

Olsztyn, 06. 05. 2026

prof. dr hab. Tomasz Stenzel
Katedra Chorób Ptaków
Wydział Medycyny Weterynaryjnej
Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

Ocena rozprawy doktorskiej lek. wet. Kamili Natalii Dziadek

pt. „Zmienność genetyczna wirusa grypy ptaków u różnych gatunków drobiu”

wykonanej w Państwowym Instytucie Weterynaryjnym–Państwowym Instytucie Badawczym
w Puławach

pod nadzorem merytorycznym dr hab. Krzysztofa Śmietanki, profesora instytutu (promotora)
oraz dr Edyty Świętoń (promotora pomocniczego)

Podstawę formalną recenzji stanowi pismo z dnia 20 lutego 2026 r. zgodne z uchwałą Rady Naukowej PIWet-PIB w Puławach Nr 19/PIWet-PIB/2026, podjętą w dniu 04 lutego 2026 r. oraz Ustawa z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (tj. Dz. U. z 2024 poz. 1571).

1. Wstęp i ocena merytoryczna wybranego tematu

Wysoce zjadliwa grypa ptaków (HPAI) stanowi jeden z najważniejszych problemów zdrowotnych drobiu o etiologii zakaźnej. Z występowaniem HPAI u drobiu wiążą się olbrzymie straty ekonomiczne, wynikające nie tylko z kosztów samej eradykacji, ale pośrednio również z problemów w eksporcie produktów pochodzenia drobiowego oraz okresowych fluktuacji cen rynkowych. Sytuacja epizootyczna w ciągu 20 lat od chwili pierwszego stwierdzenia w Polsce HPAI jednoznacznie pokazuje, że podstawy kontroli choroby, jakimi są bioasekuracja oraz eradykacja, nie przynoszą pozytywnych efektów. W związku z dużą zakaźnością wirusa grypy ptaków (AIV), rolą ptaków wolnożyjących jako jego rezerwuaru oraz szybkim tempem

ewolucji wirusa, wszelkie badania nad tym czynnikiem chorobotwórczym są bardzo istotne nie tylko z poznawczego, ale i z praktycznego punktu widzenia. Fakt, że AIV jest również czynnikiem zoonotycznym, potęguje znaczenie praktyczne badań nad tym zarazkiem. Tym samym przedstawiona mi do oceny rozprawa doktorska podejmuje temat aktualny naukowo, a zastosowane metody badawcze, m. in. sekwencjonowanie wysokoprzepustowe i analizy bioinformatyczne, wpisują się w trendy panujące w naukach biologicznych i weterynaryjnych.

Podjęcie badań nad zmiennością genetyczną wirusa grypy ptaków, ze szczególnym uwzględnieniem jej dynamiki w trakcie replikacji w organizmie różnych gatunków gospodarza, należy uznać za w pełni uzasadnione. Wirusy grypy atakują ptaki z różnych grup taksonomicznych, przy czym przebieg zakażenia u wybranych z nich może się różnić w zależności od adaptacji wirusa do organizmu gospodarza. Ważna dla potencjału adaptacyjnego jest zmienność genetyczna wirusa wynikająca m. in. z budowy jego genomu (RNA-wirus) sprzyjającej powstawaniu błędów replikacji wynikających z pozbawionych mechanizmów naprawczych działania polimerazy RNA. Z kolei segmentacja genomu oraz występowanie wirusów AI w populacjach jego naturalnego rezerwuaru sprzyjają zjawisku reasortacji. Możliwe są także rekombinacje genetyczne.

Praca doktorska lek. wet. Kamili Dziadek porusza zagadnienia związane z mechanizmami zmienności genetycznej wirusa grypy ptaków, wykraczając jednocześnie daleko poza standardowe dla nauk weterynaryjnych metody sekwencjonowania pierwszej generacji oraz podstawowe analizy bioinformatyczne. Praca opiera się na analizie danych genomowych AIV izolowanych z przypadków grypy ptaków u drobiu oraz w trakcie monitoringu zakażeń wirusem grypy u ptaków wolnożyjących, a także na przeprowadzonym w warunkach kontrolowanych eksperymencie, co znacząco zwiększa jej wartość poznawczą. Podsumowując, ze względu na aktualność podjętej tematyki oceniam ją bardzo wysoko.

2. Ocena manuskryptu stanowiącego rozprawę doktorską

Przedstawiona mi do oceny rozprawa doktorska ma nieco nietypowy układ, bowiem stanowi swoistą hybrydę publikacji oraz monografii. W ramach niniejszej oceny traktuję ją jednak jako monografię, a wykorzystany do jej napisania artykuł naukowy opublikowany w *Transboundary and Emerging Diseases* traktuję jako bardzo dobrej jakości załącznik. Nadmieniam, że załączona publikacja posiada wysoką wartość merytoryczną, o czym świadczą nie tylko parametry pisma (IF: 3,0; MNiSW: 200 pkt), w którym się ukazała, ale również

cytowania, których na dzień redagowania niniejszej recenzji jest pięć. Udział Doktorantki we wspomnianej publikacji został jasno określony i jest znaczący.

Rozprawa doktorska zawiera się łącznie na aż 177 stronach, wliczając piśmiennictwo, a jej obszerność miejscami może komplikować odbiór, w szczególności najważniejszych wyników. Oceniana rozprawa posiada układ typowy dla tego rodzaju opracowań składający się z następujących rozdziałów: wstęp, cele badawcze i hipotezy, materiał i metody, wyniki, dyskusja oraz wnioski. Układ pracy jest logiczny i przejrzysty, a poszczególne rozdziały są spójne tematycznie. Przejrzystości dodaje również znajdujący się na jej początku wykaz skrótów używanych w dalszych rozdziałach opracowania. Pracę wzbogacają liczne, starannie przygotowane ryciny (26) oraz tabele (28) ułatwiające analizę metodologii zastosowanej w badaniach oraz uzyskanych wyników.

2.1. Ocena wstępu pracy

Pierwszy z analizowanych rozdziałów – „Wstęp” – jest zwięźle napisany i stanowi swego rodzaju kompendium wiedzy dotyczącej problematyki badawczej. Doktorantka opisuje biologię wirusa grypy, mechanizmy jego zmienności genetycznej, epidemiologię, mechanizmy patogenności oraz znaczenie ekonomiczne i rolę tego zarazka jako czynnika zoonotycznego. W rozdziale tym Badaczka wykazała się bardzo dobrą znajomością literatury oraz umiejętnością klarownego przedstawiania skomplikowanych zagadnień związanych ze zmiennością genetyczną wirusa grypy. Dobrze scharakteryzowana jest też epidemiologia zakażeń AIV w Polsce na przestrzeni ostatnich 20 lat. Wzbogaceniem merytorycznym tego rozdziału jest również wprowadzenie określenia quasi-gatunków i ich scharakteryzowanie. Rozdział „Wstęp” urozmaicają autorsko przygotowane ryciny, co podkreśla sumienność Doktorantki. Przykładem tego jest ryc. 2 przedstawiająca schematyczną budowę wirusa – pomimo dostępności wielu grafik przedstawiających wirusa grypy, lek. wet. Kamila Dziadek postanowiła wyedytować własną, co bardzo doceniam.

2.2. Ocena celu i hipotez badawczych

Hipotezy badawcze są przedstawione poprawnie i obejmują zagadnienia związane z szeroko pojętą zmiennością genetyczną AIV izolowanych od ptaków wolnożyjących i drobiu oraz ocenę dynamiki zmienności genetycznej LPAIV „typu dzikiego” w przypadku zakażenia

eksperymentalnego różnych gatunków drobiu. Każdej z hipotez badawczych towarzyszą jasno i logicznie sformułowane cele badawcze, jakimi są pogłębiona analiza filogenetyczna wirusów AI u ptaków dzikich i drobiu w Polsce, obejmująca molekularne mechanizmy ewolucji wirusa i próbę identyfikacji markerów genetycznych (zadanie 1) oraz ocena patogenności, poziomu siewstwa, różnorodności genetycznej oraz selekcji wariantów zmieniających właściwości biologiczne wirusa w przypadku eksperymentalnego zakażenia LPAIV typu dzikiego (zadanie 2). Wymienione wyżej cele są spójne i ambitne, ponieważ wykraczają nieco dalej niż stosowane zazwyczaj w dyscyplinie weterynaria badania molekularne i analizy bioinformatyczne.

2.3. Ocena materiału i metod

Badania Doktorantki składają się z dwóch etapów. Pierwszym jest analiza wirusów z terenowych przypadków zakażeń drobiu i ptaków wolnożyjących. W celu zweryfikowania hipotez badawczych zadania pierwszego lek. wet. Kamila Dziadek przeprowadziła rozszerzoną analizę filogenetyczną wirusów AI izolowanych od ptaków na terenie Polski w latach 2018–2022. W tym przypadku Naukowczyni postępowała zgodnie z wytycznymi WOAH oraz procedurami wewnętrznymi Zakładu Chorób Drobiu PIWet-PIB w Puławach. Wobec tego nie wnoszę do tego elementu metodyki zastrzeżeń. Zaplanowane do przeprowadzenia analizy bioinformatyczne należy uznać za prawidłowe. Słabą stroną tego etapu badań jest nieproporcjonalna liczba szczepów HPAIV i LPAIV użytych do analiz, jednak mam świadomość, że Doktorantka nie miała żadnego wpływu na taki stan.

Drugi etap badań Doktorantki polegający na zakażeniu eksperymentalnym tzw. „dzikim” szczepem LPAIV czterech gatunków drobiu (kura domowa, indyk zwyczajny, przepiórka japońska, kaczka domowa Pekin) został przeprowadzony w wiwariach eksperymentalnych PIWet-PIB w Puławach. Zastosowany model eksperymentalny ma charakter uproszczony, ponieważ Doktorantka stosuje tylko jedną drogę zakażenia oraz jedną dawkę *inoculum*. Rozumiem jednak, że w trosce o uniknięcie wykorzystania nadmierowej liczby zwierząt do doświadczenia oraz zapobiegnięcie multiplikacji kosztów zapadła decyzja o takim właśnie układzie eksperymentalnym. Tym samym mam jednak pytanie, co było podstawą wyboru drogi podania i dawki *inoculum*, terminów pobierania próbek oraz czasu trwania eksperymentu?

W omawianym etapie badań lek. wet. Kamila Dziadek dołożyła wszelkich starań, by w pełni zweryfikować założone hipotezy. Wobec powyższego model eksperymentalny

wzbogaciła o metody sekwencjonowania wysokoprzepustowego (HTS) oraz analizę filogenetyczną wariantów powstałych w trakcie zarówno przygotowywania *inoculum*, jak i po zakażeniu eksperymentalnym u różnych gatunków drobiu i w dwóch układach organizmu (p. pokarmowy, ukł. oddechowy). Analiza wariantów wymagała od Doktorantki zaangażowania dodatkowych metod statystycznych, co również oceniam pozytywnie. Na szczególną uwagę zasługuje podjęcie przez Badaczkę próby prześledzenia bardzo ciekawego zjawiska, mianowicie określenia zróżnicowania genetycznego wirusów w organizmie jednego żywiciela (na poziomie osobnika) oraz analizy porównawczej pomiędzy replikacją wirusa/obecnością jego materiału genetycznego i różnych wariantów wirusowych w układzie oddechowym i pokarmowym poszczególnych gatunków żywicieli. Określenie wariantów wirusowych jest bardzo ciekawym elementem pracy i wymagającym od Doktorantki dużej liczby analiz. Zastanawia mnie jednak, w jaki sposób warianty, szczególnie mniejszościowe, były rozpoznawane jako rzeczywiste warianty wirusa, a nie błędy sekwencjonowania? Proszę zatem lek. wet. Kamilę Dziadek o wyjaśnienie tej kwestii.

Jeśli chodzi o sam model doświadczalny, moim jedynym zastrzeżeniem jest pobieranie próbek w trzech terminach. Moim zdaniem, w przypadku eksperymentu prowadzonego w bardzo krótkim czasie (7 dni od zakażenia) należałoby pobierać próbki od badanych ptaków każdego dnia jego trwania. Powyższe zdecydowanie mogłoby mieć wpływ na uzyskanie pełnych danych dotyczących siewstwa wirusa z badanych układów organizmu. Wyjaśnienie tej kwestii znajduje się jednak już w rozdziale „Dyskusja” (str. 138), w którym Doktorantka tłumaczy taki układ eksperymentalny próbą ograniczenia zarówno cierpienia zwierząt, jak i kosztów ponoszonych na badania. Chęć ograniczenia cierpienia zwierząt kosztem jakości uzyskanych wyników świadczy o dużej empatii Badaczki, która chce osiągnąć założone cele przy zminimalizowanym użyciu zwierząt doświadczalnych. Bardzo dobre wrażenie zrobiły na mnie opis i dokumentacja fotograficzna warunków, w jakich utrzymywane były ptaki doświadczalne. Muszę przyznać, że bardzo rzadko spotyka się tak duże starania badaczy zmierzające do redukcji cierpienia i spełnienia wszelkich potrzeb behawioralnych zwierząt użytych do eksperymentów, jak zrobiła to Doktorantka. Pomimo że aspekt ten nie dotyczy *stricto* merytoryki pracy, bardzo wysoko go oceniam! Świadczy on bowiem, że lek. wet. Kamila Dziadek jest nie tylko dobrą badaczką potrafiącą rzetelnie zaplanować i wykonać eksperyment naukowy, ale również osobą wrażliwą na cierpienie innych istot.

Podsumowując, pomimo drobnych uwag, przedstawiony mi do oceny układ eksperymentalny jest prawidłowy, a zastosowana metodyka wpisuje się w trendy panujące w wirusologii molekularnej oraz jest adekwatna do postawionych przez Doktorantkę celów.

2.4. Ocena wyników

Rozdział „Wyniki” jest bardzo obszerny, co przede wszystkim jest efektem przedstawienia ich w sposób graficzny na rycinach oraz w tabelach. Powyższy sposób prezentacji, pomimo zwiększenia objętości pracy, ułatwia jednak analizę wyników i ich mnogości oraz jednocześnie podkreśla ciężar pracy, jaką Doktorantka musiała włożyć w swoje dzieło. Wyniki zostały uporządkowane w logiczny i spójny z etapami przeprowadzonych badań sposób. Większość danych epidemiologicznych z zadania pierwszego Doktorantka zawarła w załączonym do rozprawy artykule naukowym. Wyniki przedstawione są bardzo czytelnie.

W zadaniu pierwszym Doktorantka wykazała zarówno dużą zmienność genetyczną wirusa wynikającą z licznych introdukcji AIV wraz z wędrownymi jego naturalnymi żywicielami, jak również z występowania zjawiska dryfu genetycznego i reasortacji. Ponadto wykazała dwukierunkową transmisję wirusa HPAI H5N8 pomiędzy drobiem a ptakami wolnożyjącymi. Niedosyt budzi niewielka liczba danych uzyskanych z analizy wirusów LPAI oraz brak dowodów na to, że były one donorami genów dla wirusów HPAI izolowanych od paków w Polsce w latach 2020–2022.

Bardzo ciekawe wyniki uzyskała Doktorantka w drugiej części badań. Wykazała ona bowiem różnice w poziomie siewstwa oraz jego drodze pomiędzy zakażanymi grupami ptaków. Wyniki są bardzo szczegółowe, co utrudnia nieco ogólną analizę tego rozdziału oraz identyfikację tych o największym znaczeniu. Eksperyment przeprowadzony przez Badaczkę wykazał, że „dziki typ” wirusa LPAI H7N7 może skutecznie infekować różne gatunki drobiu zarówno grzebiącego, jak i wodnego. Zgodnie z przewidywaniami infekcja miała przebieg subkliniczny, jednak tropizm/siewstwo wirusa uzależniony był od przynależności taksonomicznej infekowanego gatunku ptaka. W przypadku drobiu wodnego głównym miejscem siewstwa i replikacji był przewód pokarmowy, z kolei u drobiu grzebiącego układ oddechowy. Powyższe zgadza się z ogólną wiedzą dotyczącą naturalnych dróg transmisji wirusa grypy infekującego ptaki wolnożyjące w warunkach naturalnych i drób w warunkach chowu intensywnego.

Interesujące wyniki uzyskała Doktorantka w badaniach metodą HTS. Niestety, pełna ich analiza nie była możliwa ze względu na niekompletne dane (brak siewstwa) uzyskane w wybranych terminach próbkobrania lub niewystarczającą liczbę uzyskanych próbek. Powyższe wskazuje, że model eksperymentalny uwzględniający codzienne pobieranie próbek byłby lepszym rozwiązaniem. Mimo wszystko badanie różnorodności genetycznej w kontekście analizy wariantów wirusa powstałych zarówno na etapie przygotowywania *inoculum*, jak również w trakcie replikacji w organizmach zakażonego gospodarza jest bardzo interesującym elementem ocenianej rozprawy doktorskiej. Zastosowanie do tego celu metod NGS było doskonałym pomysłem i pozwoliło wykazać, jak dynamiczny jest proces powstawania nowych wariantów wirusa w trakcie krótkiego okresu replikacji oraz występowanie tzw. wariantów mniejszościowych w pierwszym etapie zakażenia (adaptacja do organizmu żywiciela). Wartościowym spostrzeżeniem jest również fakt, że w trakcie trwania zakażenia eksperymentalnego pojawiły się u badanych ptaków warianty wirusa posiadające mutacje będące markerami wiążącymi się ze zmianą jego właściwości biologicznych. Interesującym zjawiskiem jest także stwierdzenie mutacji współdzielonych u wirusów izolowanych u różnych gatunków drobiu, a w szczególności nieopisany wcześniej wariant MP-G950A, który, mam nadzieję, będzie stanowił podstawę do dalszych badań Doktorantki.

Podsumowując, uzyskane wyniki są bardzo ciekawe i dobrze przedstawione w formie graficznej. Ze względu jednak na ich mnogość ten element rozprawy doktorskiej może przysparzać drobnych problemów analitycznych. Moim zdaniem bardzo przydatne byłoby zsyntetyzowane i być może graficznie przedstawione podsumowanie kluczowych rezultatów.

2.5. Ocena dyskusji

Bardzo ważnym elementem każdej rozprawy doktorskiej oraz jednocześnie przysparzającym młodym badaczom trudności jest prawidłowa interpretacja i dyskusja uzyskanych wyników. Zazwyczaj rozdział dyskusja jest skromnym podsumowaniem lub częściowym powtórzeniem uzyskanych wyników. W przypadku ocenianej rozprawy doktorskiej rozdział ten jest zdecydowanie mocną jej stroną świadczącą o dojrzałości naukowej Badaczki, jej przygotowaniu merytorycznym, umiejętności interpretacji wyników oraz dobrej znajomości literatury. W sposób klasyczny Doktorantka odnosi własne wyniki do danych literaturowych, wskazuje ich znaczenie epidemiologiczne oraz podejmuje próbę interpretacji stwierdzonych mutacji/wariantów jako potencjalnych mechanizmów adaptacyjnych wirusa.

Omawiając wyniki, lek. wet. Kamila Dziadek czyni wiele obserwacji i wyciąga logiczne wnioski. Dla przykładu, wiąże powstawanie licznych wariantów wirusa w populacji ptaków wolnożyjących z wynikającymi z warunków pogodowych migracjami tych ptaków z różnych terenów Europy do Polski (2020/2021), jak również - w obrębie Polski - z migracjami ptaków dzikich w pobliże siedzib ludzkich jako reakcja na niekorzystne warunki bytowe i gwarant przetrwania, z czym w pełni się zgadzam. Ponadto próbuje tłumaczyć mechanizm koadaptacji genów HA, NA i MP jako czynnika umożliwiającego przewagę selekcyjną i wyparcie z terenu wybranych szczepów, jak to miało miejsce w przypadku podtypu H5N8 wypartego przez wirusy H5N1. Za prawidłową interpretację uważam również próbę wytłumaczenia różnic w siewstwie i tempie replikacji LPAIV u zakażanych ptaków faktem braku adaptacji wirusa użytego do inokulacji do gatunku żywiciela.

Za ciekawy element pracy uważam część eksperymentalną, w której wykazano formowanie się zróżnicowanej populacji wirusowej określanej mianem quasi-gatunków. Z tym zadaniem Doktorantka poradziła sobie również bardzo dobrze i pomimo potencjału wyników do nadinterpretacji starała się przeanalizować je rzetelnie. Rzetelność Doktorantki potwierdza również próba interpretacji analizy wariantów wirusów w przypadku zakażanych przepiórek japońskich. W tym przypadku Badaczka przyznaje, że podwyższone wartości badanych parametrów, w tym liczby wariantów oraz entropii Shannona, w siódmym dniu po zakażeniu przy jednocześnie najniższym poziomie siewstwa u tych ptaków we wskazanym okresie, mogą nie być wiarygodnym wynikiem, a jedynie artefaktem. Doktorantka krytycznie podchodzi również do wyników uzyskanych w tym samym czasie u indyków, gdzie analizę statystyczną wykonano na minimalnej dopuszczalnej liczbie próbek, co mogło wpłynąć na obniżenie mocy statystycznej testu. Bardzo doceniam tak szczere i pozbawione prób manipulacji podejście do uzyskanych wyników badań!

Głównym zarzutem dotyczącym tego rozdziału jest jego objętość. Rozumiem, że przy tak szczegółowych analizach omówienie uzyskanych wyników jest obszerne. Dlatego w tym miejscu Doktorantka powinna starać się uniknąć nadmiarowych treści. Przykładem powyższego jest niepotrzebny moim zdaniem fragment strony 141 stanowiący drugi akapit.

Podsumowując całokształt rozdziału „Dyskusja” oceniam go pozytywnie. Doktorantka prawidłowo omawia uzyskane przez siebie wyniki przy jednoczesnej próbie uniknięcia nadinterpretacji.

2.6. Ocena wniosków

Rozprawę doktorską kończy rozdział „Wnioski”. W mojej ocenie wysunięte przez Doktorantkę wnioski są zgodne z uzyskanymi wynikami, logiczne i adekwatne do zakresu badań. Pozytywnie oceniam, że wysunięte przez lek. wet. Kamilę Dziadek konkluzje nie stanowią zwykłego powtórzenia wyników. Jedyne uwagi mam do wniosków 5 oraz 6, które moim zdaniem są zbyt opisowe.

2.7. Ocena piśmiennictwa

Rozprawę doktorską, a w szczególności jej wstęp, część rozdziału poświęconego metodyce oraz, co najważniejsze, dyskusję lek. wet. Kamila Dziadek opiera na przeglądzie literatury, która łącznie stanowi 188 pozycji. Bazę literaturową stanowią zarówno publikacje oryginalne, jak również rozporządzenia unijne i krajowe dotyczące zwalczania grypy ptaków oraz raporty epidemiologiczne. Piśmiennictwo ułożone zostało w nieco mniej typowy sposób, bowiem zamiast tradycyjnej alfabetycznej listy cytowanych pozycji Doktorantka postanowiła utworzyć listę piśmiennictwa zgodnie z kolejnością cytowania w tekście. Nie uważam tego za błąd, wręcz przeciwnie, znacznie ułatwia to pracę recenzenta sprawdzającego cytowanie wszystkich pozycji z wykazu piśmiennictwa.

Zwracam uwagę na drobne niedopatrzenia, mianowicie większość pozycji cytowana jest w sposób spójny, jednakże znajdują się w nich pojedyncze pozycje jak np. poz. 101 oraz 106 zacytowane w nieco odmiennym od pozostałych układzie. Powyższa uwaga ma jedynie charakter kosmetyczny i nie wytyka żadnego poważnego błędu.

2.8. Drobne uwagi

Z racji roli sumiennego i wnikliwego recenzenta pragnę zwrócić Doktorantce uwagę na drobne błędy edycyjne, niefortunne sformułowania i nieścisłości, które pojawiają się w kilku fragmentach rozprawy:

- str. 8 – „wirus inokulacyjny” – lepszym sformułowaniem byłoby „wirus/ izolat wirusa użyty do inokulacji”,
- str. 25 – błąd edycyjny – „wiruα”,
- str. 30 – drugi akapit – na chwilę obecną upłynęło już 20 lat od potwierdzenia pierwszych przypadków zakażenia wirusem H5N1 u ptaków w populacji wolnożyjącej, choć zapewne na dzień pisania rozprawy ten niechlubny „jubileusz” dopiero się zbliżał,

- str. 34 – określenie „AIV-dodatni status immunologiczny stada” wydaje się zbyt potoczne w przypadku określania ptaków seropozytywnych,
- str. 36 – ostatnie zdanie trzeciego akapitu napisane jest w sposób niejasny i wymaga przeredagowania,
- str. 38 – jest „42 wirusów” – powinno być „42 wirusy”,
- str. 39 – jest „przerównaniu sekwencji” – powinno być „przyrównaniu ...”,
- str. 43 – niewłaściwe określenie dotyczące podania roztworu PBS ptakom z grup kontrolnych – podanie ww. roztworu nie jest zakażeniem!
- str. 46 – należy podać dane krzywej standardowej jak np. wydajność i jej nachylenie,
- str. 49 – niewłaściwe określenie „reakcja RT-PCR”, gdzie „R” w „PCR” oznacza właśnie reakcję,
- str. 59 – rozdział 4.2.1.1. „Przebieg kliniczny doświadczenia” wydaje się zwrotem niefortunnym, bardziej pasującym do opisu zakażenia,
- str. 73 – określenie „istotnie statystyczne różnice między tchawicą a kloaką” wydaje się zbyt uogólnione i sugerujące badania budowy anatomicznej,
- str. 131 – zwrot „masowe umieranie ptaków” powinien zostać zamieniony na „masowe padnięcia ptaków”,
- str. 131 – „akumulacji losowych mutacji, które wystąpiły bez wyraźnego celu selekcyjnego”. Czy spontaniczne mutacje mogą pojawić się właśnie w takim celu?
- str. 134 – „podjęcia wstępnych badań pilotażowych” – badania pilotażowe to właśnie badania wstępne,
- str. 138, 140, 152 – „grupy badawcze” – powinno być „grupy badane” tak jak na str. 153, bowiem grupa badawcza to zespół badaczy, a nie grupa badanych osobników.

Powyższe uwagi mają charakter czysto kosmetyczny i nie stanowią poważnych zarzutów w odniesieniu do ocenianej rozprawy doktorskiej.

3. Podsumowanie i ocena końcowa

Rozprawa doktorska lek. wet. Kamili Natalii Dziadek stanowi wartościowe opracowanie naukowe, wnoszące istotny wkład w badania nad zmiennością genetyczną wirusa grypy ptaków. Do mocnych stron pracy należą: aktualność tematyki, zastosowanie

nowoczesnych metod badawczych, połączenie badań terenowych z częścią eksperymentalną i wysoki poziom merytoryczny. Przedstawione uwagi krytyczne mają charakter umiarkowany i nie podważają wartości pracy.

4. Wniosek końcowy

Stwierdzam, że rozprawa doktorska lek. wet. Kamili Natalii Dziadek stanowi oryginalne rozwiązanie problemu naukowego, metodologia badań jest prawidłowa, cytowana literatura bardzo aktualna, a większość wniosków zredagowana prawidłowo i jasno wynika z efektów prowadzonych badań. Moja ocena rozprawy doktorskiej pt.: „Zmienność genetyczna wirusa grypy ptaków u różnych gatunków drobiu” jest jednoznacznie pozytywna. Tym samym stwierdzam, że przedstawiona mi do oceny rozprawa doktorska spełnia wymagania określone w art. 187 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz.U. 2024 poz. 1571) i wnioskuję do Wysokiej Rady Naukowej PIWet-PIB w Puławach o dopuszczenie lek. wet. Kamili Natalii Dziadek do jej obrony. Jednocześnie ze względu na wysoki poziom naukowy przedstawionej mi do oceny rozprawy doktorskiej wnoszę o jej wyróżnienie stosowaną nagrodą.