części autoreferatu. W 2002 roku ten etap mojej aktywności zawodowej został zakończony z przyczyn zdrowotnych; w następnych latach moje zainteresowania naukowe koncentrowały się wokół zagadnień związanych z analizą rodowodową. W 1997 roku podjęłam decyzję o rozpoczęciu doktoratu w tym zakresie i z końmi arabskimi jako modelowym obiektem badań. Badania dotyczyły analizy udziałów założycieli w rodowodach, nowego kierunku badawczego, który został zapoczątkowany przez naukowców zajmujących się gatunkami dzikich zwierząt utrzymywanych w hodowli zachowawczej. Pracę doktorską obroniłam w lutym 2002 roku, a jej publikacyjnym efektem były dwa artykuły opisujące wstępne i końcowe wyniki badań:

- **Głażewska I.** 2000. The founder contribution analysis in currently living Polish Arabian brood mares. *Animal Science Papers and Reports* 18, 19-31
- **Głażewska I., Jezierski T.** 2004. Pedigree analysis of Polish Arabian horses based on founder contributions. *Livestock Production Science* 90, 293-298 (IF=1,363)

Przeprowadzona analiza prezentowała nowe spojrzenie na polską populację koni arabskich, hodowanych w stadninach państwowych w latach 1948-1997. Baza danych rodowodowych, która była podstawą obliczeń, sięgała 1793 roku, w którym zakupiono pierwszego znanego z imienia przodka współczesnej populacji. Pierwszymi przodkami powojennych polskich arabsów, definiowanymi w analizach rodowodowych jako założyciele populacji, było 213 koni o znacząco różnych udziałach w puli genowej współczesnej populacji (od <0,005% do 7,96%). Niemal zamknięty charakter populacji przyczynił się do stałego wzrostu poziomu spokrewnienia i zimbredowania populacji, któremu towarzyszył rosnący odsetek założycieli obecnych we wszystkich rodowodach (od 0% do 38,4%).

Z uwagi na istotne znaczenie polskich koni arabskich w światowej hodowli koni tej rasy oraz nowatorski charakter badań, wyniki mojej pracy zostały zauważone w zagranicznych ośrodkach badawczych, czego dowodem są cytowania drugiego z wymienionych artykułów w publikacjach z całego świata.

Kolejne trzy pozycje mojego dorobku publikacyjnego dotyczyły badań nad inbredem u koni arabskich:

- **Głażewska I.** 2004. Mating and selection in national Arabian horse breeding: inbreeding coefficients analysis. *Electronic Journal of Polish Agricultural Universities, volume 7, issue 1, ser. Animal Husbandry*
- **Głażewska I., Gralak B., Niemczewski C.** 2004. Is inbreeding coefficient a credible measure of autozygosity in Polish Arabian horses? *Animal Science Papers and Reports* 22 (4), 621-629
- **Głażewska I., Gralak B.** 2006. Balancing selection in Polish Arabian horses. *Livestock Science* 105, 1-3, 272-276 (IF=1.131)

Pierwsza publikacja dotyczyła oceny decyzji hodowców koni arabskich w zakresie kojarzeń i selekcji, obserwowanych poprzez analizę współczynników inbredu. Warte odnotowania obserwacja dotyczyła unikania kojarzeń krewniaczych przez hodowców, co skutkowało niższym poziomem inbredu niż mógłby wystąpić przy kojarzeniach losowych. Analiza wykazała ponadto, że ogiery czołowe charakteryzowały się znacząco niższymi wartościami współczynnika inbredu niż ogiery niezakwalifikowane do hodowli. Ponieważ hodowcy deklarowali, że podejmując decyzje o włączeniu koni do stada hodowlanego nie kierowali się wartościami współczynnika inbredu poszczególnych osobników, może to oznaczać, że niezależnie od wiedzy i woli hodowców w populacji miała miejsce selekcja sprzyjająca osobnikom o wyższym poziomie heterozygotyczności.

Tematem drugiej publikacji była ocena heterozygotyczności markerów genetycznych wybranej grupy koni arabskich, przeprowadzona metodą bezpośrednią na podstawie liczby heterozygotycznych loci u potomków, jak i pośrednio, z wykorzystaniem wskaźnika podobieństwa SIM2 opartego na genotypach rodziców. Wyniki okazały się frapujące: stwierdzona została statystycznie istotna korelacja pomiędzy heterozygotycznością rodziców i potomków, natomiast analiza nie potwierdziła spodziewanej ujemnej korelacji pomiędzy poziomem inbredu potomków a heterozygotycznością markerów genetycznych. Uzyskane wyniki doprowadziły do generalnej konkluzji, że wartości współczynników inbredu nie odzwierciedlają rzeczywistego poziomu heterozygotyczności potomków, co może sugerować, że w przypadku badanej populacji współczynnik inbredu nie jest wiarygodną miarą autozygotyczności osobników.

Tematem trzeciej publikacji była ocena procesu włączania klaczy hodowlanych do stada. W analizie oceniona została heterozygotyczność markerów genetycznych u klaczy hodowlanych i niehodowlanych z czterech stadnin państwowych. W trzech z czterech stadnin klacze hodowlane wykazywały wyższy poziom heterozygotyczności niż klacze niehodowlane z tego samego rocznika, ponadto podobna tendencja wystąpiła wśród hodowlanych i niehodowlanych córek dwunastu spośród osiemnastu najważniejszych ojców. Co więcej, również w poszczególnych przedziałach

inbrodu klacze hodowlane charakteryzowały się większą heterozygotycznością niż klacze niehodowlane. Uzyskane wyniki potwierdziły wcześniejsze przypuszczenia o występowaniu selekcji stabilizującej sprzyjającej heterozygotom. Taka niezależna od wiedzy hodowców selekcja mogła wynikać z kryteriów kwalifikacji koni arabskich do stada hodowlanego, które dotyczyły urody, zdrowia i dzielności wyścigowej, a więc cech, które uważa się za zależne od heterozygotyczności osobników. Z uwagi na stabilną politykę hodowlaną na przestrzeni lat można założyć, że selekcja stabilizująca oddziaływała w długiej perspektywie czasowej, a zatem mogła doprowadzić do rozbieżności pomiędzy rzeczywistym i szacowanym na podstawie rodowodów poziomem homozygotyczności populacji.

Bardzo istotną pozycję w moim dorobku naukowym stanowi pierwsza publikacja kynologiczna, opisująca wyniki analizy rodowodowej u ogarów polskich:

- **Głazewska I.** 2008. Genetic diversity in Polish hounds estimated by pedigree analysis *Livestock Science* 2-3, 296-301 (IF=1,091)

W analizie ogarów polskich, rodzimej rasy psów myśliwskich, uwzględnione zostały informacje rodowodowe z lat 1960-2004, dotyczące 247 miotów urodzonych w 147 hodowlach i pochodzących po 88 ojcach i 141 matkach. Pierwszymi założycielami powojennej populacji były dwa psy i dwie suki, w następnych latach do hodowli wprowadzono jeszcze 3 psy i 12 suk o nieznanym pochodzeniu, zarejestrowanych w Księdze Wstępnej. Analiza udziałów genów 19 założycieli rasy w puli genowej populacji wykazała silne dysproporcje i dominującą pozycję zaledwie dwóch założycieli rasy, których łączne udziały w puli wahały się w zakresie od 61,43% do 78,58%. Konsekwencją zbyt małej liczby założycieli rasy i silnej dysproporcji odnośnie ich genetycznego znaczenia był stały wzrost poziomu zimbredowania populacji liczonego na podstawie pełnej informacji rodowodowej, który w latach 2000-2004 osiągnął poziom 37%.

Z uwagi na nowatorstwo tematu i wagę poruszanych problemów artykuł został zauważony na świecie, czego dowodem są liczne cytowania oraz jego odnotowanie w głośnym raporcie Royal Society for the Prevention of Cruelty to Animals (RSPCA): „*Pedigree dog breeding in the UK: a major welfare concern?*” (2008), dotyczącym hodowli i dobrostanu psów, a także w raporcie „*The welfare of pedigree dogs*” (2009) umieszczonym na portalu weterynaryjnym Uniwersytetu w Sydney. Artykuł został przyjęty z dużym zainteresowaniem także przez polskie środowisko związane z hodowlą ogarów, na prośbę którego opublikowałam w internecie jego popularnonaukową wersję.

Specjalne miejsce na liście moich dokonań publikacyjnych zajmuje „*Księga hodowlana hovawartów. Baza danych rodowodowych 1988-2004*”, wydana staraniem Klubu Hovawarta w 2006 roku. Opracowanie liczy 140 stron i zawiera podstawowe informacje rodowodowe z pierwszych lat hodowli hovawartów w Polsce, ujęte w formie wykazu miotów uszeregowanych według dat urodzenia, ojców i hodowli. „*Księga*” zawiera także rodowody psów importowanych oraz

zagranicznych reproduktorów wraz z indeksem nazw psów w nich występujących. „Księga hodowlana hovawartów”, która jest opracowaniem unikatowym w skali naszego kynologii, została bardzo dobrze przyjęta zarówno przez hodowców polskich, jak i hodowców skupionych w krajowych organizacjach należących do *International Hovawart Federation* (IHF), w tym przez władze niemieckiej *Rassezuchtverein für Hovawart-Hunde*. „Księga” stała się też jednym z argumentów, uwzględnionych podczas przyjmowania polskiego Klubu Hovawarta do IHF.

Odrębnym rozdziałem mojej aktywności naukowej stanowi udział w badaniach polimorfizmu markerów białkowych realizowanych w macierzystej Katedrze Genetyki, którego efektem są cztery publikacje:

- Sywula T., **Głażewska I.**, Koszteyn J. Kwaśniewski S., Sell J. 1993. An analysis of the population structure of *Calanus cf. finmarchicus* (Copepoda) from the Hornsund Fiord Region, Spitsbergen. *Variability and Evolution*, 2/3, 113-119.
- Sywula T., **Głażewska I.**, Whatley R. C., Moguilevsky A. 1995. Genetic differentiation in the brackish-water ostracod *Cyprideis torosa* (Jones). *Marine Biology*, 121, 647-653. (IF=1,288)
- Sywula T., Waife G., Sell J., **Głażewska I.** 2002. Genetic subdivision of the upwelling copepod *Calanoides carinatus* (Krøyer, 1849) off the continental shelf of Ghana. *Journal of Plankton Research*, 24, 5, 523-525 (IF=1,444)
- Chibani M., **Głażewska I.**, Rokicki J. 2004. The use of isozymes to identify specimens of *Pomphorhynchus* (Acanthocephala) in flounder, *Platichthys flesus* from the Baltic Sea. *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom*, 84, 277 – 279 (IF=0,781)

Pierwsza publikacja z tego cyklu prezentowała wyniki badań wykonanych podczas naszej wyprawy na Spitsbergen i dotyczyła polimorfizmu genetycznego lokalnych populacji skorupiaków z rodzaju *Calanus*. Analiza markerów została wykonana poprzez elektroforezę na octanie celulozy. Była to nowa metoda, która została wybrana do naszych badań z uwagi na jej szybkość i małą ilość materiału biologicznego potrzebną do analizy. Do moich obowiązków należało wdrożenie metody z uwzględnieniem warunków naszego laboratorium, a następnie każdorazowo dostosowanie jej do specyfiki kolejnych badanych gatunków. Mój udział w wymienionym projekcie oraz projektach następnych polegał na wykonaniu badań laboratoryjnych oraz na statystycznej analizie otrzymanych wyników.

Kolejny projekt dotyczył analizy populacji małżoraczków z gatunku *Cyprideis torosa* ze słodkowodnych stanowisk w Anglii, Holandii i w Polsce. Były to jedne z pierwszych badań małżoraczków wykonanych metodami elektroforetycznymi, stąd też wzbudziły zainteresowanie u naukowców z tej dziedziny, skutkujące cytowaniami odnotowanymi przez bazy WoS i Scopus.

Trzecia publikacja dotyczyła badań nad widłonogami z gatunku *Calanoides carinatus* zamieszkującymi wody morskie Ghany, a ostatnia z wymienionych prac- gatunkowej identyfikacji pasożytów fląder z Bałtyku. W tym przypadku mój udział w publikacji obejmował także współautorstwo artykułu.

Na liście publikacji są również cztery artykuły naukowe w języku polskim z zakresu analizy rodowodowej i mtDNA. Odrębną pozycją stanowią sekwencje mtDNA opublikowane w bazie GenBank. Jest to 14 sekwencji mtDNA koni arabskich i 5 sekwencji psów, które zostały przebadane w ramach projektów opisanych w publikacjach [1, 3, 4]. Ostatnim przejawem mojej aktywności naukowej była prezentacja wstępnych lub końcowych wyników badań na polskich i międzynarodowych konferencjach naukowych. Obejmowała ona cztery referaty wygłoszone na konferencjach ogólnopolskich oraz 11 prezentacji plakatowych.

Odnotowanie mojej naukowej aktywności w wąskiej dziedzinie badań rodowodowych i badań mtDNA u zwierząt domowych zaowocowało prośbami ze strony redakcji siedmiu zagranicznych i polskich czasopism o wykonanie recenzji artykułów dotyczących badań koni i psów oraz innych gatunków zwierząt. Jak dotąd mój dorobek w tej dziedzinie obejmuje trzynaście wykonanych recenzji.

Zainteresowanie wynikami moich badań naukowych ze strony osób związanych z hodowlą badanych ras zwierząt skłoniło mnie do regularnej prezentacji wyników badań także w postaci artykułów popularnonaukowych. Pierwszymi tekstami były artykuły opublikowane na łamach miesięcznika "Koń Polski" w latach 2002-2004. W następnych latach, w biuletynach Klubu Ogara Polskiego i Gończego Polskiego oraz Klubu Hovawarta zostały opublikowane teksty dotyczące psów, które doczekały się również wersji elektronicznej na stronie Klubu Hovawarta i na portalu *rasypolskie.com*. W związku z zamknięciem wymienionych stron internetowych, zdecydowałam się na stworzenie własnej ogólnodostępnej platformy do prezentacji popularnonaukowych i naukowych tekstów kynologicznych, dedykowanej właścicielom i hodowcom badanych ras psów. Strona "Projekt Sicz Orłowska" ([www.siczorlowska.republika.pl](http://www.siczorlowska.republika.pl)) zadebiutowała w sieci jesienią 2013 roku; obecnie są na niej dostępne pliki z dziewięcioma artykułami oraz odnośniki do dwóch artykułów naukowych dostępnych w systemie Open Access, a także bazy danych rodowodowych ogarów polskich i hovawartów opublikowane w postaci sześciu zestawień. W tym nurcie działalności popularyzatorskiej mieści się także mój udział w cyklu wykładów prowadzonych przez pracowników Wydziału Biologii UG dla uczniów szkół licealnych pt. „Zaproś naukowca do szkoły”, w ramach którego prezentuję wykład dotyczący rodowodów i sposobów ich weryfikacji, oraz udział w kolejnych edycjach Bałtyckiego Festiwalu Nauki.



Podsumowanie dorobku naukowego i popularnonaukowego:

**Dorobek naukowy i popularnonaukowy po uzyskaniu stopnia doktora (2002-2014):**

- 5 artykułów z listy JCR w cyklu stanowiącym „znaczące osiągnięcie” (IF=6,999; 150 pkt. MNiSW wg listy 2013)
- 10 artykułów, w tym sześć w czasopismach z listy JCR (IF=5,81; 184 pkt. MNiSW wg listy 2013)
- 1 publikacja książkowa
- 14 sekwencji mtDNA koni arabskich i 5 sekwencji mtDNA psów zdeponowanych w bazie GenBank (NCBI)
- publikacja baz danych- sześć zestawień danych rodowodowych dwóch ras psów opublikowanych w internecie
- 3 referaty wygłoszone na konferencjach ogólnopolskich
- 10 doniesień plakatowych, w tym pięć prezentowanych na konferencjach międzynarodowych
- 16 tekstów popularnonaukowych
- 13 recenzji dla zagranicznych i polskich czasopism, w tym 12 recenzji dla czasopism z listy JCR

**Dorobek naukowy i popularnonaukowy przed uzyskaniem stopnia doktora:**

- 4 artykuły naukowe, w tym dwa w czasopismach z listy JCR (IF=1,288; 71 pkt. MNiSW wg listy 2013)
- 1 referat wygłoszony na konferencji ogólnopolskiej;
- 1 doniesienie plakatowe prezentowane na konferencji ogólnopolskiej

*Janina Głuchwa*