Prof. UPP dr hab. Leszek Bednorz
Katedra Botaniki
Wydział Ogrodnictwa i Architektury Krajobrazu
Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Recenzja rozprawy doktorskiej mgr inż. Czesława Kozioła
pt. „Zmienność genetyczna Jarzębu brekinii (*Sorbus torminalis* [L.] Crantz) w Polsce jako podstawa ochrony zasobów genowych gatunku"
wykonanej pod kierunkiem Prof. dr. hab. Jarosława Burczyka

Jarząb brekinia jest jednym z najrzadszych i najcenniejszych gatunków drzewiastych polskich lasów. Brekinia osiąga w Polsce północno-wschodnią granicę swego zasięgu, występując na ogół w niewielkich pofragmentowanych populacjach. Do niedawna gatunek ten był uznawany za zagrożony wyginięciem, a jego trwanie opierało się na ochronie rezerwatowej wybranych populacji. Jednakże od mniej więcej dwóch dekad obserwuje się rosnące zainteresowanie tym gatunkiem, skutkujące zarówno dynamicznym wzrostem liczby podejmowanych badań naukowych jak i wprowadzaniem brekinii do upraw leśnych jako cennego gatunku domieszkowego i biocenotycznego. Ponadto, leśnicy, którzy aktywnie włączyli się do praktycznej ochrony jarzębu brekinii, opracowują i realizują programy ochrony i restytucji tego gatunku w skali lokalnej – w pojedynczych nadleśnictwach lub regionalnej. Jednak nie zawsze działania te podejmowane są w oparciu o wiedzę z zakresu genetyki populacyjnej i aktualną, dostępną wiedzę na temat zmienności genetycznej gatunku. Stąd konieczne wydaje się opracowanie i wdrożenie ogólnopolskiego programu ochrony i restytucji tego gatunku w oparciu o solidne podstawy naukowe. Można się spodziewać, że w przyszłości, jarząb brekinia, który do niedawna traktowany był jako atrakcja dendrologiczna, zacznie odgrywać pewną rolę gospodarczą w polskich lasach.

Recenzowana rozprawa jest obszernym opracowaniem dotyczącym zmienności genetycznej jarzębu brekinii (*Sorbus torminalis* [L.] Crantz) w Polsce, które stanowi solidny fundament dla opracowania programu ochrony zasobów genowych tego gatunku w skali całego kraju. Co prawda już wcześniej prowadzone były w Polsce badania dotyczące zróżnicowania genetycznego naturalnych populacji tego gatunku ale nie były one w pełni kompletne i satysfakcjonujące. W tym kontekście wybór obiektu i tematu badań pracy doktorskiej wykonanej

w Katedrze Genetyki, Instytutu Biologii Eksperymentalnej Uniwersytetu Kazimierza Wielkiego w Bydgoszczy uważam za bardzo trafny. Warto podkreślić, że Autor pracy od lat kieruje Leśnym Bankiem Genów Kostrzyca, a realizowane w ramach doktoratu badania naukowe idealnie wpisywały się w podstawowy nurt jego aktywności zawodowej.

Praca licząca 238 stron podzielona jest na siedem rozdziałów. Struktura pracy jest właściwa dla rozprawy naukowej z rozróżnieniem części wstępnych, omówienia materiału badawczego i metod badawczych, a następnie wynikami badań ich dyskusją i wnioskami końcowymi oraz spisem literatury. Niezwykle obszerna bibliografia zawiera 412 pozycji, z czego większość stanowią publikacje angielskojęzyczne. Na końcu pracy zamieszczono streszczenie w języku polskim i angielskim oraz aneks zawierający m.in. zestawienie sadzonek brekinii posadzonych w polskich lasach w latach 2002-2019. Układ pracy jest logiczny i przemyślany.

W rozdziale wstępnym Autor wprowadził czytelnika w rozległą problematykę badawczą, uzasadnił celowość podjęcia badań i przedstawił ich zakres. Następnie w syntetycznie ujętym przeglądzie literatury przedstawił krótką charakterystykę brekinii jako obiektu badań oraz wybrane aspekty genetyki populacyjnej gatunku. Autor pracy nie uniknął w tej części pracy paru drobnych błędów, o których muszę wspomnieć. Na str. 15 powinno być „według Gabrielian" a nie „Gabrieliana" bowiem chodzi tu o Panią profesor Eleonorę Gabrielian – uznaną w świecie badaczkę gatunków rodzaju *Sorbus*. Na str. 18 powinno być „w górach Elburs w Iranie" a nie „na Elbrusie w Iranie".

Na końcu rozdziału zostały przedstawione cele pracy i związane z nimi szczegółowe hipotezy badawcze. Autor wskazał trzy główne cele badawcze: (1) Zbadanie poziomu zmienności genetycznej populacji *Sorbus torminalis*, (2) Ocenę stopnia zróżnicowania genetycznego między populacjami, (3) Zbadanie czynników decydujących o poziomie zmienności genetycznej populacji. Usystematyzowane i przemyślane cele i hipotezy badawcze pozwalają podążać za rozumowaniem Autora oraz ułatwiają odbiór i interpretację wyników przedstawionych w kolejnych rozdziałach.

Obszerny drugi rozdział rozprawy poświęcony jest opisowi terenu badań, materiału badawczego i metodyce badań. Badania zmienności genetycznej przeprowadzono w oparciu o 1401 dorosłych osobników brekinii, obejmujących 24 populacje, reprezentowane przez co najmniej 14 genetów. Wśród wybranych populacji 11 zlokalizowanych jest na obszarach chronionych a 13 reprezentuje drzewostany gospodarcze. Natomiast do badań polimorfizmu genetycznego dołączono dodatkowo 36 osobników z czterech mniej liczebnych populacji i kilku pojedynczych drzew z sześciu nadleśnictw. Oznacza to, że badaniami objęto znakomitą większość rodzimych populacji i szacunkowo około jednej trzeciej wszystkich dorosłych drzew.

Następnie Autor opisał szczegółowo metody analiz laboratoryjnych. W badaniach zastosowano zaawansowane metody molekularne, wykorzystując 13 jądrowych markerów mikrosatelitarnych (SSR). Rozdział kończy opis licznych analiz statystycznych zastosowanych w celu jak najpełniejszej interpretacji uzyskanych w pracy wyników.

Pierwsza część rozdziału „wyniki" zawiera ocenę polimorfizmu i zmienności genetycznej poszczególnych loci mikrosatelitarnych. Uzyskane wyniki świadczą o wysokim polimorfizmie badanych loci i ich dużej użyteczności do badań identyfikacji osobniczej oraz badań opartych na analizach rodzicielstwa. Następnie Autor dokonał oceny zmienności genetycznej 24 populacji wybranych do badań na podstawie analizy podstawowych parametrów zmienności genetycznej, zwracając m.in. uwagę na znaczącą różnorodność populacji z południowej Wielkopolski. Przeprowadzone badania wykazały istotne zróżnicowanie genetyczne rodzimych populacji jarzębu brekinii. Na szczególną uwagę w tej części wyników zasługuje ocena efektywnej wielkości populacji (tj. teoretycznej liczby osobników rodzicielskich biorących udział w tworzeniu danej populacji), która dla polskich populacji brekinii nie była do tej pory badana i określona. Waha się ona od 5,6 do 215,8 osobników przy średniej dla wszystkich populacji wynoszącej 52,69. Najkorzystniej wypadły tu populacje Piaski i Taczanów, w których wysoka efektywna wielkość populacji towarzyszy faktycznej dużej liczebności osobników. Wskazano też populacje, które mimo stosunkowo niewielkiej liczby osobników wybranych do badań oraz niskiej szacunkowej liczebności populacji, wykazały znaczą ocenę efektywnej wielkości populacji. Należą do nich w szczególności populacje marginalne Kwidzyn, Jamy i Woziwoda, zlokalizowane na północno-wschodniej granicy zasięgu badanego gatunku. Z drugiej strony wskazano populacje, które mimo znaczącej liczebności wykazały niskie wartości efektywnej wielkości populacji. Należą do nich m.in. powszechnie znane populacje Bytyń i Krucz. Ostatnia część wyników dotyczy analizy zróżnicowania genetycznego między populacjami, w której uwzględniono m.in. dwie kategorie populacji – z obszarów chronionych i z drzewostanów gospodarczych. Średni poziom zróżnicowania między populacjami, wyrażony wartością współczynnika F_{ST} był wysoki i wyniósł 0,094. Zróżnicowanie genetyczne między pulą genową populacji występujących na obszarach chronionych, a tych rosnących w lasach gospodarczych okazało się niewielkie (0,58% wariancji). Odnotowano natomiast wysoce istotną dodatnią korelację pomiędzy wartościami F_{ST} a geograficznym dystansem między populacjami, co potwierdza istnienie izolacji genetycznej związanej z odległością między populacjami. Wyniki analizy grupowania populacji na podstawie F_{ST} z zastosowaniem różnych metod wskazały na trzy grupy populacji: populacje wielkopolskie wraz z dolnośląską populacją Jawor, populacje pomorskie i III grupa obejmująca populacje dość odległe geograficznie o stosunkowo niewielkim

podobieństwie. Najbardziej wyróżniają się populacje dystalne Bielinek i Łososina Dolna – najmniej podobne do siebie i zdecydowanie różniące się od pozostałych grup. Wykonano również analizy struktury genetycznej całej puli osobników bez uwzględniania ich lokalizacji, które wykazały, że badane osobniki reprezentują prawdopodobnie 8-9 ancestralnych grup genetycznych czyli klastrów. Następnie przeanalizowano udział klastrów w ramach poszczególnych populacji, wskazując zarówno na różnice między populacjami jak i ich wewnętrzne zróżnicowanie. Na zakończenie Autor przedstawił wyniki analiz wzajemnych korelacji pomiędzy parametrami genetycznymi oraz zmiennymi geograficznymi. Za bardzo istotne uważam stwierdzenie, że dla zachowania zmienności genetycznej bardzo ważna jest liczba osobników efektywnie uczestniczących w procesach reprodukcyjnych (efektywna wielkość populacji), a nie obserwowana liczba osobników w populacji.

Obszerna dyskusja wyników (rozdział 4) zajmująca ponad 40 stron jest wyczerpująca i świadczy zarówno o dobrej znajomości literatury przedmiotu jak i naukowej dojrzałości Autora pracy. W ostatniej części rozdziału przedstawiono autorski program ochrony zasobów genowych jarzębu brekinii w Polsce opracowany na podstawie uzyskanych wyników badań. W mojej opinii ta część pracy powinna zostać ujęta jako odrębny rozdział ponieważ stanowi istotny i bardzo wartościowy aplikacyjny element pracy. Do tej pory pojawiały się pewne propozycje ochrony zasobów genowych brekinii, ale były one w pewnym stopniu intuicyjne ze względu na brak wystarczającej wiedzy na temat zmienności genetycznej gatunku i jego strategii reprodukcyjnych. Praca Pana mgr. inż. Czesława Kozioła wypełnia moim zdaniem występującą w tym zakresie lukę.

Treść pracy kończy rozdział piąty zawierający podsumowanie i wnioski wynikające z przeprowadzonych badań. Autor w syntetyczny sposób zestawił osiągnięte cele badawcze i wyniki weryfikacji sformułowanych we wstępie pracy hipotez badawczych..

Na koniec trzeba podkreślić, że recenzowana rozprawa doktorska została bardzo starannie przygotowana pod względem edytorskim i napisana poprawnym językiem. Całą pracę przeczytałem z prawdziwym zainteresowaniem i satysfakcją.

Podsumowanie

Recenzowana rozprawa doktorska reprezentuje bardzo wysoki poziom naukowy, na który składa się interesujący i trudny problem badawczy, obszerny materiał i zaawansowane metody badawcze, jakość uzyskanych rezultatów oraz ich interpretacja odniesiona do literatury przedmiotu.

Przedstawione w pracy wyniki w znaczący sposób poszerzają wiedzę na temat zmienności genetycznej jarzębu brekinii w Polsce. Niektóre spostrzeżenia i konkluzje mają charakter uniwersalny i wnoszą nowe wartości do genetyki populacyjnej rzadkich gatunków drzew leśnych. Za niezwykle cenne uważam opracowanie programu ochrony zasobów genowych jarzębu brekinii w Polsce – obejmującego też propozycję regionalizacji nasiennej, na który od lat czekają Lasy Państwowe. Jestem przekonany, że wyniki pracy zostaną opublikowane w renomowanych czasopismach naukowych i spotkają się z dużym zainteresowaniem czytelników a w szczególności badaczy tego rzadkiego gatunku europejskich lasów.

Podsumowując, stwierdzam, że rozprawa doktorska Pana mgr inż. Czesława Kozioła pt. „Zmienność genetyczna Jarzębu brekinii (*Sorbus torminalis* [L.] Crantz) w Polsce jako podstawa ochrony zasobów genowych gatunku" jest oryginalnym rozwiązaniem postawionego problemu naukowego, wnosi nowe elementy do nauki i całkowicie spełnia wymogi określone w *„Ustawie o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki"* (Dz.U. z 2003 r. nr 65 poz. 595, z późniejszymi zmianami). Na tej podstawie wnioskuję o przyjęcie pracy jako rozprawy doktorskiej i dopuszczeni Autora do następnych etapów przewodu doktorskiego. Ze względu na podkreślony w recenzji bardzo wysoki merytoryczny poziom pracy proponuję rozważyć jej wyróżnienie.

Poznań, dnia 20 lipca 2020 r.

Leszek Bednorz