

2015 09. 28

Recenzja rozprawy doktorskiej magister Agaty Drywy p.t. „Polimorfizm pojedynczych nukleotydów w dzikich i hodowlanych populacjach troci wędrowej (*Salmo trutta m. trutta*) w Polsce: różnicowanie w czasie i przestrzeni”.

Na rozprawę składają się: 7 rozdziałów o łącznej objętości 80 stron, spis 263 pozycji literatury oraz 3 załączniki o objętości 46 stron.

Początek lektury, czyli tytuł, i od razu błąd – w Polsce nie ma praktycznie dzikich populacji troci wędrowej! Ponieważ błąd ten powtarzany jest w całej pracy i, niesprostowany, może utrudnić zrozumienie wyników, omówię go już teraz. Za dziką uważamy (zgodnie z wielokrotnie w pracy cytowanymi raportami WGBAST ICES) taką populację rodzimą, która od co najmniej 10 lat opiera się wyłącznie na reprodukcji naturalnej. W raporcie z projektu HELCOMu SALAR (też cytowanym) definicję tę rozszerzono o dwie dalsze sytuacje: pierwszą - populacja nie jest rodzima (czyli jest introdukowana), ale opiera się od co najmniej 10 lat wyłącznie na reprodukcji naturalnej, oraz drugą - populacja opiera się przede wszystkim na reprodukcji naturalnej, a udział smoltów pochodzących z zarybień nie przekracza 10 procent. Te definicje zamieszczone są zresztą na stronie 33 Wstępu w formie zacytowanej z raportu HELCOMu całej tabeli. Niestety tłumaczenie tej tabeli jest nieprecyzyjne i przeinacza sens niektórych definicji: status kategorii 1 („... original strain”) to nie „bez zasilania z hodowli”, czyli bez zarybiania, tylko „populacja oryginalna”, a status kategorii 2 („... introduced strain”) to nie „zasilana z hodowli” tylko „populacja introdukowana”. W pracy poświęconej zmienności populacji i próbującej analizować konsekwencje prowadzonych zarybień taka nonszalancja w stosowaniu terminologii to jest poważna słabość. Tajemnicą jest dlaczego Autorka ignoruje w tej kwestii cytowane przez siebie źródła: zarówno w każdym z raportów ICES, jak i w raporcie DTU, a także HELCOM SALAR jest czarno na białym: w Polsce, poza jednym małym strumieniem, którego status jest problematyczny, wszystkie populacje troci są „mieszane” lub „hodowlane”; więcej, w części raportu poświęconej Polsce znajdują się opisy poszczególnych rzek wraz z statusem zasiedlających je populacji troci. Dobra rada – trzeba czytać cytowane źródła.

„Wstęp” jest długi, ma 29 stron.

Pierwszy podrozdział „Rodzina łososiowatych” zaczyna się od dobrego, choć zbyt obszernego, opisu filogenezy tej rodziny. Ilustrujące go dwa rysunki były by bardziej pouczające gdyby były czytelne i lepiej opisane. Później niestety wkłada się chaos:

wymieszane, oderwane od siebie informacje na różnych stopniach ogólności o różnych przedstawicielach tej rodziny. Niestety nie wszystkie są prawdziwe: w Polsce potwierdzono występowanie jednej odbywającej tarło, a nie samoutrzymującej się (!), populacji łososia; to jest różnica i jest ona jasno napisana w cytowanej pracy - kolejny przejaw braku precyzji. W pracach o troci często przywołuje się dane o łososiach jako gatunku o podobnej biologii a znacznie lepiej poznanym. Tutaj właściwie nie wiadomo dlaczego pojawia się łosoś, a tym bardziej pstrąg tęczy. Intencje Autorki odkrywa dopiero następny fragment dotyczący statystyk bałtyckich połowów troci i łososia i problem błędnego rejestrowania tych gatunków. Umieszczenie tego wątku między opisem filogenezy rodziny a ogólnym opisem gatunku troć uważam za dowód braku logicznego planu w pisaniu wstępu. Pojawia się tu także po raz pierwszy koncept, który przewija się w wielu dalszych miejscach pracy i znajduje swoje ukoronowanie we wnioskach. Nie można go pozostawić bez komentarza. Zaczniemy od skrótowego przedstawienia problemu: Rybacy szwedzcy, fińscy i polscy łowili, i częściowo nadal łowią, łososie na tych samych łowiskach. W połowach szwedzkich i fińskich przyłów w postaci troci wynosił kilka procent, a w polskich – kilkadziesiąt. Różnica ta podważa wiarygodność polskich danych, i jej przypuszczalną (ale jednoznacznie nie potwierdzoną) przyczyną jest fałszowanie zapisów w dokumentach połowowych pozwalające na łowienie większej liczby łososi niż przyznane limity: połowy troci są bowiem nielimitowane a w handlu oba gatunki są często mieszane. Teoretycznie możliwe jest, że rybacy po prostu nie potrafili rozróżnić tych gatunków, ale wytłumaczenie to nie jest raczej traktowane poważnie. Nie rozstrzygając poziomu dobrej lub złej woli rybaków, jasne jest, że istnieją różne sposoby rozróżniania łososi, troci i, zwłaszcza, pstrąga tęczy, który nota bene od lat w połowach praktycznie nie występuje, i pomysł, żeby robili to przy pomocy metod genetycznych, uważam za nonsensowny. Do kwestii tej wrócę przy omawianiu dalszych poświęconych jej części rozprawy.

Drugi podrozdział to opis gatunku. Także bez wyraźnego logicznego planu. Dlaczego zaczyna się od danych na temat połowów, a dopiero po tym dowiadujemy się, że zasiedla morza i rzeki? Dwie i pół strony poświęcone jest zjawisku homingu; niewątpliwie bardzo ważnym i w biologii gatunku i dla zagadnień analizowanych w pracy. Zaczyna się nienajlepiej – od danych na temat błędzenia ryb z zarybień. To jest szczególny przypadek, który zresztą pojawia się później we właściwszym kontekście. Tutaj, przy braku innych, dostępnych przecież w literaturze, szacunków precyzji homingu, pozostaje wrażenie, że wynosi on często

mniej niż 50 %. Gdyby tak było to nie można by było mówić o odrębnych populacjach troci i cała rozprawa nie miałaby sensu!

Następny kontrowersyjny wątek to występowanie dwóch pików migracji tarłowej troci w Wiśle. Przy nim też musimy się na chwilę zatrzymać, ponieważ przewija się przez całą pracę, a traktowany jest zbyt swobodnie. W skrócie chodzi o to, że część ryb wchodzi do Wisły jesienią-zimą, kilkanaście miesięcy przed tarłem, a część latem-wczesną jesienią, kilka miesięcy przed tarłem; pierwszą z tych grup określa się nazwą „zimowa”, drugą – „letnia”. Hipotezę, że ryby zimowe tarło odbywają w górnej części dorzecza, a letnie - w dolnej, a tym samym tworzą dwie odrębne populacje, postawił Żarnecki w latach 60tych XX wieku. Niestety nie została ona potwierdzona, a późniejsze losy troci wiślanej raczej ją podważają. Niemniej jednak dwa ciągi tarłowe istnieją nadal i w literaturze wyróżnia się te dwie grupy troci nazywając je stadami, subpopulacjami lub populacjami. Nie rozstrzygając, który z tych terminów jest najwłaściwszy, roboczo pozostaniemy przy subpopulacjach, apelując jednak do ostrożnego podchodzenia do ich odrębności.

Następny podrozdział poświęcony jest przyczynom pogarszania się stanu populacji, historii zarybień i realizowanego planu restytucji troci. Miałbym do niego następującą uwagę: Oczywiście w historii zarybień miało miejsce przenoszenie ryb z jednej populacji do drugiej, przesadą jest jednak stwierdzenie, że „nie były [one] w żaden sposób kontrolowane”. Do Wisły trafiały ryby z Wisły, dopiero gdy ich zabrakło, okresowo, zarybiano ją rybami pomorskimi i to pochodzącymi z konkretnych rzek, przenoszenia w drugą stronę praktycznie nie było. Także rzek pomorskich nie traktowano jak jednego dorzecza – przenoszenia miały konkretne kierunki. Skala tych przenoszeń, czyli wielkość zarybień, też była różna, co niewątpliwie wpływało na ich znaczenie dla czystości populacji. Proceder ten zakończył się zresztą definitywnie w latach 80tych XX wieku. Zaryzykowałbym hipotezę, że większy udział w mieszaniu populacji miało i ma błędzenie wypuszczanych smoltów do ujść opisane we, wcześniej nietrafnie cytowanej, pracy Dębowskiego i Bartla (1995). W każdym bądź razie twierdzenie, że nastąpiło wymieszanie puli genetycznej różnych populacji antycypuje wyniki recenzowanej rozprawy. Konsekwencje i zarybień i błędzenia powinny być bardzo pieczołowicie przeanalizowane w dyskusji.

Dalszą częścią wstępu jest podrozdział streszczający genetyczne badania populacji troci w Polsce. Jest czytelny i wyczerpujący. Pokazuje też potencjalne źródło podkreślanych wcześniej problemów terminologicznych.

Następne jest kilka podrozdziałów będących wprowadzeniem do stosowanych metod analizy genetycznej. Dla nie genetyka zrozumiałe (na tyle na ile to możliwe) i pożyteczne. Gorzej jest z fragmentem opisującym stosowanie Illuminy: tekst sprawia wrażenie dosłownego tłumaczenia a rysunki są nieopisane, nieczytelne i, przez to, właściwie nieprzydatne.

Podrozdział „Charakterystyka rejonu badań” (dlaczego „rejonu”?) zaczyna się od tabelki sumującej kryteria statusu populacji troci, o której wspomniałem wcześniej. Nie wiadomo za bardzo po co ją tu umieszczono, Autorka ani z niej nie korzysta, ani nie nawiązuje do niej w żadnym miejscu pracy. Po niej następuje opis kilku dorzeczy. Dlaczego akurat tych? Opisy te poprzedzone powinny być informacją, że populacje z tych właśnie rzek są przedmiotem badań. Poza tym powinny zawierać tylko informacje w jakiś sposób istotne dla pracy. A wielu z nich akurat brakuje. Z wcześniejszych fragmentów wstępu wiemy na przykład, że precyzja homingu wypuszczanych smoltów zależy od wielkości przepływu w rzece oraz od miejsca zarybienia. Informacja na ten temat przy interpretacji wyników przydałaby się znacznie bardziej niż liczba dopływów. Oczywiście jest to też miejsce na podanie statusu nadanego poszczególnym populacjom w dokumentach ICES i HELCOM. Umieściłbym też tutaj porządną mapkę z lokalizacją rzek, z których populacje badamy, a także gospodarstw, z których uzyskano próby. Zastąpiłaby z łatwością trzy osobne mapki dla trzech badanych zagadnień.

Podobnie jest z opisem hodowli: nie wiemy dlaczego znalazły się tu te, a nie inne. O jednej, w Miastku, powiedziane jest praktycznie tylko tyle, że ma dobrą wodę i że ryby z niej pochodzące trafiają do dopływów Wisły (co poparto 28 cytowaniami literatury!), dla drugiej, w Rutkach, dla odmiany podano wiele szczegółowych i zbędnych danych na temat jej urządzeń hodowlanych. Tymczasem w kontekście pracy najważniejszą (i właściwie jedyną naprawdę istotną) informacją jest pochodzenie hodowanych w nich troci: nie tylko z której populacji pochodzą, ale w jaki sposób pozyskano założycieli stada hodowlanego, ilu ich było, czy stado było odświeżane, jak efektywnie liczne było w czasie badania. O stadzie w Rutkach w zasadzie taką informację częściowo podano, nazywając ją trocią zimową, niestety nie jest ona całkiem zgodna z prawdą. Wywodzi się ono z populacji wiślanej: powstało z ikry pozyskanej od tarlaków złowionych w ujściu Wisły oraz z niewielkiej ilości ikry od tarlaków ze szwedzkiej rzeki Dalalven. Zgodnie z tym co wcześniej napisałem na temat sezonowych subpopulacji wiślanych troci, w dolnej Wiśle możliwe jest pozyskanie jedynie ikry troci

letniej. Jeśli chcielibyśmy pozyskać ikrę troci zimowej to musielibyśmy albo złowić ją na tarliskach (po roku od wejścia do rzeki), albo złowione w ujściu ryby przetrzymać przez rok do czasu osiągnięcia dojrzałości płciowej. Obecnie tarliska troci zimowej w Wiśle, zwłaszcza w górnej części dorzecza, albo nie istnieją, albo nie potrafimy ich zidentyfikować (zakładając, że jednak są inne niż troci letniej), natomiast roczne przetrzymanie tarlaków jest bardzo trudne i niemożliwe w warunkach bazy tarlakowej w dolnej Wiśle. Przedsięwzięto to w Miastku, do którego kilkakrotnie, począwszy od lat 90tych, przewieziono złowione późną jesienią niedojrzałe ryby. Na ich bazie udało się zbudować stado, które uważamy za stado wiślanej troci zimowej (nie przesądzając kwestii odrębności tej formy). A więc troć z Miastka to troć zimowa. Ponieważ do Rutek trafiła ikra z dolnej Wisły to, siłą rzeczy pochodziła ona od ryb stada letniego. Osobną historię ma troć z Dalalven. Otóż w końcu lat 60tych XX wieku nieznaną ilość ikry pozyskanej od troci złowionych w Dunajcu i uważanych za trocie zimowe, wysłano do Szwecji i po kilku latach wyhodowane z niej ryby introdukowano właśnie do rzeki Dalalven w środkowej Szwecji. Tam udało się utrzymać ich odrębność od stada lokalnego, ale z czasem utraciły skłonność do wcześniejszego rozpoczynania wędrówki tarłowej. Niewielką partię ikry od tej troci sprowadzono do Rutek w latach 90tych w nadziei, że jest nośnikiem domniemanych cech dawnej troci zimowej. W eksperymentach stawowych nie stwierdzono jednak wyraźnych różnic w ontogenezie ryb ze Szwecji z rybami wiślanymi. Z czasem ryby obu grup zlały się w jedno stado, którego absolutnie nie można nazwać stadem wiślanej troci zimowej – jest to wiślana troć letnia z niewielką domieszką innej troci, najprawdopodobniej wywodzącej się od troci dunajeckiej utożsamianej z wiślaną trocią zimową.

Skomentować trzeba też dobór prób opisanych jako populacje z Drwęcy i Wisły. Otóż pierwsza z nich jest podzbiorem drugiej: ryby, które wchodziły do Wisły łowione są w dolnym biegu, w Świbnie, i od nich pochodzi próba „wiślana”, a te, których nie złowiono, płyną dalej i część z nich skręca do Drwęcy, gdzie łowiona jest w Lubiczu, i z niej wzięto próbę „drwęcką”. Było tak i w 1996 i 2009 roku. Jeśli rzeczywiście chciałoby się doszukiwać jakiś różnic między tymi populacjami, to próbę „wiślaną” należałoby pobrać od ryb złowionych powyżej ujścia Drwęcy, np. pod tamą we Włocławku.

Generalnie „Wstęp” jest z jednej strony zbyt obszerny, a z drugiej brakuje w nim wątków, które powinny się znaleźć. Należałoby go odchudzić o fragmenty niezwiązane z tematem pracy, takie jak dywagacje na temat połowów, zbyt szczegółowe opisy elementów biologii, wtręty dotyczące innych ryb. Także o rozrzucone po całym rozdziale informacje na

temat zarybień, których miejsce jest gdzie indziej. Sądę też, że przegląd metod genetycznych powinien być mniej techniczny i krótszy – to, co jest rzeczywiście konieczne, powinno się znaleźć w rozdziale poświęconym metodyce. Niewiele natomiast dowiadujemy się na temat meritum pracy, czyli spodziewanego zróżnicowania polimorfizmu nukleotydów w populacjach troci: dlaczego powstaje, dlaczego go badamy i jaki jest stan wiedzy na ten temat. To byłoby też miejsce na ogólne wyjaśnienie możliwego wpływu zarybień. Praktycznie cały podrozdział, raczej niefortunnie zatytułowany „Charakterystyka rejonu badań”, przeniósłbym do rozdziału „Materiały i metody” i nazwał „Charakterystyka badanych populacji”. W nim, opisując poszczególne populacje lub stada, należałoby zamieścić usystematyzowane dostępne dane na temat ich statusu, możliwości naturalnej reprodukcji, wielkości zarybień (do czasu pobierania prób!) i ewentualnych domieszek z innych populacji. Musimy wiedzieć czym w rzeczywistości jest populacja, z której pobrane próby będziemy analizować. Zawartość opisów populacji hodowlanych zaproponowałem wcześniej.

Po „Wstępie” pojawia się krótki rozdział p.t. „Cele”. Trzy cele to w uproszczeniu (moim): opracowanie metody rozróżniania gatunków ryb łososiowatych przy użyciu mikromacierzy SNP, zastosowanie tej mikromacierzy do porównania dwóch populacji troci oraz zbadanie zmian struktury kilku populacji troci poprzez genotypowanie markerów SNP z zastosowaniem platformy iPLEX (czyli metodą nieco inną niż zastosowana w realizacji dwóch pierwszych celów). Porównanie ich z tytułem pracy sugeruje, że dwa pierwsze cele służą raczej przygotowaniu narzędzia do realizacji trzeciego, który jest prawie tożsamy z celem całej pracy. Cele te są sformułowane jasno i konkretnie.

Następny rozdział to „Materiał i metody”. Został on podzielony na trzy podrozdziały odpowiadające trzem wyznaczonym celom. Każdy z nich składa się z części: „Pobór prób”, „Izolacja DNA i genotypowanie SNP”, „Ocena jakości genotypowania”, „Analiza statystyczna”. A więc potraktowano je jak trzy odrębne prace i podejście takie zachowano też w rozdziałach „Wyniki” i „Dyskusja”. W rzeczywistości dwie pierwsze to faktycznie polskojęzyczne wersje opublikowanych wcześniej prac. Części dotyczące poboru prób są lakoniczne. Tutaj widać jak bardzo przydatne byłoby postulowane usystematyzowanie i przeniesienie charakterystyk populacji do tego rozdziału. Pomijając wcześniej wytknięte nieścisłości w charakterystyce i nazewnictwie populacji, miałbym jedną uwagę do opisu poboru prób w celu trzecim: nie we wszystkich rzekach próbkowane tarlaki łowiono w

pułapki, co, przy naprawdę głębokiej analizie, mogłoby okazać się nieobojętne z uwagi na selektywność różnych metod połowu.

Przed przejściem do recenzji dalszych części rozdziału muszę poczynić pewne zastrzeżenie: nie jestem genetykiem, a jedynie użytkownikiem wyników prac genetycznych. Dlatego nie czuję się kompetentny w ocenie stosowanych metod. Mogę tylko stwierdzić, że są opisane w sposób logiczny i, na ile to możliwe, zrozumiałe. W wypadku dwóch pierwszych celów stosowana metodyka i uzyskane wyniki pozytywnie przeszły proces recenzowania przez daleko bardziej kompetentnych specjalistów.

Podobnie skomentuję wyniki, ponieważ mają charakter bardzo techniczny. Dla porządku należy stwierdzić, że wszystkie trzy cele zostały zrealizowane: znaleziono różnice między gatunkami i między populacjami troci przy pomocy mikromacierzy oraz stwierdzono zmiany struktury genetycznej u kilku populacji troci przy pomocy genotypowania markerów SNP. Przez cały rozdział pojawia się za to wyjątkowo irytujący ichtiologa błąd: otóż wykresy ozdobione są rysunkami ryb, w wypadku łososia i pstrąga tęczowego są to rysunki obu tych gatunków, natomiast wykresy dotyczące troci – rysunkiem bassy! Zupełnie do troci niepodobnego! Trudno obronić się przed podejrzeniem, że Autorka nigdy troci nie widziała, ergo po prostu nie wie jak ona wygląda!

„Dyskusja” także podzielona jest na części odpowiadające poszczególnym celom. Pierwsza zaczyna się od rozwinięcia wątku zasygnalizowanego już w recenzji „Wstępu”: Autorka wydaje się uważać, że wyposażenie rybaków w „zestawy diagnostyczne” wykorzystujące mikromacierze SNP ułatwi im właściwą identyfikację złowionych ryb i poprawi statystyki połowowe, a w konsekwencji zarządzanie zasobami łososi i troci. Nie chcę się dalej znęcać nad tą koncepcją. Można sobie natomiast, zakładając wzrost popularności tej metody, a tym samym spadek jej kosztów, wyobrazić inne sytuacje, w których mogłaby znaleźć zastosowanie: analizy archiwalnych, nieopisanych prób tkanek albo identyfikacja hybryd. W kontekście recenzowanej pracy przyjmijmy, że było to ćwiczenie metodyczne, którego celem było stwierdzenie, czy mikromacierze SNP opracowane dla łososia nadają się do badania także innych gatunków. Pozytywny wynik umożliwił przejście do realizacji następnych celów. Dalszy ciąg tej części „Dyskusji” poświęcony jest kwestiom metodycznym i ma charakter raczej techniczny.

W drugiej części podkreślono, że udał się również następny etap: mikromacierz „łososiowa” nadaje się także do badania różnic między populacjami troci i między dwoma

badanymi populacjami różnice takie wykryto. Wyniki przedyskutowano dość szczegółowo. Trafnie przedstawiono możliwości jakie daje zastosowanie tej metody w badaniu odrębności i czystości populacji, udziału ryb hodowlanych i rozwiązywaniu innych zagadnień wymagających bardzo czułych metod.

Trzecia część „Dyskusji” jest najobszerniejsza i dotyczy kwestii najściślej związanej z tematem pracy. Pierwsza strona to znowu ogólne uwagi o zarybieniach – to co pojawiało się w różnych miejscach pracy, a moim zdaniem, powinno znaleźć się w kontekście ogólnym we „Wstępie”, a w szczegółowym w materiałach. Fragment ten jest dość chaotyczny, a część informacji na tyle niedokładna, że właściwie nieprzydatna. Dla interpretacji wyników, na przykład, zasadnicze znaczenie ma czy zarybienia, których wpływ się analizuje, miały miejsce przed czy po poborze prób. Nieprawdą jest przy tym, że Wisła zarybiana jest głównie rybami z hodowli w Miastku i Dąbiu, a już zupełną nieprawdą, że tak było w okresie analizowanym w pracy: przed pierwszą serią prób w 1996 roku takich ryb w ogóle nie było, a przed 2009 rokiem – kilka procent. Dywagacje na temat sposobów zarządzania trzeba by raczej przenieść na koniec „Dyskusji”, a zacząć od omówienia uzyskanych wyników. To omówienie jest skromne i płytkie. Właściwie jest ponownym przytoczeniem wyników. Kilka konkluzji warto jednak podkreślić. Stwierdzono, że próba ze stada stawowego z Miastka różniła się od wszystkich pozostałych prób, i że charakteryzował ją najmniejszy polimorfizm. Ryby z Drwęcy i Wisły, bliskie sobie (oczywiście!) w 1996 roku nie różniły się bardzo od pomorskich, ale do 2009 oddaliły się od nich i zmiana ta zaszła w większym stopniu w nich niż w rybach z Pomorza. Konkluzje natury gospodarczej są ryzykowne i raczej nie wytrzymają głębszej dyskusji. Zarybienia rybami z Miastka, jak wskazano wcześniej, były śladowe i trudno tłumaczyć nimi zmiany w populacji wiślanej. Co, natomiast, oznacza stwierdzenie, że „w badaniu zastosowano materiał hodowlany”? Przecież poza rybami z Miastka reszta ryb to były tarlaki złowione w rzece, a ich pochodzenia nie znamy.

W zestawieniu z wielkością „Wstępu” i mnogością wątków w nim poruszonych „Dyskusja” jest rozczarowująca. Po co, na przykład, poświęcono we „Wstępie” w sumie kilka stron zjawisku homingu skoro tutaj jedynie przytoczono po raz kolejny jedną publikację nie nawiązując w ogóle do uzyskanych wyników.

Po „Dyskusji” przychodzą „Wnioski”. Nie są wypunktowane, są raczej powtórzeniem stwierdzeń, które się znalazły w „Wynikach” i „Dyskusji”. Bardziej przypomina to abstrakt. Znowu pojawia się nieszczęsny wątek przydatności mikromacierzy w rozróżnianiu gatunków.

Podkreślone jest główne osiągnięcie pracy, czyli dowiedzenie przydatności wybranych metod genetycznych w badaniu zróżnicowania populacji oraz znalezienie takich różnic między badanymi populacjami.

Ponieważ obowiązkowym elementem każdej recenzji pracy doktorskiej jest raport z porównania literatury cytowanej w tekście z jej spisem, stwierdzam ich pełną zgodność (może z jednym-dwoma wyjątkami, których nie jestem pewien). Bibliografia jest obszerna, przy niektórych zagadnieniach zbyt obszerna, pojawia się kilka dziwnych źródeł jak np. wypowiedź efemerycznego urzędnika ministerialnego albo jakieś dokumenty konsultacyjne. Redukcja w pracy niektórych wątków słabo związanych z tematem znacznie by ją skróciła. Nie mniej jednak bibliografia jest mocną stroną pracy.

Ostatnia część rozprawy to Załączniki. Jest ich 3 i są to tabele zawierające sekwencje polimorficznych loci SNP dla wszystkich analizowanych osobników. Zajmują one 46 stron, czyli jedną trzecią pracy. Rozumiem, że stanowią niezbędną dokumentację, ale czy nie można by zamiast ich drukowania załączyć np. na jakimś nośniku pamięci. W takiej formie byłyby też chyba poręczniejsze dla ewentualnego użytkownika.

W recenzowanej rozprawie wyróżnić można dwie warstwy. Pierwsza, korespondująca ściślej z tytułem, to warstwa czysto genetyczna, w znacznej mierze metodyczna, polegająca na przygotowaniu i zastosowaniu bardzo nowoczesnej, nawet nowatorskiej na tym polu, metody badania struktury genetycznej i zastosowaniu jej w badaniu zróżnicowania kilku populacji troci oraz zasygnalizowaniu możliwości jakie otwiera. Druga warstwa to próba interpretacji praktycznych uzyskanych wyników: w odczytywaniu konsekwencji dotychczasowych zabiegów gospodarczych i ochronnych prowadzonych na badanych populacjach oraz próbie sugestii dla przyszłych działań. W pierwszej Autorka odniosła, moim zdaniem, sukces, w drugiej – porażkę.

W pierwszej z warstw najważniejsze części pracy opisujące przeprowadzone badania mają charakter techniczny, ich wynikiem są określone parametry i wskaźniki, wstęp wprowadza w dziedzinę badań, a przedmiot zadowala się ogólną charakterystyką, dyskusja zajmuje się głównie wiarygodnością wyników i perspektywami ich stosowania. I recenzowana praca posiada te cechy, spełnia związane z nimi wymagania, no i realizuje jasno sprecyzowane cele, które postawiła.

Chęć wejścia na poziom drugiej warstwy widzimy we „Wstępie”. Liczne wątki dotyczące różnych aspektów biologii troci i gospodarki jej populacjami wskazują, że Autorka

zdaje sobie sprawę z ich znaczenia w populacyjnej i praktycznej interpretacji uzyskanych wyników. Chaotyczność „Wstępu” jednak źle wróży nadziejom na sukces. I rzeczywiście, już charakter i zakres wykorzystywanych materiałów i zgromadzonych danych, pokazuje jak małe były na to szanse. W „Dyskusji” z tego zamiaru pozostało już właściwie tylko kilka ogólników przepisanych ze „Wstępu”, a z „Wniosków”, dla dobra pracy, w ogóle powinien zniknąć.

Czy taki zamiar w ogóle mógł się powieść? Uważam, że nie. Najnowsze losy populacji troci w Polsce są bardzo skomplikowane, różne w różnych rzekach; podlegały i podlegają one różnym zabiegom gospodarczym i ochronnym, różnym kryzysom i katastrofom. Informacje o wielu z nich nie są dostępne, innych zupełnie brakuje, a inne są mylące. Tej materii Autorka zdecydowanie nie czuje, czemu nie można się dziwić. Stąd tyle w pracy nieścisłości, przeinaczeń, niewłaściwego wyboru lub niewłaściwej interpretacji źródeł, terminologii, danych. To, kogoś kto się tym zajmuje, oczywiście irytuje, ale punktując liczne, a i tak tylko najważniejsze z nich, nie chciałem pognać Autorki, tylko uznałem, że skoro coś zostało błędnie napisane to, także na piśmie, jeśli to możliwe, powinno zostać sprostowane.

Zgodnie z tytułem głównym celem pracy było zbadanie zróżnicowania w czasie i przestrzeni polimorfizmu pojedynczych nukleotydów w populacjach troci. I to zadanie zostało w pełni zrealizowane.

Przechodząc do konkluzji. Uważam, że mimo usterek, praca spełnia warunki stawiane rozprawie doktorskiej i wnioskuję o dopuszczenie Pani magister Agaty Drywy do dalszych etapów przewodu doktorskiego.

24 września 2015


Dr hab. inż. Piotr Dębowski, prof., IRŚ