

Politechnika Bydgoska  
im. Jana i Jędrzeja Śniadeckich  
Al. prof. S. Kaliskiego 7, 85-796, Bydgoszcz  
za pośrednictwem:  
**Rady Doskonałości Naukowej**  
pl. Defilad 1  
00-901 Warszawa  
(Pałac Kultury i Nauki, p. XXIV, pok. 2401)

Sebastian Jakub Knaga  
Politechnika Bydgoska  
im. Jana i Jędrzeja Śniadeckich  
Wydział Hodowli i Biologii Zwierząt

## Wniosek

z dnia 10.03.2026 r.

o przeprowadzenie postępowania w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego  
w dziedzinie **nauk rolniczych** w dyscyplinie **zooteknika i rybactwo**.

Określenie osiągnięcia naukowego będącego podstawą ubiegania się o nadanie stopnia  
doktora habilitowanego:

### **Wpływ polimorfizmu genów kodujących wybrane proteiny białka jaja przepiórki japońskiej na wylęgowość i cechy jakości jaja w trakcie przechowywania**

Wnioskuje – na podstawie art. 221 ust. 10 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie  
wyższym i nauce (Dz. U. z 2021 r. poz. 478 zm.) – aby komisja habilitacyjna podejmowała uchwałę  
w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego w głosowaniu **tajnym/jawnym**\*<sup>2</sup>

*Zostałem poinformowany, że:*

*Administratorem w odniesieniu do danych osobowych pozyskanych w ramach postępowania w sprawie nadania stopnia  
doktora habilitowanego jest Przewodniczący Rady Doskonałości Naukowej z siedzibą w Warszawie (pl. Defilad 1, XXIV piętro,  
00-901 Warszawa).*

*Kontakt za pośrednictwem e-mail: [kancelaria@rdn.gov.pl](mailto:kancelaria@rdn.gov.pl), tel. 22 656 60 98 lub w siedzibie organu. Dane osobowe będą  
przetwarzane w oparciu o przesłankę wskazaną w art. 6 ust. 1 lit. c) Rozporządzenia UE 2016/679 z dnia 27 kwietnia  
2016 r. w związku z art. 220 - 221 oraz art. 232 - 240 ustawy z dnia 20 lipca 2018 roku - Prawo o szkolnictwie wyższym i  
nauce, w celu przeprowadzenie postępowania o nadanie stopnia doktora habilitowanego oraz realizacji praw i obowiązków  
oraz środków odwoławczych przewidzianych w tym postępowaniu.*

*Szczegółowa informacja na temat przetwarzania danych osobowych w postępowaniu dostępna jest na stronie  
[www.rdn.gov.pl/klauzula-informacyjna-rodo.html](http://www.rdn.gov.pl/klauzula-informacyjna-rodo.html)*

  
.....  
(podpis wnioskodawcy)

#### Załączniki:

1. Dane wnioskodawcy
2. Kopia dokumentu potwierdzającego uzyskanie stopnia doktora
3. Autoreferat
4. Wykaz osiągnięć naukowych, stanowiących znaczny wkład w rozwój dyscypliny
5. Kopie cyklu powiązanych tematycznie artykułów naukowych, zgodnie z art. 219 ust. 1. Pkt 2b Ustawy Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce
6. Oświadczenia współautorów
7. Kopie dokumentów potwierdzającymi określone osiągnięcia naukowe

<sup>1</sup> Klasyfikacja dziedzin i dyscyplin wg. rozporządzenia Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 20 września 2018 r. w sprawie dziedzin nauki i dyscyplin naukowych oraz dyscyplin w zakresie sztuki (Dz. U. z 2018 r. poz. 1818).

<sup>2</sup> \* Niepotrzebne skreślić.

*Załącznik 3*

# **Autoreferat**

**dr inż. Sebastian Jakub Knaga**

**KATEDRA BIOTECHNOLOGII I GENETYKI ZWIERZĄT**

**WYDZIAŁ BIOLOGII I HODOWLI ZWIERZĄT**

**POLITECHNIKA BYDGOSKA IM. JANA I JĘDRZEJA ŚNIADECKICH**

**ul. Mazowiecka 28**

**85-084 Bydgoszcz**

**tel. (052) 374 93 25**

**e-mail: [sebastian.knaga@pbs.edu.pl](mailto:sebastian.knaga@pbs.edu.pl)**

## Spis treści

<b>1</b>	<b>Imię i nazwisko</b>	<b>4</b>
<b>2</b>	<b>Posiadane dyplomy i stopnie naukowe lub artystyczne – z podaniem podmiotu nadającego stopień, roku ich uzyskania oraz tytułu rozprawy doktorskiej</b>	<b>4</b>
<b>3</b>	<b>Dotychczasowe zatrudnienie w jednostkach naukowych</b>	<b>4</b>
<b>4</b>	<b>Omówienie osiągnięć, o których mowa w art. 219 ust. 1 pkt. 2 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2021 r. poz. 478 z późn. zm.).</b>	<b>4</b>
4.1	Tytuł osiągnięcia naukowego	4
4.2	Publikacje wchodzące w skład osiągnięcia naukowego	5
4.2.1	Wprowadzenie i uzasadnienie podjęcia badań	6
4.2.2	Cel i zakres prac	8
4.2.3	Omówienie wyników prac wskazanych jako cykl powiązanych tematycznie artykułów naukowych	8
4.2.3.1	CS1. Charakterystyka fenotypowa badanych rodów w zakresie cech wylęgowości i jakości jaja w zależności od czasu przechowywania – jako podstawa interpretacji efektów genetycznych	8
4.2.3.2	CS2. Identyfikacja wariantów sekwencyjnych (SNP/indel) w genach kodujących owoalbuminę, owomukoid i lizozym oraz analizę struktury zmienności genetycznej między i wewnątrz rodów	10
4.2.3.3	CS3. Analiza asocjacji pomiędzy zidentyfikowanymi wariantami genetycznymi a parametrami jakości jaja w trakcie przechowywania	14
4.2.3.4	CS4. Analiza asocjacji pomiędzy polimorfizmami genów a wartościami cech wylęgowości przepiórki japońskiej	22
4.2.4	Podsumowanie	24
4.2.5	Bibliografia	26
<b>5</b>	<b>Informacja o aktywności naukowej stanowiącej pozostałe osiągnięcia naukowe – obszary zainteresowań w ramach działalności naukowej</b>	<b>31</b>
5.1	Genetyka cech ilościowych przepiórki japońskiej	31
5.2	Wpływ substancji na wzrost cechy jakościowe produktów drobiarskich, zdrowotność oraz rozwój embrionalny różnych gatunków drobiu	35
5.3	Wykorzystanie genetyki populacji i metod doskonalenia zwierząt w hodowli zwierząt	39
5.4	Ochrona zasobów genetycznych drobiu	41
5.5	Czynniki środowiskowe wpływające na jakość jaj i parametry produkcyjne	42
5.6	Wpływ stresu cieplnego i ochronnego działania wybranych substancji na erytrocyty kurze	43
5.7	Pozostałe badania	44
<b>6</b>	<b>Informacja o wykazywaniu się istotną aktywnością naukową realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej, w szczególności zagranicznej</b>	<b>45</b>
<b>7</b>	<b>Informacja o osiągnięciach dydaktycznych, organizacyjnych oraz popularyzujących naukę</b>	<b>50</b>
7.1	Osiągnięcia dydaktyczne	50

<b>7.2</b>	<b>Osiągnięcia organizacyjne</b>	<b>55</b>
<b>7.3</b>	<b>Osiągnięcia popularyzujące naukę</b>	<b>56</b>
<b>7.4</b>	<b>Podsumowanie i informacja bibliometryczna</b>	<b>57</b>
<b>7.5</b>	<b>Udział w projektach badawczych</b>	<b>60</b>
<b>7.6</b>	<b>Współpraca redakcyjna</b>	<b>61</b>
<b>7.7</b>	<b>Ukończone kursy i szkolenia</b>	<b>61</b>
<b>7.8</b>	<b>Członkostwo w międzynarodowych lub krajowych organizacjach i towarzystwach naukowych</b>	<b>62</b>
<b>7.9</b>	<b>Nagrody i odznaczenia</b>	<b>62</b>

## **1 Imię i nazwisko**

Sebastian Jakub Knaga

ORCID: 0000-0002-7176-3000

## **2 Posiadane dyplomy i stopnie naukowe lub artystyczne – z podaniem podmiotu nadającego stopień, roku ich uzyskania oraz tytułu rozprawy doktorskiej**

### **Doktor nauk biologicznych w dyscyplinie biotechnologia, specjalność: biotechnologia zwierząt**

Stopień nadany Uchwałą Rady Wydziału Biologii i Biotechnologii Uniwersytetu Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

Data uzyskania stopnia: 29.10.2014 r.

Tytuł rozprawy doktorskiej: „*Identyfikacja loci wybranych cech ilościowych o wartości użytkowej u przepiórki japońskiej*” (promotor: prof. dr hab. Grzegorz Zięba).

### **Magister inżynier biotechnologii**

Tytuł nadany przez Akademię Rolniczą w Lublinie, Wydział Nauk o Żywności i Biotechnologii.

Data uzyskania tytułu: 20.06.2006 r.

Tytuł pracy: „*Zależność pomiędzy polimorfizmem sekwencji satelitarnych a wybranymi cechami użytkowymi lisów polarnych*” (promotor: dr inż. Andrzej Jakubczak).

## **3 Dotychczasowe zatrudnienie w jednostkach naukowych**

### **Politechnika Bydgoska im. Jana i Jędrzeja Śniadeckich, Wydział Hodowli i Biologii Zwierząt**

**1.08.2023 – do chwili obecnej** – adiunkt w Katedrze Biotechnologii i Genetyki Zwierząt, Wydział Hodowli i Biologii Zwierząt

### **Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Wydział Nauk o Zwierzętach i Biogospodarki**

**1.10.2015 – 31.07.2023** – adiunkt w Instytucie Biologicznych Podstaw Produkcji Zwierzęcej

**1.02.2008 – 30.09.2015** - asystent w Katedrze Biologicznych Podstaw Produkcji Zwierzęcej

## **4 Omówienie osiągnięć, o których mowa w art. 219 ust. 1 pkt. 2 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2021 r. poz. 478 z późn. zm.).**

### **4.1 Tytuł osiągnięcia naukowego**

*Wpływ polimorfizmu genów kodujących wybrane proteiny białka jaja przepiórki japońskiej na wylęgowość i cechy jakości jaja w trakcie przechowywania.*

## 4.2 Publikacje wchodzące w skład osiągnięcia naukowego

### C1

**Knaga, S.**, Kasperek, K., Luchowska, A., Drabik, K., Próchniak, T., Zięba, G., & Batkowska, J.<sup>✉</sup>. (2024). The relationship between lysozyme gene polymorphism and quality changes during the storage of eggs derived from 2 commercial strains of Japanese quail. *Poultry Science*, 103(7), 103792.

<https://doi.org/10.1016/j.psj.2024.103792>

**IF: 4,200; MNiSW: 140 pkt.**

Wkład habilitanta: stworzenie koncepcji badań, pozyskanie funduszy na badania, opracowanie hipotezy badawczej i metodyki badań, monitoring i udział w ocenie jakości jaj w trakcie przechowywania, sekwencjonowanie genu, analiza danych, przygotowanie manuskryptu, redagowanie odpowiedzi na recenzję i ostatecznej wersji manuskryptu.

### C2

**Knaga, S.**, Kasperek, K.<sup>✉</sup>, Batkowska, J., Drabik, K., & Zięba, G. (2024). Ovomuroid gene polymorphism and its influence on quality changes at various storage timepoint of eggs from two strains of Japanese quail. *Poultry Science*, 103(10), 104129.

<https://doi.org/10.1016/j.psj.2024.104129>

**IF: 4,200; MNiSW: 140 pkt.**

Wkład habilitanta: stworzenie koncepcji badań, pozyskanie funduszy na badania, opracowanie hipotezy badawczej i metodyki badań, monitoring i udział w ocenie jakości jaj w trakcie przechowywania, sekwencjonowanie genu, analiza danych, przygotowanie manuskryptu, redagowanie odpowiedzi na recenzję i ostatecznej wersji manuskryptu.

### C3

**Knaga, S.**<sup>✉</sup>, Kasperek, K., & Zięba, G. (2025). Ovalbumin gene polymorphism: implications for hatchability and egg quality changes during storage in Japanese quail. *Poultry Science*, 104788.

<https://doi.org/10.1016/j.psj.2025.104788>

**IF: 4,200; MNiSW: 140 pkt.**

Wkład habilitanta: stworzenie koncepcji badań, pozyskanie funduszy na badania, opracowanie hipotezy badawczej i metodyki badań, monitoring i udział w ocenie jakości jaj w trakcie przechowywania oraz inkubacji jaj wylęgowych, sekwencjonowanie genu, analiza danych, przygotowanie manuskryptu, redagowanie odpowiedzi na recenzję i ostatecznej wersji manuskryptu.

### C4

**Knaga, S.**<sup>✉</sup>, Kasperek, K., & Zięba, G. (2026). Ovalbumin, lysozyme, and ovomucoid gene polymorphisms: implications for hatchability in Japanese quail. *Poultry Science*, 106606.

<https://doi.org/10.1016/j.psj.2026.106606>

**IF: 4,200; MNiSW: 140 pkt.**

Wkład habilitanta: stworzenie koncepcji badań, pozyskanie funduszy na badania, opracowanie hipotezy badawczej i metodyki badań, monitoring inkubacji jaj wylęgowych i ocena wskaźników wylęgowości, sekwencjonowanie genów, analiza danych, przygotowanie manuskryptu, redagowanie odpowiedzi na recenzję i ostatecznej wersji manuskryptu.

#### Podsumowanie osiągnięcia habilitacyjnego

	<b>Wartość</b>
Sumaryczny IF	<b>16,800</b>
Sumaryczny – 5-letni IF	<b>18,000</b>
Liczba punktów wg punktacji wykazu czasopism naukowych	<b>560</b>

Wartości wskaźnika IF publikacji podano według listy Journal Citation Reports (JCR), zgodnie z rokiem opublikowania każdej pracy. Punktację MNiSW podano zgodnie z wykazem czasopism naukowych i recenzowanych materiałów z konferencji międzynarodowych aktualnym dla roku opublikowania pracy.

#### 4.2.1 Wprowadzenie i uzasadnienie podjęcia badań

Osiągnięcia naukowe stanowiące podstawę do ubiegania się o stopień naukowy doktora habilitowanego stanowią cztery oryginalne prace naukowe pod wspólnym tytułem: „**Wpływ polimorfizmu genów kodujących wybrane proteiny białka jaja przepiórki japońskiej na wylęgowość i cechy jakości jaja w trakcie przechowywania**”, opublikowane w latach 2024 – 2026. Dotyczą one identyfikacji polimorfizmów w sekwencjach genów lizozymu, owomukoidu i owoalbuminy oraz analizy asocjacji pomiędzy różnymi wariantami tych genów a cechami wylęgowości i jakości jaj w trakcie przechowywania, pochodzących od dwóch rodów przepiórek japońskich należących do różnych typów użytkowych.

Badania przeprowadzono w ramach projektu pod nazwą: „Identyfikacja polimorfizmu genów kodujących główne proteiny białka jaja przepiórki japońskiej”, finansowanego przez Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie ze środków na działalność służącą rozwojowi młodych naukowców (ZIB/MN-1/19), którego byłem Kierownikiem (**załącznik 4, tabela 5**).

Koncepcja związana z monotematycznym cyklem publikacji naukowych była wynikiem mojego wieloletniego doświadczenia w zakresie problematyki badawczej dotyczącej badań podstawowych w obszarze genetyki cech ilościowych i drobiarstwa.

Białko jaja przepiórczego stanowi wodny roztwór koloidalny zawierający ponad 180 zidentyfikowanych protein (Sun i wsp., 2017), spośród których kluczowe znaczenie ilościowe i funkcjonalne mają owoalbumina (~54%), owomukoid (~11%) oraz lizozym (~3–4%) (Huopalahti i wsp., 2007; Mine, 2008). Lizozym pełni funkcję bariery bakteriobójczej poprzez hydrolizę peptydoglikanu ściany komórkowej bakterii (Leśnierowski i Kijowski, 2007; Tagashira i wsp., 2018; Leśnierowski i Yang, 2021), natomiast owomukoid działa bakteriostatycznie jako inhibitor proteaz serynowych drobnoustrojów (Feeney i wsp., 1969; Cui

i wsp., 2023). Owoalbumina stanowi podstawowe białko zapasowe jaja i źródło aminokwasów dla rozwijającego się zarodka (Sugimoto i wsp., 1999; Kanaka i wsp., 2018). Wykazano ponadto, że wszystkie trzy proteiny współtworzą macierz organiczną skorupy, wpływając na proces jej kalcyfikacji i właściwości mechaniczne (Hincke i wsp., 2000; Rodriguez-Navarro i wsp., 2002; Dunn i wsp., 2012; Zhao i wsp., 2024).

Badania prowadzone od ponad sześciu dekad potwierdziły występowanie licznych wariantów tych białek (allozymów), wynikających z polimorfizmu genów kodujących (Lush, 1961; Baker i Manwell, 1967; Laskowski i Kato, 1980). Zmiany w regionach kodujących oraz regulatorowych mogą modyfikować właściwości strukturalne białek i poziom ich ekspresji (Myint i wsp., 2012a; Shen i wsp., 2022). Wykazano asocjacje wariantów genów lizozymu, owomukoidu i owoalbuminy z cechami wylęgowości, przeżywalnością piskląt oraz parametrami produkcyjnymi drobiu (Inafuku i wsp., 1997; Huang i wsp., 2011, 2013; Wang i wsp., 2017; Susanti i wsp., 2019; Kanaka i wsp., 2021). Analizy te miały jednak charakter statyczny i dotyczyły oceny cech w jednym punkcie czasowym.

Tymczasem podczas przechowywania jaja zachodzą nieodwracalne zmiany fizykochemiczne obejmujące wzrost pH, destabilizację kompleksu lizozym–owomucyna oraz transformację natywnej owoalbuminy do formy S-owoalbuminy, co prowadzi do obniżenia jednostek Haugha i pogorszenia jakości białka (Yamasaki i wsp., 2003; Huopalahti i wsp., 2007; Fu i wsp., 2019). Dotychczasowe strategie wydłużania trwałości jaj koncentrowały się niemal wyłącznie na modyfikacji czynników środowiskowych (Rocculi i wsp., 2011; Jia i wsp., 2019), pomijając potencjalny komponent genetyczny determinujący stabilność jakości w czasie.

W literaturze brak jest jednoznacznych danych wskazujących, czy polimorfizm genów kodujących główne proteiny białka jaja może modulować tempo zmian jakości podczas przechowywania. Oznacza to, że genetyczne uwarunkowania stabilności jakości jaja pozostają niewyjaśnione, a rola zmienności sekwencyjnej w kształtowaniu dynamiki tych zmian nie została dotychczas zweryfikowana. Identyfikacja takiego związku stworzyłaby podstawę do doboru do rozrodu osobników produkujących jaja charakteryzujące się wolniejszym tempem degradacji parametrów jakościowych, w oparciu o informacje genotypowe.

Warunkiem skutecznego wykorzystania markerów molekularnych w pracy hodowlanej jest jednak odpowiedni poziom zmienności genetycznej w populacji. Wykazanie asocjacji pomiędzy markerami a wartością cechy oraz implementacja selekcji opartej na genotypie będą nieskuteczne w populacji o ograniczonej zmienności. Z tego względu w identyfikacji loci związanych z cechami o znaczeniu ekonomicznym często wykorzystuje się populacje wyraźnie zróżnicowane pod względem parametrów produkcyjnych, reprezentujące odmienne typy użytkowe.

W badaniach własnych wykorzystano dwa rasy przepiórek japońskich: F33 (typ mięsny – rasa Faraon) oraz S22 (typ nieśny), różniące się zarówno wartościami cech produkcyjnych, jak i historią hodowlaną. Charakterystyka ich struktury genetycznej stanowiła etap przygotowawczy niezbędny do realizacji zasadniczego celu badań, jakim była analiza asocjacji pomiędzy polimorfizmem genów kodujących główne proteiny białka jaja a cechami wylęgowości oraz jakością jaj w trakcie przechowywania. Analiza obejmowała warianty zlokalizowane w regionach kodujących, przyległych fragmentach intronowych oraz w obszarach nieulegających translacji (UTR – untranslated regions). Identyfikacja tych

wariantów stworzyła podstawę do oceny ich związku z cechami reprodukcyjnymi oraz dynamiką zmian jakości jaja w ujęciu temporalnym.

#### **4.2.2 Cel i zakres prac**

Analiza wpływu polimorfizmów sekwencji genów kodujących trzy główne proteiny białka jaja - owoalbuminę, owomukoid i lizozym - na cechy wylęgowości oraz jakość jaja w trakcie przechowywania u dwóch rodów przepiórek japońskich należących do odmiennych typów użytkowych została oparta na następującej hipotezie badawczej:

**Polimorfizm genów kodujących główne proteiny części białkowej jaja wpływa na wartości cech reprodukcyjnych oraz parametry jakości jaja w trakcie przechowywania.**

Hipotezę tę weryfikowano poprzez realizację celu głównego:

**Określenie asocjacji pomiędzy polimorfizmem sekwencji genów lizozymu, owomukoidu i owoalbuminy a cechami wylęgowości oraz jakością jaja w trakcie przechowywania u przepiórek japońskich rodów hodowlanych reprezentujących nieśny i mięsny typ użytkowy.**

Cel główny zrealizowano poprzez następujące cele szczegółowe:

**CS1.** Charakterystykę fenotypową badanych rodów w zakresie cech wylęgowości i jakości jaja w zależności od czasu przechowywania – jako podstawę interpretacji efektów genetycznych (**prace C1, C3, C4**).

**CS2.** Identyfikację wariantów sekwencyjnych (SNP/indel) w genach kodujących owoalbuminę, owomukoid i lizozym oraz analizę struktury zmienności genetycznej między i wewnątrz rodów (**prace C1, C2, C3, C4**).

**CS3.** Analizę asocjacji pomiędzy zidentyfikowanymi wariantami genetycznymi a parametrami jakości jaja w trakcie przechowywania (**prace C1, C2, C3**).

**CS4.** Analizę asocjacji pomiędzy polimorfizmami genów a wartościami cech wylęgowości przepiórki japońskiej (**prace C3 i C4**).

#### **4.2.3 Omówienie wyników prac wskazanych jako cykl powiązanych tematycznie artykułów naukowych**

##### **4.2.3.1 CS1. Charakterystyka fenotypowa badanych rodów w zakresie cech wylęgowości i jakości jaja w zależności od czasu przechowywania – jako podstawa interpretacji efektów genetycznych**

Realizacja założeń określonych poprzez cel szczegółowy **CS1** została opisana w **pracach C1, C3 i C4**. Analizy cech jakości jaja w trakcie przechowywania wykazały istotny wpływ rodu na masę jaja, procentowy udział żółtka i białka w masie jaja, grubość i wytrzymałość skorupy na zgniecenie, kolor żółtka oraz pH białka jaja. Przepiórki rodu F33 charakteryzowały się wyższą o średnio 0,5 g masą jaja w porównaniu z ptakami rodu S22. Wysoka dodatnia korelacja pomiędzy masą ciała a masą jaja tłumaczy różnicę w średnich wartościach tej cechy pomiędzy badanymi populacjami (Lacin i wsp., 2008; Muir i wsp. 2022a;

b; Muir i wsp. 2023). Masa jaja jest również wysoko dodatnio skorelowana z masą i procentowym udziałem białka, stąd wynikały wyższe wartości tych cech wśród ptaków rodu F33 (Wolanski i wsp., 2007; Nasr i wsp., 2015). Przepiórki rodu S22 charakteryzowały się wyższymi wartościami procentowego udziału żółtka w masie jaja, co prawdopodobnie wynika z niewielkiej ujemnej korelacji tej cechy z masą jaja (Nasr i wsp., 2015). Przepiórki rodu S22 odznaczały się istotnie wyższą średnią grubością oraz wytrzymałością skorupy na zgniecenie w porównaniu z ptakami rodu F33. U ptaków o wyższej masie jaja wartości grubości skorupy oraz wysoko dodatnio skorelowanej z nią wytrzymałości na zgniecenie są zazwyczaj niższe (Şekeroğlu i Altuntaş, 2009). Żółtka jaj samic rodu S22 były nieznacznie ciemniejsze niż ptaków rodu F33 i przez cały okres przechowywania miały wyższe wartości pH białka jaja.

Czas przechowywania istotnie wpłynął na masę jaja, procentowy udział skorupy, żółtka i białka w masie jaja, procentowy spadek masy jaja, grubość skorupy, masę właściwą jaja, kolor żółtka, jednostki Haugha oraz pH białka (**praca C1**). Znajduje to potwierdzenie w licznych pracach naukowych dotyczących zmian cech jakości jaja w trakcie przechowywania (Itoh i wsp., 1981; Imai i wsp., 1986; Scott i Silversides, 2000; Jones i Musgrove, 2005; Nowaczewski i wsp., 2010a; 2010b; Aygun i Sert, 2013; Akpınar i wsp., 2015; 2021; Northcutt i wsp. 2022). W przypadku takich cech jak procentowy udział białka i żółtka w masie jaja, grubość skorupy, kolor żółtka, jednostki Haugha oraz pH białka zauważalny był również wpływ interakcji pomiędzy rodem ptaków a czasem przechowywania.

Ród, z którego pochodziły samice, miał istotny wpływ na takie cechy wylęgowości jak procent jaj niezapłodnionych, procent wylęzonych zdrowych piskląt, zapłodnienie, procent zapłodnionych jaj przeniesionych do klujnika oraz procent wylęgu zdrowych piskląt z jaj nałożonych (**praca C3**). Z wyjątkiem procentu jaj niezapłodnionych samice rodu S22 cechowały się wyższymi wartościami tych cech. Przyczyn tych różnic należy upatrywać w typie użytkowym reprezentowanym przez każdy z rodów. Przepiórki japońskie rodu F33 należą do mięsnej rasy Faraon, natomiast ród S22 reprezentuje typ nieśny. W szczycie nieśności (12. tydzień życia) masa ciała samic rodu F33 wynosi około 185 g natomiast rodu S22 około 145 g. Różnice w wartościach cech reprodukcyjnych mogą być zatem konsekwencją ujemnej genetycznej i fenotypowej korelacji pomiędzy masą ciała a wylęgowością (Alkan i wsp., 2008). Należy jednak podkreślić, że obserwowane różnice międzyrodowe mogą wynikać nie tylko z odmiennego typu użytkowego i związanych z nim zależności korelacyjnych, lecz również z odmiennych uwarunkowań populacyjno-genetycznych, kształtowanych przez historię hodowlaną każdej z analizowanych populacji. Analiza danych rodowodowych, obejmujących od 1979 roku ponad 80 pokoleń (lęgi indywidualne prowadzono od pierwszego pokolenia), ujawniła wysoki stopień zimbredowania ptaków, co może mieć bezpośredni wpływ na wartości cech reprodukcyjnych (Knaga, dane niepublikowane). Badania prowadzone od drugiej połowy lat 60. XX wieku wykazały, że przepiórka japońska jest gatunkiem szczególnie wrażliwym na depresję inbredową, manifestującą się przede wszystkim szybkim spadkiem płodności i wylęgowości (Sittmann i wsp., 1966; Sato i wsp., 1984.). W badaniach Sittmann i wsp. (1996) już po kilku pokoleniach kojarzeń pomiędzy pełnym rodzeństwem wartości cech wylęgowości spadły niemalże do zera, a dalsza reprodukcja w tym systemie była niemożliwa. W przypadku rodu F33 przyrost inbrodu nie miał tak ekstremalnego przebiegu, niemniej jednak może być on przyczyną niższych, w porównaniu z rodem S22, wartości cech wylęgowych. Z kolei ród S22

był przez 18 pokoleń poddawany selekcji kierunkowej (Baumgartner i wsp. 2008). Selekcja, podobnie jak inbred, może prowadzić do redukcji zmienności genetycznej populacji, wpływając pośrednio na cechy nieuwzględnione jako kryterium selekcyjne poprzez istniejące korelacje genetyczne i fenotypowe. Niestety brak szczegółowych danych dotyczących liczebności populacji wyjściowej i intensywności selekcji przed sprowadzeniem rodu S22 do Polski uniemożliwia precyzyjną ocenę jej wpływu na parametry reprodukcyjne. Niemniej jednak dostępne wyniki sugerują, że efekt wcześniejszej selekcji w tym rodzie prawdopodobnie nie skutkowało tak wyraźnym obniżeniem wylęgowości, jak mogło to mieć miejsce w przypadku kumulującej się depresji inbredowej w rodzie F33, a nawet mógł oddziaływać korzystnie na utrzymanie wartości cech wylęgowych.

W analizie wewnątrz rodowej porównano dwie grupy samic przepiórki japońskiej rodu F33, wyodrębnione na podstawie wskaźnika wylęgu z jaj nałożonych: grupę o wysokiej wylęgowości (HH) oraz grupę o niskiej wylęgowości (LH) (**praca C4**). Kryterium HOS wybrano jako miarę integrującą zarówno zapłodnienie, jak i przeżywalność zarodków w warunkach standaryzowanej inkubacji, co czyni je wskaźnikiem o wysokiej wartości produkcyjnej. Zastosowanie HOS jako podstawy grupowania jest zgodne z wcześniejszymi obserwacjami wskazującymi, że parametry wylęgowości mogą stanowić skuteczne kryterium selekcyjne (Rozempolska-Rucińska i wsp., 2009). Samice kwalifikowano do grup przy porównywalnej nieśności i masie ciała, a samce dobierano pod względem masy ciała oraz weryfikowanej zdolności zapładniającej, co ograniczało wpływ czynnika męskiego na oceniane parametry. Wszystkie ptaki pochodziły z tej samego nieselekcjonowanego rodu, były w tym samym wieku, wykluły się z tej samej partii jaj, utrzymywane były w identycznych warunkach środowiskowych i żywieniowych, a inkubację prowadzono równocześnie w tym samym aparacie.

W tych warunkach grupa HH wykazała istotnie wyższe wartości zapłodnienia, wylęgu z jaj nałożonych, wylęgu z jaj zapłodnionych oraz odsetka zdrowych piskląt w porównaniu z grupą LH, podczas gdy w grupie LH stwierdzono wyższy udział późno zmarłych zarodków. Ponieważ analizowane grupy nie różniły się pod względem nieśności ani podstawowych parametrów utrzymania, uzyskane różnice należy interpretować jako przejaw zróżnicowania potencjału reprodukcyjnego w obrębie jednej populacji. Jednocześnie, biorąc pod uwagę niską do umiarkowanej odziedziczalność cech wylęgowości (Wolc i wsp., 2009; Wolc i wsp., 2010; Wolc i wsp., 2019), należy zachować ostrożność w przypisywaniu obserwowanych różnic bezpośredniemu działaniu pojedynczych wariantów genetycznych. Bardziej prawdopodobne jest, że stanowią one efekt złożonego współdziałania wielu loci o niewielkim efekcie jednostkowym.

#### **4.2.3.2 CS2. Identyfikacja wariantów sekwencyjnych (SNP/indel) w genach kodujących owoalbuminę, owomukoid i lizozym oraz analizę struktury zmienności genetycznej między i wewnątrz rodów**

Realizacja założeń określonych poprzez cel szczegółowy **CS2** została opisana w **pracach C1, C2, C3 i C4**. Sekwencjonowanie genu lizozymu w obu badanych rodach przepiórek ujawniło obecność łącznie 15 różnych polimorfizmów, w tym 14 polimorfizmów pojedynczych nukleotydów (SNP) oraz 1 polimorfizmu insercyjno-delecyjnego (4-

nukleotydowy indel; **prace C1 i C4**). W eksonach zidentyfikowano sześć SNP: po dwa w eksonach 2 i 3 oraz po jednym w eksonach 1 i 4. Pozostałe polimorfizmy znajdowały się w sekwencjach intronowych bezpośrednio graniczących z eksonami: pierwszym (1 SNP), trzecim (2 SNP; 1 indel) i czwartym (5 SNP). Większość SNP obecnych w sekwencjach kodujących genu miała charakter podstawień synonimicznych. Jedynie zmiana obecna w eksonie 1 (SNP1: 1:32140723; pozycja w cDNA: 1:c115A>C) była mutacją niesynonimiczną, skutkującą substytucją aminokwasu glutaminy na lizynę w dojrzałym białku lizozymu (Q21K). W 1967 roku Baker i Manwell, przeprowadzając elektroforezę protein białka jaja przepiórki japońskiej, zidentyfikowali dwa warianty alleliczne lizozymu różniące się tempem migracji w żelu poliakrylamidowym: F – wariant szybko migrujący (fast) oraz S – wolno migrujący (slow). W zależności od konfiguracji homo- lub heterozygotycznej tworzyły one trzy fenotypy: F, S lub FS. Obecność dwóch form allelicznych lizozymu, prowadzących do wytworzenia trzech fenotypów (FF, FS, SS), została również potwierdzona przez Lucotte i Kaminski (1978) w trzech innych populacjach przepiórek japońskich. W 1969 roku Kaneda i wsp. ustalili sekwencję aminokwasową formy S, w której w pozycji 21 występowała glutamina. Sekwencję drugiego, szybko migrującego wariantu lizozymu ustalili dopiero Thammasirirak i wsp. w 2007. Forma F posiadała w pozycji 21 lizynę. W porównaniu do sekwencji lizozymu z 1969 roku forma F różniła się również obecnością dodatkowej leucyny w pozycji 20 białka. Obecność tej dodatkowej leucyny nie została jednak potwierdzona w późniejszych badaniach prowadzonych przez Myint i wsp. na populacjach przepiórek z Japonii i Francji (2012b). Różnice w sekwencji lizozymu prezentowane przez autorów mogą wynikać z odmiennego materiału badawczego wykorzystanego do ustalenia sekwencji. W badaniach własnych zidentyfikowano obie formy lizozymu (F i S), przy czym frekwencje alleli i genotypów różniły się w zależności od analizowanego rodu oraz grupy. W przypadku rodu F33 nie zaobserwowano genotypu AA, prowadzącego do wytworzenia fenotypu SS. Frekwencja heterozygot o genotypie AC (fenotyp FS) wyniosła 10%, natomiast homozygot CC (fenotyp FF) - 90%. W przypadku rodu S22 sytuacja była odwrotna: frekwencje genotypów wyniosły odpowiednio 21%, 50% i 29% dla genotypów AA, AC i CC. W przypadku ptaków rodu mięsnego frekwencja allelu A była zaskakująco niska i wyniosła 5% (dla porównania: 46% w rodzie S22). Przyczyn tak niskiej frekwencji może być kilka. Jedną z nich jest dryf genetyczny, któremu podlegają niewielkie, zamknięte populacje, takie jak ród F33. Prowadzi on do zawężenia zmienności genetycznej i utrwalenia w populacji konkretnego allelu. Innym potencjalnym wyjaśnieniem może być utrwalenie się w populacji allelu zwiększającego dostosowanie organizmu do konkretnych warunków środowiskowych w wyniku pozytywnego doboru naturalnego. Prawdopodobieństwo takiego scenariusza w rodzie F33 zwiększają wyniki badań Myint i wsp. (2012a), wskazujące na wyższą aktywność przeciwbakteryjną wariantu F lizozymu (allel C) w porównaniu z formą S wobec bakterii *Staphylococcus aureus* i *Escherichia coli*. Izolowany od ponad 80 pokoleń, nieliczny ród F33 był od początku narażony na stopniowy wzrost inbrodu. Zostało to potwierdzone wynikami analiz rodowodów, przeprowadzonych w oparciu o dane sięgające pokolenia założycielskiego (Knaga, dane niepublikowane). W następstwie wzrostu homozygotyczności zazwyczaj pojawia się depresja inbredowa, dotycząca w pierwszej kolejności cech płodności oraz odporności organizmu na mikroorganizmy chorobotwórcze. Przepiórki japońskie uważane są za gatunek stosunkowo odporny na choroby. Być może z tego względu, przez długie lata, nie stosowało się u nich szczepień profilaktycznych przeciwko

chorobom znanym chociażby u kur czy indyków. Przy niedostatecznej bioasekuracji rozprzestrzenianie się chorób zakaźnych jest niezwykle łatwe. W takich warunkach środowiskowych osobniki posiadające bardziej aktywną przeciwdrobnoustrojowo formę lizozymu (fenotyp F) są lepiej przystosowane i mają większą szansę na przeżycie. Być może dlatego forma ta rozprzestrzeniła się w populacji przepiórek rodu mięsnego. Pod względem frekwencji genotypu CC ród F33 wydaje się być unikatowy w skali światowej. Myint i wsp. (2012b) określili frekwencje poszczególnych fenotypów lizozymu (F, FS, S) w 22 liniach genetycznych przepiórek japońskich występujących w Japonii i w pięciu liniach francuskich. Frekwencja allelu A (fenotyp S) wahała się pomiędzy 0,69 a 1,00, natomiast allelu C (fenotyp F) - pomiędzy 0,00 a 0,31. Żadna z analizowanych populacji nie wykazała tak wysokiej frekwencji allelu C jak ród F33. Być może wpływ na to miała niewielka liczba osobników reprezentujących każdą z grup genetycznych badanych przez autorów (Myint i wsp., 2012b). W dostępnej literaturze można znaleźć również informacje o jeszcze jednym SNP zidentyfikowanym w pozycji 144 sekwencji kodującej (C>T). Jest to synonimiczna substytucja (Myint i wsp., 2012b), obecna także w analizowanych w badaniach własnych rodach F33 i S22. **Pozostałe polimorfizmy SNP i indel zidentyfikowane w eksonach i intronach zostały opisane po raz pierwszy u przepiórki japońskiej w pracy C1.**

Sekwencjonowanie wszystkich eksonów genu owomukoidu wśród ptaków obydwóch rodów ujawniło obecność łącznie 5 polimorfizmów SNP (**praca C2 i C4**). Dwa polimorfizmy znajdowały się w intronie 1, w części sąsiadującej z eksonem 2, natomiast trzy SNP zlokalizowane były w sekwencjach kodujących (eksony 1, 3 i 5) i były to podstawienia niesynonimiczne. Polimorfizm w eksonie 1 (13:12355585 C>A) powodował substytucję kwasu asparaginowego na kwas glutaminowy w pozycji 24 białka owomukoidu (Asp24Glu). SNP w eksonie 3 (13:12356594 A>G) skutkowało substytucją izoleucyny na walinę w pozycji 112 białka (Ile112Val), natomiast polimorfizm w eksonie 5 (13:12358538 A>G) prowadził do zamiany glicyny na serynę w pozycji 162 (Gly162Ser). Każdy z tych polimorfizmów dotyczył zmiany aminokwasów w innej domenie białka owomukoidu. **Polimorfizmy w eksonach 1 i 3 zidentyfikowano po raz pierwszy u przepiórki japońskiej**, natomiast SNP w eksonie 5 (Ser162Gly) został już wcześniej opisany przez Bogard i wsp. (1980). W badanej populacji autorzy wyróżnili trzy fenotypy na podstawie sekwencji aminokwasowej: S (Ser/Ser), SG (Ser/Gly) oraz G (Gly/Gly). W badaniach własnych fenotyp heterozygotyczny SG nie był reprezentowany w rodzie F33, podczas gdy fenotyp S wystąpił u 96% badanych ptaków. W przypadku rodu S22 wystąpiły wszystkie trzy fenotypy, spośród których najwyższą frekwencję wykazał fenotyp G (62% osobników). Owomukoid jest inhibitorem proteaz serynowych. Bogard i wsp. (1980) wykazali niższe powinowactwo fenotypu G do bydłczej  $\beta$ -trypsyny, sugerując niższą aktywność inhibitorową tej formy w porównaniu z fenotypem S. Według Laskowski i wsp. (1987) dzikim wariantem owomukoidu była forma G, a według autorów rozprzestrzenienie się w populacji bardziej aktywnej inhibicyjnie formy S było przykładem dodatkowej selekcji darwinowskiej. Podobna sytuacja mogła mieć miejsce w przypadku rodu F33, którego przedstawiciele reprezentowali prawie wyłącznie fenotyp S. W rodzie tym, utrzymywanym od 1979 roku jako populacja zamknięta przed dolewem obcej krwi, na skutek presji środowiska mogło również dojść do selekcji pozytywnej, a dobór naturalny faworyzował

osobniki posiadające aktywniejszą formę owomukoidu, dzięki czemu zarodek był efektywniej chroniony przed mikroorganizmami chorobotwórczymi.

Obecny w eksonie 1 SNP był odpowiedzialny za substytucję aminokwasu w pozycji 24 białka owomukoidu (Asp24Glu). Substytucja ta występuje w pierwszej domenie białka owomukoidu przepiórki japońskiej i, choć jest ona uważana z nieaktywną pod względem inhibicji proteaz serynowych (Takahashi i wsp., 1994), to niektóre badania wskazują na istnienie potencjalnego miejsca reaktywnego pomiędzy 24. a 25. aminokwasem dojrzałego białka (Weber i wsp., 1981). Pokrywa się ono z miejscem reaktywnym obecnym w pierwszej domenie owomukoidu kury domowej (Kato i wsp., 1987). W pobliżu zidentyfikowanej w badaniach własnych substytucji Asp24Glu znajduje się również mostek dwusiarczkowy (Cys<sup>22</sup>), stabilizujący strukturę domeny, oraz miejsce rozszczepiania pepsyny (pomiędzy Glu<sup>25</sup> a Leu<sup>26</sup>; Takahashi i wsp., 1999). Pomimo braku bezpośrednich dowodów, bliskie sąsiedztwo polimorfizmu może w pewien sposób wpływać na funkcję białka owomukoidu, prowadząc do zmiany jego właściwości inhibitorowych. Potrzeba jednak dodatkowych badań, aby zweryfikować ewentualny wpływ polimorfizmu Asp24Glu na strukturę i funkcję dojrzałego białka.

Druga domena białka owomukoidu przepiórki japońskiej, podobnie jak trzecia, wykazuje właściwości hamujące działanie proteaz serynowych (Asao i wsp., 1998). W badaniach własnych zidentyfikowano w niej polimorfizm w pozycji 112 (Ile112Val), który występował wyłącznie u samic rodu F33. W przypadku rodu S22 wszystkie analizowane osobniki posiadały w pozycji 112 izoleucynę (fenotyp I: Ile112Ile; genotyp AA), podczas gdy wśród ptaków rodu F33 fenotyp I był reprezentowany jedynie przez 3% populacji. Po uwzględnieniu osobników heterozygotycznych frekwencja rzadszego allelu, kodującego izoleucynę w pozycji 112, wyniosła 15% (**praca C1**). W przypadku grup o wysokiej i niskiej wylęgowości było to odpowiednio 7% i 95 (**praca C4**). W badaniach własnych nie analizowano wpływu polimorfizmu Ile112Val na właściwości inhibitorowe owomukoidu, jednak wyraźnie wyższa frekwencja drugiego wariantu posiadającego w tym miejscu walinę sugeruje możliwość istnienia pozytywnej selekcji darwinowskiej lub dryftu genetycznego. Jest to tym bardziej prawdopodobne, że ród F33 nie był poddawany selekcji, a program hodowlany zakładał kojarzenie osobników o najmniejszym możliwym spokrewnieniu w celu utrzymania jak najwyższego poziomu zmienności genetycznej populacji.

W obu badanych rodach przepiórek sekwencjonowanie wybranych fragmentów genu *SERPINB14*, kodującego owoalbuminę, ujawniło obecność 18 polimorfizmów pojedynczych podstawień, w tym 4 SNP w eksonach (3, 5, 7), 8 SNP w częściach intronów graniczących z eksonami oraz 6 we fragmentach 3' UTR (**prace C1 i C4**). Wszystkie podstawienia nukleotydów zidentyfikowane w sekwencjach kodujących genu były synonimiczne i nie skutkowały zmianą sekwencji aminokwasowej białka. W dostępnej literaturze naukowej można znaleźć wyniki badań wskazujące na istnienie polimorfizmu owoalbuminy przepiórki japońskiej. Już w 1967 roku Baker i Manwell analizując to białko za pomocą elektroforezy, ujawnili, że występuje ono w postaci trzech izoform (A1, A2, A3) różniących się stopniem fosforylacji. Informacje te zostały później potwierdzone przez innych badaczy (Lucotte i Kaminski, 1975; Itoh i wsp., 1978). Izofорма A3 może również występować w różnych ilościach, a pod tym względem ptaki mogą ujawniać 3 różne fenotypy: F, m oraz f (Lucotte i

Kaminski, 1975). Bezpośrednich dowodów na istnienie polimorfizmu białka owoalbuminy dostarczyły dopiero badania Kimury i wsp. (1980). Stosując elektroforezę, badacze wykazali obecność dwóch wariantów tego białka, różniących się tempem migracji w żelu i uwarunkowanych dwoma allelami – A i B. Ten sam polimorfizm został wcześniej opisany przez Lush (1961) u kury domowej. Forma szybciej migrująca (B) posiadała w pozycji 311 kwas asparaginowy, który podlegał glikozylacji. Forma wolniej migrująca (A) miała w tym miejscu asparaginę (Asp<sup>311</sup>), która nie podlegała glikozylacji. Asn<sup>311</sup> jest - obok Asn<sup>292</sup> - jednym z dwóch miejsc glikozylacji owoalbuminy. Z reguły w jajku glikozylowany jest jedynie kwas asparaginowy w pozycji 292, chociaż zidentyfikowano również formy di-N-glikozylowane, posiadające zglikozylowany Asn zarówno w pozycji 292, jak i 311. W trakcie syntezy i sekrecji Asn<sup>311</sup> ulega deglikozylacji. Badacze spekulują, że polimorfizm obecny w pozycji 311 białka może być wynikiem postranslacyjnej modyfikacji formy di-N-glikozylowanej przez enzym PNGazę HO (Suzuki i wsp., 1997). W badaniach własnych, przeprowadzonych na dwóch rodach przepiórki japońskiej, w sekwencjach kodujących genu *SERPINB14* zidentyfikowano jedynie podstawienia synonimiczne. Znacznie bardziej zaawansowane są badania owoalbuminy prowadzone na blisko spokrewnionym z przepiórką gatunku – kurze domowej, u której zidentyfikowano łącznie 10 polimorfizmów SNP prowadzących do zmiany aminokwasów w kodowanym białku (baza ENSEMBL; dostęp: luty 2026 r.). **Poza badaniami opublikowanymi w pracach C3 i C4, polimorfizmy genu owoalbuminy przepiórki japońskiej nie zostały dotychczas opisane w literaturze naukowej.**

#### 4.2.3.3 CS3. Analiza asocjacji pomiędzy zidentyfikowanymi wariantami genetycznymi a parametrami jakości jaja w trakcie przechowywania

Realizacja założeń określonych poprzez cel szczegółowy CS3 została opisana w pracach C1, C2 i C3.

Masa jaja stanowi jedno z najważniejszych kryteriów selekcyjnych uwzględnianych w programach hodowlanych zarówno drobiu nieśnego, jak i mięsnego. Wynika to, z jednej strony, z preferencji przemysłu spożywczego oraz konsumenta końcowego, a z drugiej - z potrzeby utrzymania wartości cech reprodukcyjnych na odpowiednim poziomie. Ujemna korelacja pomiędzy masą jaja a wylęgowością sprawia, że wszelkie decyzje hodowlane dotyczące tej wartości cechy muszą być podejmowane z ostrożnością. Jest ona również kluczowym parametrem branym pod uwagę podczas każdej oceny jakości jaj. Oceny takiej dokonuje się najczęściej w dniu zniesienia jaja w celu weryfikacji wpływu analizowanego czynnika genetycznego lub środowiskowego. W badaniach własnych oceniono wpływ polimorfizmu genów lizozymu, owomukoidu i owoalbuminy na masę jaja w dniu zniesienia u dwóch rodów przepiórki japońskiej różniących się typem użytkowym (**prace C1, C2, C3**). Żaden z polimorfizmów obecnych w analizowanych fragmentach genu lizozymu nie miał wpływu na masę jaja świeżego tj. określaną w dniu zniesienia (**praca C1**). Gen lizozymu ma swój locus w chromosomie 1 przepiórki japońskiej (pozycja początkowa: 32 140 609 wg. bazy ENSEMBL; dostęp: 20 luty 2026). Wcześniejsze badania przeprowadzone na przepiórcie japońskiej z wykorzystaniem sekwencji mikrosatelitarnych wskazywały na obecność w początkowym odcinku tego chromosomu regionu QTL o potencjalnym wpływie na tę cechę (Knaga i wsp., 2018).

Istotny wpływ polimorfizmów na masę jaja świeżego zaobserwowano natomiast w przypadku genów kodujących dwa białka, które występują w części białkowej jaja w największej ilości – owomukoidu i owoalbuminy (**praca C2 i C3**). W **pracy C2** wykazano, że w przypadku mięsnego rodu F33 trzy SNP zidentyfikowane w genie owomukoidu miały wpływ na tę cechę. W przypadku rodu S22 markery te okazały się monomorficzne, natomiast zauważalny wpływ na tę cechę zaobserwowano w przypadku SNP5. Osobniki heterozygotyczne wykazywały najniższą wartość tej cechy. Z kolei w rodzie F33 nie zaobserwowano ptaków heterozygotycznych w przypadku SNP5, co może to być przyczyną braku efektu tego markera. W przypadku SNP1, SNP3 i SNP4 najniższe wartości średniej masy jaja świeżego wystąpiły u osobników posiadających genotypy AA, natomiast najwyższe - u osobników heterozygotycznych. Różnica pomiędzy średnią masą jaja świeżego u samic o genotypach AA i heterozygotycznych wyniosła odpowiednio 1,3 g, 1,52 g i 1,52g dla SNP1, SNP3 i SNP4, co w przypadku średniej masy jaja dla całego rodu wynoszącej 11,6 g (**praca C1**) stanowiło odpowiednio 11% i 13% masy jaja. W przypadku SNP5 średnia masa jaja osobników o genotypie heterozygotycznym (AG) była istotnie niższa niż u osobników homozygotycznych (ród S22). Różnica między skrajnymi wartościami wyniosła 1,71 g, co stanowiło ok. 15% masy jaja (średnia dla całego rodu 11,1 g; **praca C1**). Analiza sprzężeń (LD) ujawniła obecność dwóch haplotypów, H1 i H2, składających się z markerów SNP3 i SNP4. Tworzyły one diplotypy H1H1, H1H2 i H2H2 (**praca C2**). Wykazano związek pomiędzy poszczególnymi diplotypami a masą jaja świeżego w rodzie F33. Zależność ta nie była analizowana w rodzie S22 ze względu na monomorficzność markerów tworzących haplotypy. Najwyższe wartości analizowanej cechy posiadały osobniki o diplotypie H1H2, zaś najniższe o diplotypie H2H2. W dostępnej literaturze brak jest informacji o wpływie polimorfizmu genu owomukoidu na masę jaja w dniu zniesienia nie tylko u przepiórki japońskiej, ale również u kury domowej, będącej gatunkiem modelowym w badaniach genetycznych prowadzonych na drobiu.

Owoalbumina jest białkiem, które występuje w jajach w największej ilości. Chociaż w badaniach własnych nie zidentyfikowano podstawień niesynonimicznych w genie owoalbuminy, badania asocjacyjne wykazały istotny wpływ pozostałych SNP na masę jaja mierzonego w dniu zniesienia (**praca C3**). W przypadku rodu F33 na cechę tę wpływało siedem, a w rodzie S22 - sześć różnych SNP. Istotny związek pomiędzy polimorfizmem a wartością tej cechy wykazano dla pięciu SNP w obu analizowanych rodach przepiórek. Ze względu na brak osobników reprezentujących jeden z genotypów do wyników rodu nieśnego należy podchodzić jednak z rezerwą, a weryfikacja wpływu danego markera wymaga przeprowadzenia dodatkowych badań na większej liczbie ptaków. Najniższe wartości masy świeżego jaja w rodzie F33 miały osobniki o genotypach heterozygotycznych we wszystkich loci. Różnice pomiędzy genotypami o najniższych i najwyższych wartościach masy jaja były niewielkie i wyniosły maksymalnie 0,56 g (F33) i 0,82 g (S22). Analiza sprzężeń wykazała obecność dwóch bloków (blok 1 i blok 2), składających się odpowiednio z trzech i sześciu SNP oraz tworzących cztery i pięć haplotypów. Haplotypy pogrupowano w diplotypy. Łącznie w bloku 1 zidentyfikowano siedem, natomiast w bloku 2 - osiem różnych diplotypów. Badania wykazały ich istotny wpływ na masę świeżego jaja, jednak oba rody przepiórek znacznie różniły się pod względem reprezentacji poszczególnych diplotypów, co niewątpliwie wpłynęło

na wyniki analiz asocjacyjnych. Przy tak dużej liczbie haplotypów i diplotypów wskazane byłoby przeprowadzenie analogicznych analiz na znacznie większej liczbie osobników, tak aby każdy genotyp posiadał swoją odpowiednio liczną reprezentację. W dostępnej literaturze naukowej brak jest informacji na temat wpływu polimorfizmu genu lub białka owoalbuminy na masę jaja i inne cechy użytkowe przepiórki japońskiej. Można się jednak pośilkować danymi pochodzącymi z analogicznych badań przeprowadzonych u kury domowej. Za takim podejściem przemawia fakt, że oba te gatunki łączy bardzo wysokie podobieństwo sekwencji genu owoalbuminy, wynoszące 92,4%, a w przypadku sekwencji białka - 87,3% (wg GeneBank; dostęp: 20 luty 2026). Już w 1967 roku Buvanendran opisał związek pomiędzy polimorfizmem białka owoalbuminy a masą jaja u dwóch populacji kur rasy Leghorn w wieku 36 i 44 tygodni. Na podstawie elektroforezy autor wyróżnił dwie formy owoalbuminy różniące się tempem migracji w żelu – A i B. Osobniki posiadające wariant A owoalbuminy charakteryzowały się istotnie wyższą masą jaja w porównaniu z ptakami z wariantem B. Natomiast Kanaka i wsp. (2021), analizując polimorfizm w obrębie promotora genu owoalbuminy (*SERPINB14*), wykazali jego istotny wpływ na masę jaja również u rasy Leghorn w wieku 52 tygodni.

W trakcie przechowywania masa jaja sukcesywnie spada, co spowodowane jest stopniowym wyparowywaniem wody przez pory skorupy. Intensywność tego procesu zależy w dużej mierze od warunków przechowywania, przede wszystkim od temperatury i wilgotności, a także od cech jakościowych jaja, takich jak jakość skorupy czy liczba porów. Do chwili obecnej nie podjęto badań mających na celu ustalenie wpływu czynników genetycznych na tempo zmian masy ani innych cech jakości jaja w trakcie przechowywania. Wyniki opublikowane w pracach tworzących cykl powiązanych ze sobą artykułów stanowią jedynie przyczynek do szerszej zakrojonych badań uwzględniających podejście multiomiczne. Analizy asocjacyjne zaprezentowane w **pracach C1 i C3** nie wykazały istotnego wpływu polimorfizmów zidentyfikowanych w badanych fragmentach genów lizozymu i owoalbuminy przepiórki japońskiej na masę jaja w trakcie 14-tygodniowego przechowywania. Zaobserwowano jednak istotny wpływ polimorfizmów pojedynczych nukleotydów obecnych w genie owomukoidu (**praca 2**) na tę cechę. W przypadku przepiórek mięsnego typu użytkowego odnotowano istotny wpływ trzech SNP (SNP1, SNP3 i SNP4) na masę jaja w 2. i 10. tygodniu przechowywania. Dla wszystkich trzech polimorfizmów osobniki o genotypie AA charakteryzowały się najniższą średnią masą jaja w danym punkcie czasowym w porównaniu z ptakami heterozygotycznymi (genotyp AC lub AG) i homozygotycznymi (genotyp CC lub GG). W przypadku ptaków o najniższych wartościach tej cechy wystąpił również polimorfizm białka owomukoidu. Samice o genotypach AA w przypadku SNP1 i SNP4 posiadały Gln<sup>24</sup> i Ile<sup>112</sup>, podczas gdy przeciwstawne homozygoty - Asp<sup>24</sup> i Val<sup>112</sup>. Najwyższą średnią masę jaja w 2. i 10. tygodniu przechowywania posiadały natomiast heterozygoty Asp24Gln oraz Ile112Val. Analiza sprzężeń wykazała obecność dwóch haplotypów (H1 i H2) składających się z SNP3 i SNP4. One również istotnie wpłynęły na masę jaja mierzoną w 2. i 10. tygodniu przechowywania. Ze względu na monomorficzność tych markerów w rodzie S22 analizy asocjacyjne przeprowadzono jedynie dla rodu F33. Wśród przepiórek typu mięsnego nie wykazano istotnego wpływu SNP5 na tę cechę. Można przypuszczać, że przyczyną był brak osobników reprezentujących genotyp heterozygotyczny, gdyż w przypadku rodu S22 istotny

wpływ tego polimorfizmu zaobserwowano dla masy jaja mierzonej w 2., 3., 9. i 10. tygodniu przechowywania. Samice tego rodu o genotypie heterozygotycznym (AG) posiadały znacząco niższą średnią masę jaja w porównaniu z ptakami reprezentującymi oba genotypy homozygotyczne (AA lub GG). Nie wykazano istotnego wpływu markera SNP5 na masę jaja mierzoną w pozostałych terminach, jednak również w 4., 12., 13. i 14. tygodniu przechowywania heterozygotyczne samice wykazały najniższą wartość tej cechy. Różnice w średniej masie jaja pomiędzy heterozygotami a homozygotą reprezentującą najwyższą wartość cechy w danym terminie ważenia wahały się od 1,43 g do 2,76 g. Warto zaznaczyć, iż polimorfizm SNP5 był podstawieniem niesynonimicznym, powodującym zmianę sekwencji aminokwasowej białka w pozycji 162 (Ser162Gly), tak więc osobniki heterozygotyczne posiadały obydwie formy białka.

Cecha, jaką jest wytrzymałość skorupy jaja na zgniecenie, od wielu lat stanowi kryterium selekcyjne w programach hodowlanych drobiu na całym świecie. Pomiar tej cechy jest również wykorzystywany do oceny wpływu różnych czynników środowiskowych na jakość skorupy. W badaniach własnych zweryfikowano wpływ czynników genetycznych, takich jak polimorfizm genów lizozymu, owomukoidu i owoalbuminy, na wartości tej cechy podczas przechowywania jaj przepiórczych przez 14 tygodni (**prace C1, C2 i C3**). W poddanych sekwencjonowaniu fragmentach genu lizozymu zidentyfikowano 16 SNP oraz 1 mutację typu indel (**praca C1**). Spośród nich, wśród samic reprezentujących mięsny typ użytkowy, sześć SNP wykazało istotny wpływ na wytrzymałość skorupy na zgniecenie mierzonej w 3. tygodniu przechowywania, natomiast siedem SNP wpływało na tę cechę w 13. tygodniu. Dotyczyło to zarówno podstawienia niesynonimicznego (SNP1), jak i podstawień synonimicznych oraz polimorfizmów zlokalizowanych w intronach, znajdujących się w bezpośredniej bliskości sekwencji kodujących. Podstawienia niesynonimiczne zmieniają nukleotydy w obrębie kodonu, co prowadzi do zmiany aminokwasu w strukturze pierwszorzędowej białka. Może to wpływać na jego strukturę oraz właściwości fizykochemiczne, powodując np. wzrost lub spadek aktywności bakteriobójczej lizozymu. Mutacje synonimiczne nie zmieniają składu aminokwasowego białka, lecz mogą wpływać na jego ekspresję i fenotyp organizmu (Shen i wsp., 2022). W obrębie intronów mogą znajdować się elementy regulujące ilość powstającego mRNA oraz białka, co również może mieć wpływ na fenotyp. Z tego względu w badaniach opublikowanych w pracach **C1, C2 i C3** analizy asocjacyjne obejmowały polimorfizmy zarówno w sekwencjach kodujących, jak i niekodujących.

W przypadku przepiórek japońskich typu nieśnego jedynie pięć SNP obecnych w genie lizozymu miało wpływ na wytrzymałość skorupy na zgniecenie. SNP7 i SNP8 wpływały na tę cechę przez większość okresu przechowywania jaj (2, 3, 4, 10, 11 i 13 tydzień). Jedyne polimorfizmy mające charakter podstawienia niesynonimicznego, SNP1 (Lys39Gln), istotnie wpływał na wytrzymałość skorupy w 2., 3., 4. i 11. tygodniu przechowywania, ale jedynie w rodzie S22. Brak jego efektu w rodzie F33 mógł wynikać z nieobecności homozygot AA. Nawet poszerzenie badań o większą liczbę zwierząt mogłoby nie dać jednoznacznych rezultatów ze względu na niską frekwencję allelu A (5%) w tej populacji (**praca C1**).

Analiza sprzężeń wykazała obecność 8 haplotypów zgrupowanych w trzy bloki: 1 (SNP2, SNP5, SNP6), 2 (SNP7, SNP8) i 3 (SNP10, SNP11, SNP12, SNP13). W rodzie F33

miały one wpływ na analizowaną cechę w dniu zniesienia oraz w 2., 3. i 13. tygodniu przechowywania. W rodzie S22 haplotypy z bloków 2 i 3 wpływały na wytrzymałość skorupy na zgniecenie praktycznie przez cały okres przechowywania tj. od dnia zniesienia do 12 tygodnia. Obydwa rody znacznie różniły się pod względem wytrzymałości skorupy na zgniecenie w każdym punkcie pomiarowym. Wyższe wartości tej cechy zaobserwowano w rodzie S22, który jednocześnie odznaczał się niższą średnią mają jąją. Nie stwierdzono natomiast istotnego wpływu czasu przechowywania na tę cechę (C1). Lizozym znany jest przede wszystkim jako białko o właściwościach przeciwbakteryjnych, odgrywające kluczową rolę w ochronie rozwijającego się zarodka przed drobnoustrojami wnikającymi do wnętrza jaja poprzez pory lub mikrouszkodzenia skorupy. Jednakże, jak wskazują badania, jest on również składnikiem błon podskorupowych, białkowej macierzy skorupy i kutikuli (Hincke i wsp., 2000; Gautron i wsp., 2001; Wang i wsp., 2009; Moreau i wsp., 2022). Badania *in vitro* wykazały, że lizozym modyfikował morfologię kryształów węglanu wapnia i opóźniał jego precypitację, co w konsekwencji mogło zaburzać proces kalcyfikacji (Hincke i wsp., 2000). Jego wysoka koncentracja destabilizowała ponadto amorficzny węglan wapnia (amorphous calcium carbonate; Voinescu i wsp., 2007a; Wolf i wsp., 2011), co wskazuje na jego rolę w procesie biomineralizacji skorupy. Modyfikacje te wpływają na mikrostrukturę skorupy jaja (rozmiar i orientację kryształów), a tym samym na jej właściwości mechaniczne. Zmiany w ilości określonych białek w macierzy organicznej skorupy jaja np. uwarunkowane wiekiem nioski wpływają na jej wytrzymałość (Rodriguez-Navarro i wsp., 2002; Ahmed i wsp., 2005; Zhao i wsp., 2024; Fu i wsp., 2025). Wraz z wiekiem nioski zwiększa się ilość i aktywność lizozymu (Lewko i wsp., 2021; Zhao i wsp., 2024), co może negatywnie wpływać na tworzenie się kryształów węglanu wapnia w trakcie kalcyfikacji skorupy jaja prowadząc do obniżenia jej jakości manifestującej się spadkiem wytrzymałości na zgniecenie. Potwierdzają to badania Zhao i wsp. (2024), którzy zidentyfikowali różnice w ilości 76 różnych białek tworzących macierz skorupy u niosek w wieku 38 i 108 tygodni. Wzrost ilości lizozymu przy jednoczesnym spadku zawartości owokleidyny 116, osteopontyny oraz białek wiążących wapń wraz z wiekiem samic miał wpływ na strukturę skorupy jaja. Autorzy wykazali ponadto ujemną korelację pomiędzy koncentracją lizozymu a efektywną grubością skorupy, mającą bezpośredni wpływ na jej wytrzymałość (Dunn i wsp., 2012). Wyniki badań opublikowanych w C1 jednoznacznie wskazują na wpływ polimorfizmu genu lizozymu na wytrzymałość skorupy jaja na zgniecenie. Dokładne wyjaśnienie mechanizmu tego wpływu wymaga jednak dalszych badań.

Ocena wpływu polimorfizmów zidentyfikowanych w sekwencji genu owomukoidu na wytrzymałość skorupy jaja na zgniecenie wykazała istotny wpływ SNP5 na wartość tej cechy w trakcie przechowywania (C2). SNP5 jest podstawieniem niesynonimicznym, powodującym zmianę sekwencji białka owomukoidu (Ser162Gly). Wyniki badań własnych wskazują, że osobniki homozygotyczne posiadające glicynę w pozycji 162 sekwencji aminokwasowej charakteryzowały się najwyższymi wartościami wytrzymałości skorupy przez cały okres przechowywania, chociaż istotny wpływ tego fenotypu wykazano jedynie w dniu zniesienia oraz w 2., 4. i 12. tygodniu. Z kolei homozygoty Ser<sup>162</sup> wykazały najniższą wartość tej cechy w kolejnych punktach pomiarowych. Efekt tego polimorfizmu był obserwowany jedynie w przypadku samic rodu S22, gdyż w analizowanej populacji ptaków rodu F33 frekwencja allelu

G, odpowiedzialnego za wariant białka owomukoidu posiadający glicynę w pozycji 162, wyniosła jedynie 4% a genotyp/fenotyp heterozygotyczny nie był reprezentowany. W przypadku tego rodzaju zaobserwowano natomiast istotny wpływ diplotypów (SNP3, SNP4) na tę cechę mierzoną w 12. tygodniu przechowywania.

W badaniach własnych pomiaru grubości skorupy jaj dwóch rodzajów przepiórek japońskich dokonano klasyczną metodą destrukcyjną przy użyciu śruby mikrometrycznej. Badanie grubości skorupy wraz z błonami podskorupowymi wykonano w części równikowej jaja po uprzednim jego rozbiciu (**prace C1, C2, C3**). Zaobserwowano istotny wpływ rodzaju, z którego pochodziły samice, na grubość skorupy - samice w typie użytkowym niesnym charakteryzowały się nieznacznie grubszy skorupami przez cały okres przechowywania, chociaż różnice istotne statystycznie zaobserwowano jedynie w 2., 4., 10., 11. i 14. tygodniu (**praca C1**). Niektóre badania wskazują na niewielką, choć ujemną, korelację genetyczną i/lub fenotypową pomiędzy grubością skorupy a masą jaja (Sreenivas i wsp., 2013; Blanco i wsp., 2014). Może to być przyczyną różnic międzyrodowych w grubości skorupy, gdyż przepiórki rodzaju F33 charakteryzowały się wyższą średnią masą jaja w trakcie przechowywania w porównaniu z ptakami rodzaju S22. Również czas przechowywania miał istotny wpływ na grubość skorupy. Efekt ten zaobserwowano wyłącznie w przypadku jaj samic rodzaju F33, gdzie wartość tej cechy wahała się pomiędzy 0,162 a 0,196 mm. W przypadku ptaków rodzaju S22 grubość skorupy pozostała na relatywnie stałym poziomie i przyjęła wartości pomiędzy 0,177 a 0,191 mm. W obydwu rodzajach grubość skorupy nieznacznie wzrosła w trakcie przechowywania, choć zmiany te były statystycznie istotne jedynie w przypadku jaj samic rodzaju F33. Wzrost wartości tej cechy prawdopodobnie nie był związany ze zmianami w obrębie samej skorupy, lecz błon podskorupowych, gdyż pomiar grubości skorupy dokonano wraz z nimi. Pomiar grubości skorupy z błonami podskorupowymi jest powszechnie stosowany do określenia wartości tej cechy w jajach świeżych. Być może w trakcie przechowywania, na skutek odparowania wody oraz zagęszczenia treści jaja, w błonach podskorupowych dochodzi do zmian powodujących wzrost wartości tej cechy. Grubość skorupy jaj ptaków obydwu rodzajów oceniono w ten sam sposób w związku z czym wyniki można uznać za porównywalne.

W badaniach własnych istotny wpływ polimorfizmów SNP oraz diplotypów na grubość skorupy w trakcie przechowywania zaobserwowano w przypadku genów owomukoidu i owoalbuminy (**prace C2 i C3**).

W genie owomukoidu zidentyfikowano łącznie 5 polimorfizmów pojedynczych nukleotydów. Spośród nich jedynie SNP5, będący podstawieniem niesynonimicznym (Ser162Gly), wykazał istotny wpływ na grubość skorupy w 2., 4., 9. i 12. tygodniu przechowywania. Podobnie jak w przypadku wytrzymałości skorupy na zgniecenie, najwyższymi średnimi wartościami tej cechy przez cały okres przechowywania odznaczały się ptaki o genotypie GG (fenotyp Gly162Gly), zaś najniższymi - heterozygoty AG (fenotyp Ser162Gly), chociaż istotny wpływ tego genotypu zaobserwowano jedynie w wymienionych punktach czasowych i wyłącznie w rodzaju S22. Wśród przebadanych samic rodzaju F33 nie zaobserwowano osobników heterozygotycznych, a frekwencja rzadszego allelu wyniosła jedynie ok. 4%, co mogło wpłynąć na wyniki analiz asocjacyjnych. Bardzo zbliżone wyniki analiz asocjacyjnych pomiędzy SNP5, zlokalizowanym w eksonie 5 genu owomukoidu, a wytrzymałością skorupy na zgniecenie oraz jej grubością wynikają najprawdopodobniej z

bardzo wysokich dodatnich korelacji genetycznych i środowiskowych pomiędzy tymi cechami (Kibala i wsp., 2018; Knaga i wsp., 2019). Analiza sprzężeń wykazała, że SNP3 i SNP4 pozostają w nierównowadze sprzężeń i współtworzą określone haplotypy. Ich wpływ na grubość skorupy obserwowano jedynie w 12. tygodniu przechowywania w rodzie F33. W przypadku samic rodu S22 analizy asocjacyjne ograniczyły się jedynie do SNP2 i SNP3, ponieważ pozostałe trzy polimorfizmy okazały się monomorficzne. Owomukoid należy do inhibitorów proteaz serynowych i pełni w jaju przede wszystkim funkcję obronną, hamując aktywność enzymów bakteryjnych. Wskazuje się jednak, że może on również uczestniczyć w procesie mineralizacji skorupy jaja, oddziałując na białka macierzy skorupowej i modulując ich aktywność (Marie i wsp., 2015). Tym samym białko to może pośrednio wpływać na właściwości strukturalne skorupy. W badaniach własnych (C2) wszystkie trzy polimorfizmy zidentyfikowane w eksonach genu owomukoidu były podstawieniami niesynonimicznymi. Wyniki kwerendy przeprowadzonej w dostępnej literaturze naukowej wskazują jedynie trzy prace traktujące o polimorfizmie białka owomukoidu i dotyczą substytucji Ser162Gly (Bogard Jr i wsp., 1980; Kato i wsp., 1987; Hao i wsp., 2023). Według autorów wariant białka zawierający serynę w pozycji 162 był bardziej aktywny inhibicyjnie w porównaniu z formą, w której w tym miejscu występowała glicyna. Możliwe, że pozostałe dwie substytucje aminokwasowe wykazane w **pracy C2** również skutkują modyfikacjami aktywności białka owomukoidu.

W przypadku genu *SERPINB14*, kodującego owoalbuminę, analizy asocjacyjne wykazały istotny wpływ trzech polimorfizmów, tj. SNP6 (F33 i S22), SNP7 (F33) i SNP11 (F33 i S22), na grubość skorupy jaja w dniu zniesienia (F33 i S22) oraz w 2. (F33), 3. (S22), 4. (F33) i 14. (F33) tygodniu przechowywania (**praca C3**). Wyniki analizy sprzężeń pomiędzy poszczególnymi polimorfizmami wskazały na istnienie dwóch bloków: blok 1 (SNP6, SNP7, SNP9) oraz blok 2 (SNP10, SNP11, SNP14, SNP15, SNP16, SNP17). Na podstawie zrekonstruowanych diplotypów i analizy asocjacji w rodzie F33 wykazano istotny wpływ bloku 1 na grubość skorupy jaja mierzoną w 4. i 14. tygodniu przechowywania, zaś bloku 2 - na tę cechę mierzoną w dniu zniesienia oraz w 2., 4., 11. i 14. tygodniu przechowywania. Spośród wszystkich polimorfizmów spełniających wymagania analiz asocjacyjnych dwa markery znajdowały się we fragmentach kodujących i były podstawieniami synonimicznymi (SNP9, SNP11), trzy (SNP6, SNP7, SNP10) występowały w intronach, natomiast pięć (SNP11, SNP14, SNP15, SNP16, SNP17) zidentyfikowano w regionie niepodlegającym translacji znajdującym się na końcu 3' (3'UTR). Wyniki zaprezentowane w **pracy C3** znajdują potwierdzenie we wcześniejszych badaniach przeprowadzonych na kurach rasy Rhode Island Red (Dunn i wsp., 2009). Autorzy wykazali związek pomiędzy polimorfizmem zmapowanym w pozycji g8605.C>G genu owoalbuminy a całkowitą i efektywną grubością skorupy. Osobniki o genotypie heterozygotycznym (C/G) charakteryzowały się najniższymi wartościami tych cech. Z kolei Wang i wsp. (2017), analizując sekwencję genu *SERPINB14* w czystej linii kur rasy Rhode Island White, zidentyfikowali m.in. polimorfizmy SNP obecne w regionach 3'UTR i 5'UTR, mające wpływ na całkowitą i efektywną grubość skorupy oraz gęstość brodawek.

Owoalbumina stanowi około 54% białek części białkowej jaja. Choć jej podstawowa funkcja nie została jednoznacznie określona, wykazano jej udział w procesie mineralizacji skorupy jaja jako składnika białkowej macierzy skorupowej (Hincke, 1995; Panheleux i wsp.,

1999; Panheleux i wsp., 2000; Mann i wsp., 2006; 2015; Pipich i wsp., 2008; Wang i wsp., 2009, 2010; Wolf i wsp., 2011; Feng i wsp., 2020). Badania eksperymentalne sugerują ponadto, że może ona wpływać na przebieg krystalizacji węglanu wapnia, a tym samym na właściwości strukturalne skorupy (Rodriguez-Navarro i wsp., 2002; Ahmed i wsp., 2005; Wang i wsp., 2010; Dunn i wsp., 2012). Warianty genu owoalbuminy powiązane z parametrami strukturalnymi skorupy, co wskazuje na pośredni wpływ czynników genetycznych na jej właściwości mechaniczne. Wyniki badań własnych (**praca C1**) oraz innych autorów potwierdzają istotny wpływ polimorfizmów w sekwencji genu *SERPINB14* na grubość skorupy i, pośrednio na jej właściwości mechaniczne. Warto zatem rozważyć możliwość ich wykorzystania jako markerów w programach hodowlanych uwzględniających jako jedno z kryteriów cechy jakości skorupy.

Pomiar masy skorupy jaja jest jedną z pośrednich metod oceny jakości skorupy, a przede wszystkim jej wytrzymałości. Pomiar pośrednie opierają się na założeniu istnienia wysokiej korelacji pomiędzy ich wartością a wartością pomiaru bezpośredniego, tj. wytrzymałości skorupy na zgniecenie. W przypadku obydwu tych cech występuje umiarkowanie wysoka dodatnia korelacja genetyczna (0,55) i fenotypowa (0,58; Narinc i wsp., 2015). Wysoka odziedziczalność (0,76) wskazuje natomiast na znaczący wpływ czynników genetycznych. Jednak destrukcyjny charakter pomiaru masy i procentowego udziału skorupy sprawił, że cecha ta rzadko jest wykorzystywana jako kryterium selekcyjne w programach hodowlanych. Analizuje się ją głównie przy okazji badań nad wpływem czynników środowiskowych na jakość jaj.

W badaniach własnych wykazano istotny wpływ polimorfizmu SNP5 obecnego w genie owomukoidu na masę skorupy jaja w 2., 3., 9. i 10. tygodniu przechowywania (**praca C2**). Efekt ten był widoczny wśród samic rodu S22. Brak jakiegokolwiek asocjacji markerów z badaną cechą w rodzie F33 można tłumaczyć nieobecnością genotypu heterozygotycznego w analizowanej populacji i niską, 4-procentową frekwencją rzadszego allelu. W przypadku przepiórek typu mięsnego zaobserwowano jednak istotny wpływ diplotypów na tę cechę mierzoną w jajach świeżych (**praca C2**). Poza masą skorupy jaja SNP5 wpływał również istotnie na masę jaja oraz dwie pozostałe analizowane cechy jakości skorupy, tj. wytrzymałość na zgniecenie oraz grubość. Koincydencję tę można tłumaczyć umiarkowanymi i wysokimi korelacjami genetycznymi i fenotypowymi pomiędzy wymienionymi cechami. Wysoką dodatnią korelację genetyczną (0,75) i fenotypową (0,81) zaobserwowano również pomiędzy masami skorupy a masą jaja (Narinc i wsp., 2015).

Spośród trzech analizowanych genów istotny wpływ polimorfizmów na wartość masy żółtka w trakcie przechowywania zaobserwowano jedynie w przypadku markerów obecnych w genie owomukoidu (**praca C2**). Podobnie jak w przypadku masy jaja oraz cech jakości skorupy (masa, grubość i wytrzymałości), istotny wpływ na średnią masę żółtka w trakcie przechowywania miał SNP5, powodujący zmianę struktury pierwszorzędowej białka owomukoidu (Ser162Gly). Efekt ten był szczególnie widoczny w późniejszych tygodniach przechowywania, tj. 9., 10., 12. i 14. tygodniu, i dotyczył jedynie rodu nieśnego. Przez cały okres przechowywania najniższymi wartościami średniej masy żółtka odznaczały się samice o genotypie heterozygotycznym (A/G), posiadające w pozycji 162 sekwencji aminokwasowej zarówno serynę, jak i glicynę. W trakcie przechowywania żółtko stopniowo zwiększa swoją

masę, co wynika z dyfuzji wody z białka do żółtka. W konsekwencji masa białka spada, a żółtka rośnie. Wyniki badań własnych wskazują, że procentowa masa żółtka w trakcie przechowywania wzrosła o ok. 10%. O taką samą wartość spadł natomiast procentowy udział białka w masie jaja (**praca C1**).

Istotny wpływ na masę i procentowy udział białka zaobserwowano w przypadku polimorfizmów zidentyfikowanych w genie owoalbuminy. W zależności od rodu, istotny wpływ markerów na masę białka odnotowano w 2. (SNP7, SNP9), 10. (SNP9, SNP14), 13. (SNP14) i 14. (SNP7), natomiast diplotypów w 2., 13. i 14. tygodniu przechowywania (**praca C3**). Na procentowy udział białka w masie jaja w drugim tygodniu przechowywania w rodzie F33 istotny wpływ miało pięć SNP (SNP9, SNP10, SNP14, SNP15, SNP16). Z kolei w rodzie S22 odnotowano istotny wpływ markerów na tę cechę w 10. (SNP6, SNP9, SNP14, SNP15, SNP16), 13. (SNP7, SNP14) i 14. (SNP7) tygodniu przechowywania. Wpływ diplotypów na tę cechę zaobserwowano jedynie w przypadku jaj rodu S22 w 13. i 14. tygodniu przechowywania. W dostępnej literaturze naukowej brakuje informacji na temat bezpośredniego wpływu polimorfizmów w genach lizozymu, owoalbuminy czy owomukoidu na cechy jakości treści jaja, takie jak masa i procentowy udział żółtka i białka w masie jaja. Dotyczy to zarówno przepiórki japońskiej, jak i kury domowej - gatunku modelowego w badaniach genetycznych drobiu. Dane mogące jedynie sugerować potencjalny związek pomiędzy wariantami genu owomukoidu a cechami jakościowymi jaja pochodzą z bazy regionów QTL zidentyfikowanych u kury domowej (Chicken QTLdb; dostęp: luty 2026 r.; Hu i wsp., 2022). U tego gatunku, na chromosomie 13, gdzie znajduje się locus genu owomukoidu zarówno u przepiórki japońskiej, jak i kury, zidentyfikowano locus o potencjalnym wpływie na masę żółtka (Abasht i wsp., 2009). Trudno jednak zweryfikować, czy zmienność masy żółtka w przytoczonych badaniach była związana z polimorfizmem w genie owomukoidu, czy też z wariantami innych genów obecnych na chromosomie 13.

#### 4.2.3.4 CS4. Analiza asocjacji pomiędzy polimorfizmami genów a wartościami cech wylęgowości przepiórki japońskiej

Realizacja celu szczegółowego CS4 została przedstawiona w **pracach C3 i C4**, które stanowią dwa komplementarne etapy badań nad wpływem zmienności genów kodujących główne białka jaja przepiórki japońskiej na cechy wylęgowości. W pierwszym etapie, opisanym w **pracy C3**, analizie poddano dwa rody różniące się typem użytkowym, co umożliwiło ocenę zależności pomiędzy polimorfizmem genu owoalbuminy a parametrami reprodukcyjnymi w odmiennych kontekstach genetycznych i produkcyjnych. Warianty SNP14 i SNP16 w regionie 3' UTR genu *SERBINB14* istotnie różnicowały procent zamarych zarodków w 14.–18. dobie inkubacji; w rodzie F33 różnica między skrajnymi homozygotami przekraczała 18%. Efekt genotypowy stwierdzono wyłącznie w rodzie mięsnym, co wskazuje na uwarunkowanie działania tych wariantów tłem genetycznym populacji. Uzyskane wyniki sugerowały, że warianty zlokalizowane w regionach regulatorowych genu *SERBINB14*, zwłaszcza w obrębie 3' UTR, mogą modulować przebieg embriogenezy.

Drugi etap badań, przedstawiony w **pracy C4**, stanowił rozwinięcie i pogłębienie analiz przeprowadzonych w publikacji **C3**. Badania wykonano wyłącznie w obrębie rodu mięsnego F33, przy zwiększonej liczbie osobników, co pozwoliło na uzyskanie większej mocy

statystycznej analiz. Zamiast porównania rodów o odmiennym typie użytkowym zastosowano podział samic jednego rodu na grupy o wysokiej i niskiej wylęgowości. Takie podejście umożliwiło ocenę architektury genetycznej cech reprodukcyjnych w obrębie jednej populacji, przy jednoczesnym rozdzieleniu parametrów związanych z zapłodnieniem, wylęgiem z jaj nałożonych, wylęgiem z jaj zapłodnionych, procentem zdrowych piskląt oraz śmiertelnością zarodków we wczesnym i późnym okresie inkubacji. W **pracy C4** zidentyfikowano 37 polimorfizmów typu SNP oraz jeden indel w genach *LYZ*, *OVM* i *SERBINB14*. Analiza LD oraz rekonstrukcja haplotypów i diplotypów wykazały istotne związki określonych polimorfizmów/diplotypów z cechami reprodukcyjnymi, zwłaszcza w grupie o wysokiej wylęgowości. Polimorfizmy genu *LYZ* oraz *OVM* były istotnie związane z zapłodnieniem, wylęgiem z jaj nałożonych oraz procentem wykluwanych zdrowych piskląt, natomiast w grupie o niskiej wylęgowości dominowały asocjacje wariantów genu *SERBINB14*, szczególnie zlokalizowanych w regionie 3' UTR, z procentem zmarłych zarodków we wczesnym i późnym etapie inkubacji. Zależności pomiędzy markerami *LYZ* i *OVM* a zapłodnieniem należy jednak interpretować raczej jako efekt sprzężeń z innymi *loci* zlokalizowanymi w analizowanych regionach genomu, a nie jako bezpośredni wpływ białek białka jaja na sam proces zapłodnienia. Ponadto wyniki te wskazują, że efekt genetyczny może być zależny zarówno od kontekstu fenotypowego populacji, jak i od struktury zmienności w obrębie analizowanego rodu.

Uzyskane rezultaty należy interpretować w świetle wcześniejszych badań dotyczących wpływu polimorfizmów genów *LYZ*, *OVM* i *SERBINB14* na cechy wylęgowości drobiu. W odniesieniu do genu *LYZ*, Hou i wsp. (2010), Myint i wsp. (2012c), Huang i Cheng (2014) oraz Yan i wsp. (2016) wykazali istotne związki wariantów tego genu z wylęgiem z jaj nałożonych, wylęgiem z jaj zapłodnionych oraz przeżywalnością zarodków w trakcie inkubacji. Myint i wsp. (2012a) opisali mutację Gln21Lys w genie *LYZ*, prowadzącą do powstania allozymów S i F, oraz stwierdzili, że samice SS charakteryzowały się o 5,3% wyższą wylęgowością w porównaniu z FF. W badaniach własnych allel kodujący formę F występował w rodzie F33 z niską frekwencją, co mogło ograniczać możliwość wykazania jego efektu w analizach międzyrodowych. W **pracy C4** zależności pomiędzy wariantami *LYZ* a zapłodnieniem, wylęgiem z jaj nałożonych oraz procentem zdrowych piskląt obserwowano głównie w grupie o wysokiej wylęgowości, co wskazuje na znaczenie kontekstu fenotypowego i struktury populacji.

Podobną zgodność kierunkową obserwowano w odniesieniu do genu *OVM*. Huang i wsp. (2011) wykazali u kaczek związki delecji w obrębie genu *OVM* z obniżeniem wylęgu z jaj nałożonych i wylęgu z jaj zapłodnionych, natomiast Susanti i Yuniastuti (2020) potwierdzili zależności pomiędzy polimorfizmem *OVM* a zapłodnieniem, wylęgiem z jaj nałożonych oraz wylęgiem z jaj zapłodnionych. W **pracy C4** warianty *OVM* były związane z zapłodnieniem, wylęgiem z jaj nałożonych i procentem zdrowych piskląt w grupie o wysokiej wylęgowości, co pozostaje spójne z wcześniejszymi doniesieniami.

W przypadku genu *SERBINB14* wcześniejsze badania dotyczyły głównie kur i kaczek. Inafuku i wsp. (1997) wykazali, że brak izoformy A1 u kur prowadził do bardzo wysokiej śmiertelności zarodków oraz wylęgu z jaj nałożonych na poziomie 1,5%. Huang i wsp. (2013) oraz Susanti i wsp. (2019) opisali u kaczek SNP w genie *SERBINB14* istotnie różnicujący wylęg z jaj nałożonych, przy niższych wartościach u heterozygot. Na tym tle wykazany w **pracach C3 i C4** związek wariantów 3' UTR genu *SERBINB14* z procentem zmarłych zarodków we

wczesnym i późnym okresie inkubacji wskazuje, że również u przepiórki japońskiej zmienność regulatorowa tego genu może modulować przeżywalność zarodków.

Łącznie prace C3 i C4 dostarczyły nowych danych dotyczących molekularnych uwarunkowań cech wylęgowości u przepiórki japońskiej, wskazując na znaczenie wariantów regulatorowych (3' UTR w *SERPINB14*) oraz kombinacji allelicznych w obrębie genów *LYZ* i *OVM*, przy uwzględnieniu struktury sprzężeń oraz zróżnicowania fenotypowego w obrębie jednego rodu hodowlanego.

#### 4.2.4 Podsumowanie

Uzyskane wyniki potwierdzają wpływ polimorfizmów w genach owoalbuminy, owomukoidu i lizozymu na cechy wylęgowości i jakości jaja w trakcie przechowywaniu u przepiórki japońskiej.

1. Pomimo utrzymywania przez ponad 80 pokoleń jako populacja zamknięta przed dolewem obcej krwi, bez stosowania presji selekcyjnej (ród F33) lub pomimo prowadzonej przez 18 pokoleń selekcji kierunkowej (ród S22), analizowane rody przepiórek japońskich charakteryzują się dość wysoką zmiennością genetyczną, manifestującą się występowaniem polimorfizmów w obrębie analizowanych sekwencji trzech genów (**prace C1, C2, C3, C4**).
2. Spośród 38 polimorfizmów (37 SNP i 1 indel) zidentyfikowanych łącznie w trzech analizowanych genach u dwóch rodów przepiórek japońskich różniących się typem użytkowym, jedynie dwa warianty (c.115A>C w genie lizozymu oraz c.481A>G w genie owomukoidu) były wcześniej opisane w literaturze naukowej. Pozostałe 36 polimorfizmów (35 SNP i 1 indel) zostało zidentyfikowanych i scharakteryzowanych po raz pierwszy, co istotnie poszerza aktualny stan wiedzy dotyczący zmienności genetycznej genów kodujących główne proteiny białka jaja przepiórki japońskiej oraz podkreśla nowatorski charakter przeprowadzonych badań (**prace C1, C2, C3, C4**).
3. Zastosowana po raz pierwszy w badaniach ocena asocjacji pomiędzy polimorfizmem genów a cechami jakości jaja w trakcie przechowywania ujawniła związek pomiędzy markerami genetycznymi, obecnymi w sekwencjach kodujących lizozym, owomukoid oraz owoalbuminę - białkami występującymi w największej ilości w białku jaja ptaków użytkowych - a masą jaja świeżego i przechowywanego, cechami jakości skorupy (wytrzymałość skorupy na zgniecenie, grubość skorupy, masa skorupy) oraz treści jaja (masa i procentowy udział białka w masie jaja) w różnych okresach przechowywania (**prace C1, C2, C3**).
4. Wykazano, że zmienność genów *SERPINB14*, *LYZ* i *OVM* może współkształtować kluczowe parametry reprodukcyjne przepiórek japońskich, w tym przeżywalność zarodków w końcowym etapie inkubacji oraz wskaźniki zapłodnienia i wylęgu. Szczególne znaczenie miały warianty regulatorowe zlokalizowane w regionie 3' UTR genu *SERPINB14*, natomiast efekty markerów w genach *LYZ* i *OVM* ujawniały się w kontekście struktury zmienności populacji. Wyniki te potwierdzają, że geny kodujące główne białka części białkowej jaja mogą stanowić element molekularnego podłoża zarówno jakości jaja,

jak i efektywności reprodukcyjnej, a ich interpretacja wymaga uwzględnienia zależności genotyp–fenotyp (**praca C3 i C4**).

Osiągnięcie to wprowadza do dyscypliny zootechniki i rybactwa nowe ujęcie badawcze – genetykę dynamiki jakości jaja – wykazując, że zmienność genetyczna może determinować nie tylko poziom cech jakościowych w dniu zniesienia, lecz także tempo i kierunek ich zmian w trakcie przechowywania. Dotychczas jakość jaja traktowano głównie jako parametr statyczny, oceniany jednorazowo, bez uwzględniania komponentu czasowego. Przedstawione wyniki potwierdzają, że takie cechy jak masa jaja, właściwości skorupy czy parametry treści jaja podlegają modulacji genetycznej również w ujęciu temporalnym, co rozszerza klasyczne modele interpretacji zależności genotyp–fenotyp w produkcji drobiarskiej o wymiar dynamiczny. W tym ujęciu dynamika jakości jaja została zdefiniowana jako odrębny, biologicznie uzasadniony problem badawczy, możliwy do uchwycenia i kwantyfikacji za pomocą wielopunktowego fenotypowania oraz analizy asocjacyjnej.

Analizy oparte na trzech genach kandydujących stanowią jednocześnie punkt wyjścia do badań o charakterze wielogenowym i genomowym. Wykazanie efektu genetycznego w odniesieniu do wybranych loci wskazuje, że dynamika jakości jaja ma najprawdopodobniej złożone, poligeniczne podłoże. Rozszerzenie badań na poziom całogenomowy umożliwiłoby identyfikację asocjacji w skali całego genomu, ich adnotację funkcjonalną oraz wskazanie genów i potencjalnie przyczynowych wariantów determinujących tempo i kierunek zmian cech jakościowych jaja.

W konsekwencji dynamika jakości jaja może zostać potraktowana jako nowy, mierzalny i potencjalnie selekcyjny komponent wartości użytkowej, obejmujący zespół parametrów opisujących zmiany cech jakościowych w czasie. Otwiera to możliwość prowadzenia selekcji nie tylko w kierunku wysokiej jakości jaja w dniu zniesienia, lecz także w kierunku utrzymywania korzystnych parametrów jakościowych w łańcuchu produkcyjnym i obrocie handlowym, co ma bezpośrednie znaczenie ekonomiczne dla praktyki hodowlanej i stanowi podstawę dalszego rozwoju selekcji opartej na danych molekularnych.

Równocześnie wykazano, że zmienność genów *SERPINB14*, *LYZ* i *OVM* może wpływać na kluczowe parametry wylęgowości, w tym zapłodnienie, wylęg z jaj nałożonych oraz przeżywalność zarodków w końcowym etapie inkubacji. Uzyskane wyniki wskazują, że geny kodujące główne białka części białkowej jaja mogą być zaangażowane nie tylko w determinowanie cech jakościowych, lecz również w kształtowanie wybranych wskaźników wylęgowości. Zestawienie analiz jakościowych i reprodukcyjnych pozwala zatem traktować te obszary nie jako całkowicie niezależne, lecz jako częściowo powiązane komponenty użyteczności. Stwarza to możliwość projektowania programów selekcyjnych ukierunkowanych równocześnie na utrzymywanie wysokiej jakości jaja w czasie przechowywania oraz poprawę parametrów wylęgu.

#### 4.2.5 Bibliografia

1. Abasht, B., E. Sandford, J. Arango, P. Settar, J. E. Fulton, N. P. O'Sullivan, A. Hassen, D. Habier, R. L. Fernando, J. C. Dekkers, and S. J. Lamont. 2009. Extent and consistency of linkage disequilibrium and identification of DNA markers for production and egg quality traits in commercial layer chicken populations. *BMC Genomics* 10:S2.
2. Ahmed, A. M. H., A. B. Rodriguez-Navarro, M. L. Vidal, J. Gautron, J. M. García-Ruiz, and Y. Nys. 2005. Changes in eggshell mechanical properties, crystallographic texture and in matrix proteins induced by moult in hens. *British Poultry Science* 46:268–279.
3. Akpinar, G. C., S. Canogullari, M. Baylan, S. Alasahan, and A. Aygun. 2015. The use of propolis extract for the storage of quail eggs. *Journal of Applied Poultry Research*. 24: 427–435.
4. Alkan, S., K. Karabag, A. Galic, and M. S. Balcioglu. 2008. Effects of genotype and egg weight on hatchability traits and hatching weight in Japanese quail. *South African Journal of Animal Science* 38:231–237.
5. Asao, T., K. Takahashi, and M. Tashiro. 1998. Interaction of second and third domains of Japanese quail ovomucoid with ten mammalian trypsin. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Protein Structure and Molecular Enzymology* 1387:415–421.
6. Aygun, A., and D. Sert. 2013. Effects of prestorage application of propolis and storage time on eggshell microbial activity, hatchability, and chick performance in Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*) eggs. *Poultry Science*. 92: 3330–3337.
7. Baker, C. A., and C. Manwell. 1967. Molecular genetics of avian proteins—VIII. Egg white proteins of the migratory quail, *Coturnix coturnix*—new concepts of “hybrid vigour.” *Comparative Biochemistry and Physiology* 23:21–42.
8. Baumgartner, J., Z. Končėková, J. Benková, D. Peškovičová, J. Simenovová, and J. Csuka. 2008. Changes in egg quality traits associated with long-term selection for lower yolk cholesterol content in Japanese quail. *Czech Journal of Animal Science*. 53:119–127.
9. Blanco, A. E., W. Icken, D. Ould-Ali, D. Cavero, and M. Schmutz. 2014. Genetic parameters of egg quality traits on different pedigree layers with special focus on dynamic stiffness. *Poultry Science* 93:2457–2463.
10. Bogard Jr, W. C., I. Kato, and M. Laskowski Jr. 1980. A Ser162/Gly162 polymorphism in Japanese quail ovomucoid. *Journal of Biological Chemistry* 255:6569–6574.
11. Cui, R., S. Ji, M. Xia, X. Fu, and X. Huang. 2023. Mechanistic studies of polyphenols reducing the trypsin inhibitory activity of ovomucoid: Structure, conformation, and interactions. *Food Chemistry* 408:135063.
12. Dunn, I. C., A. B. Rodríguez-Navarro, K. Mcdade, M. Schmutz, R. Preisinger, D. Waddington, P. W. Wilson, and M. M. Bain. 2012. Genetic variation in eggshell crystal size and orientation is large and these traits are correlated with shell thickness and are associated with eggshell matrix protein markers. *Animal Genetics* 43:410–418.
13. Dunn, I. C., N. T. Joseph, M. Bain, A. Edmond, P. W. Wilson, P. Milona, Y. Nys, J. Gautron, M. Schmutz, R. Preisinger, and D. Waddington. 2009. Polymorphisms in eggshell organic matrix genes are associated with eggshell quality measurements in pedigree Rhode Island Red hens. *Animal Genetics* 40:110–114.
14. Feeney, R. E., G. E. Means, and J. C. Bigler. 1969. Inhibition of Human Trypsin, Plasmin, and Thrombin by Naturally Occurring Inhibitors of Proteolytic Enzymes. *Journal of Biological Chemistry* 244:1957–1960.
15. Feng, J., H. Zhang, S. Wu, G. Qi, and J. Wang. 2020. Uterine transcriptome analysis reveals mRNA expression changes associated with the ultrastructure differences of eggshell in young and aged laying hens. *BMC Genomics* 21:770.
16. Fu, D. D., Q. H. Wang, M. H. Ma, Y. X. Ma, and B. Wang. 2019. Nondestructive prediction modeling of S-ovalbumin content in stored eggs based on hyperspectral fusion information. *Journal of Food Process Engineering* 42:e13015.
17. Fu, Y., D. Zhao, L. Gao, H. Zhang, J. Feng, Y. Min, G. Qi, and J. Wang. 2025. TMT-Based quantitative proteomic analysis reveals age-related changes in eggshell matrix proteins and their correlation with eggshell quality in Xinyang blue-shelled laying hens. *Poultry Science* 104:104661.

18. Gautron, J., M. T. Hincke, M. Panheleux, J. M. Garcia-Ruiz, T. Boldicke, and Y. Nys. 2001. Ovotransferrin is a Matrix Protein of the Hen Eggshell Membranes and Basal Calcified Layer. *Connective Tissue Research* 42:255–267.
19. Hao, M., S. Yang, S. Han, and H. Che. 2023. The amino acids differences in epitopes may promote the different allergenicity of ovomucoid derived from hen eggs and quail eggs. *Food Science and Human Wellness* 12:861–870.
20. Hincke, M. T. 1995. Ovalbumin is a Component of the Chicken Eggshell Matrix. *Connective Tissue Research* 31:227–233.
21. Hincke, M. T., J. Gautron, M. Panheleux, J. Garcia-Ruiz, M. D. McKee, and Y. Nys. 2000. Identification and localization of lysozyme as a component of eggshell membranes and eggshell matrix. *Matrix Biology* 19:443–453.
22. Hou, Q. R., J. Y. Wang, H. H. Wang, Y. Li, G. X. Zhang, Y. Wei, and Hassan. 2010. Analysis of polymorphisms in exons of the *LYZ* gene and effect on growth traits of Jinghai Yellow chicken. *International Journal of Poultry Science* 9:357–362.
23. Hu, Z.L., C. A. Park, and J. M. Reecy. 2022. Bringing the animal QTLdb and CorrDB into the future: meeting new challenges and providing updated services. *Nucleic acids research* 50:D956–D961.
24. Huang, H. L., and Y. S. Cheng. 2014. A novel minisequencing single-nucleotide polymorphism marker of the lysozyme gene detects high hatchability of Tsaiya ducks (*Anas platyrhynchos*). *Theriogenology* 82:1113–1120.
25. Huang, H. L., L. T. Huang, and Y. S. Cheng. 2013. A novel SNP marker of ovalbumin gene in association with duck hatchability. *Theriogenology* 79:1218-1223.e1.
26. Huang, H. L., Y. S. Cheng, C. W. Huang, M. C. Huang, and W.-H. Hsu. 2011. A novel genetic marker of the ovomucoid gene associated with hatchability in Tsaiya ducks (*Anas platyrhynchos*). *Animal Genetics* 42:421–427.
27. Huopalahti, R., R. López-Fandiño, M. Anton, and R. Schade (Eds). 2007. *Bioactive Egg Compounds*. Springer Berlin Heidelberg, Berlin, Heidelberg.
28. Imai, C., A. Mowlah, and J. Saito. 1986. Storage Stability of Japanese Quail (*Coturnix coturnix japonica*) Eggs at Room Temperature. *Poultry Science*.65:474–480.
29. Inafuku, K., Y. Maeda, K. Ishihara, S. Okamoto, and T. Hashiguchi. 1997. A New Mutant of Ovalbumin in the Chicken. *Japanese Poultry Science*. 34:87–93.
30. Itoh, T., H. Sugawara, and S. Adachi. 1978. Comparative chemical studies on the quail (*Coturnix coturnix japonica*) egg ovalbumin. *Comparative Biochemistry and physiology. B, Comparative Biochemistry* 60:215–220.
31. Itoh, T., S. Kobayashi, H. Sugawara, and S. Adachi. 1981. Some Physicochemical Changes in Quail Egg White During Storage. *Poultry Science*.60:1245–1249.
32. Jia, F., W. Yan, X. Yuan, R. Dai, and X. Li. 2019. Modified atmosphere packaging of eggs: Effects on the functional properties of albumen. *Food Packaging and Shelf Life* 22:100377.
33. Jones, D. R., and M. T. Musgrove. 2005. Effects of extended storage on egg quality factors. *Poultry Science*.84:1774–1777.
34. Kanaka, K. K., C. Jeevan, R. Chethan Raj, N. G. Sagar, R. Prasad, C. Kotresh Prasad, and S. Shruthi. 2018. A review on ovalbumin gene in poultry. *Journal of Entomology and Zoology Studies* 6:1497–1503.
35. Kanaka, K. K., R. N. Chatterjee, P. Kumar, B. Bhushan, D. Divya, and T. K. Bhattacharya. 2021. Cloning, characterisation and expression of the *SERPINB14* gene, and association of promoter polymorphisms with egg quality traits in layer chicken. *British Poultry Science* 62:783–794.
36. Kaneda, M., I. Kato, N. Tominaga, K. Titani, and K. Narita. 1969. The Amino Acid Sequence Of Quail Lysozyme. *The Journal of Biochemistry* 66:747–749.
37. Kato, I., J. Schrode, W. J. Kohr, and M. Laskowski. 1987. Chicken ovomucoid: determination of its amino acid sequence, determination of the trypsin reactive site, and preparation of all three of its domains. *Biochemistry* 26:193–201.
38. Kibala, L., I. Rozempolska-Rucinska, K. Kasperek, G. Zieba, and M. Lukaszewicz. 2018. Eggshell qualities as indicative of eggshell strength for layer selection. *Brazilian Journal of Poultry Science* 20:99–102.

39. Knaga, S., L. Kibała, K. Kasperek, I. Rozempolska-Rucińska, M. Buza, and G. Zięba. 2019. Eggshell strength in laying hens' breeding goals-a review. *Animal Science Papers & Reports* 37:119–136.
40. Knaga, S., M. Siwek, S. Tavaniello, G. Maiorano, A. Witkowski, G. Jeżewska-Witkowska, M. Bednarczyk, and G. Zięba. 2018. Identification of quantitative trait loci affecting production and biochemical traits in a unique Japanese quail resource population. *Poultry science* 97:2267–2277.
41. Lacin, E., Yildiz, A., Esenbuga, N., and M. Macit. (2008). Effects of differences in the initial body weight of groups on laying performance and egg quality parameters of Lohmann laying hens. *Czech Journal of Animal Science* 53(11), 466-471.
42. Laskowski, M., and I. Kato. 1980. Protein Inhibitors of Proteinases. *Annual Review of Biochemistry* 49:593–626.
43. Laskowski, M., I. Kato, W. Ardel, J. Cook, A. Denton, M. W. Empie, W. J. Kohr, S. J. Park, and K. Parks. 1987. Ovomuroid third domains from 100 avian species: isolation, sequences, and hypervariability of enzyme-inhibitor contact residues. *Biochemistry* 26:202–221.
44. Leśnierowski, G., and J. Kijowski. 2007. Lysozyme. Pages 33–42 in *Bioactive Egg Compounds*. Huopalahti, R., López-Fandiño, R., Anton, M., Schade, R., eds. Springer, Berlin, Heidelberg.
45. Leśnierowski, G., and T. Yang. 2021. Lysozyme and its modified forms: A critical appraisal of selected properties and potential. *Trends in Food Science & Technology* 107:333–342.
46. Lewko, L., J. Krawczyk, and J. Calik. 2021. Effect of genotype and some shell quality traits on lysozyme content and activity in the albumen of eggs from hens under the biodiversity conservation program. *Poultry Science* 100:100863.
47. Lucotte, G., and M. Kaminski. 1975. Polymorphisme Des Proteines Dans Trois Souches De Caille Domestique (*Coturnix coturnix japonica*). *Archives Internationales de Physiologie et de Biochimie* 83:683–690.
48. Lucotte, G., and M. Kaminski. 1978. Biochemical homeostasis of the heterozygote at the lysozyme locus in Japanese Quail. *Biochemical Systematics and Ecology* 6:145–147.
49. Lush, I. E. 1961. Genetic polymorphisms in the egg albumen proteins of the domestic fowl. *Nature* 189:981–984.
50. Mann, K., and M. Mann. 2015. Proteomic analysis of quail calcified eggshell matrix: a comparison to chicken and turkey eggshell proteomes. *Proteome Science* 13:22.
51. Mann, K., B. Maček, and J. V. Olsen. 2006. Proteomic analysis of the acid-soluble organic matrix of the chicken calcified eggshell layer. *Proteomics* 6:3801–3810.
52. Marie, P., V. Labas, A. Brionne, G. Harichaux, C. Hennequet-Antier, A. B. Rodriguez-Navarro, Y. Nys, and J. Gautron. 2015. Quantitative proteomics provides new insights into chicken eggshell matrix protein functions during the primary events of mineralisation and the active calcification phase. *Journal of proteomics* 126:140–154.
53. Moreau, T., J. Gautron, M. T. Hincke, P. Monget, S. Réhault-Godbert, and N. Guyot. 2022. Antimicrobial Proteins and Peptides in Avian Eggshell: Structural Diversity and Potential Roles in Biomineralization. *Frontiers in Immunology* 13, 946428.
54. Muir, W. I., Akter, Y., Bruerton, K., and P. J. Groves. 2022a. An evaluation of bird weight and diet nutrient density during early lay on ISA Brown performance, egg quality, bone characteristics, and liver health at 50 weeks of age. *Poultry Science* 101(5), 101765.
55. Muir, W. I., Akter, Y., Bruerton, K., and P. J. Groves. 2022b. The influence of hen size and diet nutrient density in early lay on hen performance, egg quality, and hen health in late lay. *Poultry science* 101(10), 102041.
56. Muir, W. I., Akter, Y., Bruerton, K., and P. J. Groves. (2023). The role of hen body weight and diet nutrient density in an extended laying cycle. *Poultry Science* 102(2), 102338.
57. Myint, S. L., K. Kinoshita, T. Shimogiri, H. R. Ibrahim, T. Tsusaki, T. Tanoue, K. Kawabe, Y. Maeda, and S. Okamoto. 2012a. Effect of polymorphism in egg white lysozyme on muramidase and antibacterial activities as well as hatchability in the Japanese quail (*Coturnix japonica*). *Journal of Animal Science* 90:1747–1755.
58. Myint, S. L., T. Shimogiri, K. Kinoshita, K. Nirasawa, N. Saitoh, H. Watanabe, K. Kawabe, Y. Maeda, and S. Okamoto. 2012b. Analysis of Egg White Lysozyme Polymorphisms among Japanese Quail Populations in Japan and France. *The Journal of Poultry Science* 49:74–78.

59. Narinc, D., A. Aygun, E. Karaman, and T. Aksoy. 2015. Egg shell quality in Japanese quail: characteristics, heritabilities and genetic and phenotypic relationships. *Animal* 9:1091–1096.
60. Nasr, M. A., M. S. El-Tarabany, and M. J. Toscano. 2015. Effects of divergent selection for growth on egg quality traits in Japanese quail. *Animal Production Science* 56:1797–1802.
61. Northcutt, J. K., A. Buyukyavuz, and P. L. Dawson. 2022. Quality of Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*) eggs after extended refrigerated storage. *Journal of Applied Poultry Research* 31:100280.
62. Nowaczewski, S., H. Kontecka, A. Rosiński, S. Koberling, and P. Koronowski. 2010a. Egg quality of Japanese quail depends on layer age and storage time. *Folia Biologica (Kraków)* 58:201–207.
63. Nowaczewski, S., K. Witkiewicz, H. Kontecka, S. Krystianiak, and A. Rosiński. 2010b. Eggs weight of Japanese quail vs. eggs quality after storage time and hatchability results. *Archives Animal Breeding* 53:720–730.
64. Panheleux, M., M. Bain, M. S. Fernandez, I. Morales, J. Gautron, J. L. Arias, S. E. Solomon, M. Hincke, and Y. Nys. 1999. Organic matrix composition and ultrastructure of eggshell: A comparative study. *British Poultry Science* 40:240–252.
65. Panheleux, M., Y. Nys, J. Williams, J. Gautron, T. Boldicke, and M. T. Hincke. 2000. Extraction and quantification by ELISA of eggshell organic matrix proteins (ovocleidin-17, ovalbumin, ovotransferrin) in shell from young and old hens. *Poultry Science* 79:580–588.
66. Pipich, V., M. Balz, S. E. Wolf, W. Tremel, and D. Schwahn. 2008. Nucleation and Growth of CaCO<sub>3</sub> Mediated by the Egg-White Protein Ovalbumin: A Time-Resolved in situ Study Using Small-Angle Neutron Scattering. *Journal of the American Chemical Society* 130:6879–6892.
67. Rocculi, P., E. Cocci, F. Sirri, C. Cevoli, S. Romani, and M. D. Rosa. 2011. Modified atmosphere packaging of hen table eggs: Effects on functional properties of albumen. *Poultry Science* 90:1791–1798.
68. Rodriguez-Navarro, A., O. Kalin, Y. Nys, and J. M. Garcia-Ruiz. 2002. Influence of the microstructure on the shell strength of eggs laid by hens of different ages. *British Poultry Science* 43:395–403.
69. Rozempolska-Rucińska, I., Zięba, G., and M. Łukaszewicz. 2009. Hatchability traits as selection criteria in breeding of laying hens. *European Poultry Science*, 73: 263-267.
70. Sato, K., T. Yamamoto, S. Ito, H. Kobayashi, and T. Ino. 1984. The effect of inbreeding on fertility, hatchability and viability in Japanese quail. *Japanese Journal of Zootechnical Science* 55:315–321.
71. Scott, T. A., and F. G. Silversides. 2000. The effect of storage and strain of hen on egg quality. *Poultry Science*.79:1725–1729.
72. Şekeroğlu, A., and E. Altuntaş. 2009. Effects of egg weight on egg quality characteristics. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 89(3), 379-383.
73. Shen, X., S. Song, C. Li, and J. Zhang. 2022. Synonymous mutations in representative yeast genes are mostly strongly non-neutral. *Nature* 606:725–731.
74. Sittmann, K., H. Abplanalp, and R. A. Fraser. 1966. Inbreeding depression in Japanese quail. *Genetics* 54:371.
75. Sreenivas, D., M. Prakash, M. Mahender, and R. Chatterjee. 2013. Genetic analysis of egg quality traits in White Leghorn chicken. *Vet World* 6:263.
76. Sugimoto, Y., S. Sanuki, S. Ohsako, Y. Higashimoto, M. Kondo, J. Kurawaki, H. R. Ibrahim, T. Aoki, T. Kusakabe, and K. Koga. 1999. Ovalbumin in Developing Chicken Eggs Migrates from Egg White to Embryonic Organs while Changing Its Conformation and Thermal Stability. *Journal of Biological Chemistry* 274:11030–11037.
77. Sun, C., J. Liu, W. Li, G. Xu, and N. Yang. 2017. Divergent Proteome Patterns of Egg Albumen from Domestic Chicken, Duck, Goose, Turkey, Quail and Pigeon. *PROTEOMICS* 17:1700145.
78. Susanti, R., A. Yuniastuti, and R. S. Iswari. 2019. Genetic evaluation of Central Javanese local duck based on the ovalbumin gene. *Journal of Physics: Conference Series* 1321:032036.
79. Susanti, R., and A. Yuniastuti. 2020. Hatchability genotype of Central Javanese local ducks based on ovomucoid gene. *Journal of Physics: Conference Series* 1567:032042.
80. Suzuki, T., K. Kitajima, Y. Emori, Y. Inoue, and S. Inoue. 1997. Site-specific de-N-glycosylation of diglycosylated ovalbumin in hen oviduct by endogenous peptide: N-glycanase as a quality control system for newly synthesized proteins. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 94:6244–6249.

81. Tagashira, A., K. Nishi, S. Matsumoto, and T. Sugahara. 2018. Anti-inflammatory effect of lysozyme from hen egg white on mouse peritoneal macrophages. *Cytotechnology* 70:929–938.
82. Takahashi, K., M. Horiguchi, N. Bando, H. Tsuji, T. Ogawa, and T. Asao. 1999. Immunochemical Characterization of Ovomuroid from Japanese Quail Egg White Using Monoclonal Antibodies. *Journal of Nutritional Science and Vitaminology* 45:491–500.
83. Takahashi, K., S. Kitao, M. Tashiro, T. Asao, and M. Kanamori. 1994. Inhibitory Specificity against Various Trypsins and Stability of Ovomuroid from Japanese Quail Egg White. *Journal of Nutritional Science and Vitaminology*. *Journal of Nutritional Science and Vitaminology* 40:593–601.
84. Voinescu, A. E., D. Touraud, A. Lecker, A. Pfitzner, W. Kunz, and B. W. Ninham. 2007. Mineralization of CaCO<sub>3</sub> in the Presence of Egg White Lysozyme. *Langmuir* 23:12269–12274.
85. Wang, D., B. Liao, Q. Zhang, J. S. Liu, Z. Duan, Z. Hou, and Z. Ning. 2017. Gene Polymorphisms are Associated with Eggshell Ultrastructure Organization in Hens. *Revista Brasileira de Ciência Avícola* 19:129–134.
86. Wang, X., C. Wu, K. Tao, K. Zhao, J. Wang, H. Xu, D. Xia, H. Shan, and J. R. Lu. 2010. Influence of Ovalbumin on CaCO<sub>3</sub> Precipitation during in Vitro Biomineralization. *The Journal of Physical Chemistry B* 114:5301–5308.
87. Wang, X., H. Sun, Y. Xia, C. Chen, H. Xu, H. Shan, and J. R. Lu. 2009. Lysozyme mediated calcium carbonate mineralization. *Journal of Colloid and Interface Science* 332:96–103.
88. Weber, E., E. Papamokos, W. Bode, R. Huber, I. Kato, and M. Laskowski. 1981. Crystallization, crystal structure analysis and molecular model of the third domain of Japanese quail ovomucoid, a Kazal type inhibitor. *Journal of Molecular Biology* 149:109–123.
89. Witkowski, A. 1986. Wyniki dwukierunkowej selekcji przepiórek japońskich na podstawie wielkości spadków masy ciała w wyniku głodzenia. *Kieleckie Studia Biologiczne* 3:97–113.
90. Wolanski, N. J., R. A. Renema, F. E. Robinson, V. L. Carney, and B. I. Fancher. 2007. Relationships among egg characteristics, chick measurements, and early growth traits in ten broiler breeder strains. *Poultry Science* 86:1784–1792.
91. Wolc, A., White, I. M., Olori, V. E., and W. G. Hill. 2009. Inheritance of fertility in broiler chickens. *Genetics Selection Evolution*, 41: 47.
92. Wolc, A., White, I. M. S., Hill, W. G., and V. E. Olori. 2010. Inheritance of hatchability in broiler chickens and its relationship to egg quality traits. *Poultry Science*, 89: 2334-2340.
93. Wolc, A., Arango, J., Settar, P., Fulton, J. E., O’Sullivan, N. P., and J. C. Dekkers. 2019. Genetics of male reproductive performance in White Leghorns. *Poultry science*, 98: 2729-2733.
94. Wolf, S. E., J. Leiterer, V. Pipich, R. Barrea, F. Emmerling, and W. Tremel. 2011. Strong Stabilization of Amorphous Calcium Carbonate Emulsion by Ovalbumin: Gaining Insight into the Mechanism of ‘Polymer-Induced Liquid Precursor’ Processes. *Journal of the American Chemical Society* 133:12642–12649.
95. Yamasaki, M., N. Takahashi, and M. Hirose. 2003. Crystal structure of S-ovalbumin as a non-loop-inserted thermostabilized serpin form. *Journal of Biological Chemistry* 278:35524–35530.
96. Yan, H., C. Yang, J. Yao, H. Li, Z. Xu, and J. Wang. 2016. C-type lysozyme gene haplotypes in Rhode Island Red layer chickens are associated with hatchability and survival. *Animal Genetics* 47:628–629.
97. Zhao, D., L. Gao, F. Gong, J. Feng, H. Zhang, S. Wu, J. Wang, and Y. Min. 2024. TMT-based quantitative proteomic analysis reveals eggshell matrix protein changes correlated with eggshell quality in Jing Tint 6 laying hens of different ages. *Poultry Science* 103:103463.

## **5 Informacja o aktywności naukowej stanowiącej pozostałe osiągnięcia naukowe – obszary zainteresowań w ramach działalności naukowej**

Jestem absolwentem kierunku biotechnologia na Akademii Rolniczej w Lublinie (obecnie Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie), gdzie w 2006 r. uzyskałem tytuł magistra inżyniera na podstawie pracy pt. „Zależność pomiędzy polimorfizmem sekwencji satelitarnych a wybranymi cechami użytkowymi lisów polarnych”, poświęconej genetycznym uwarunkowaniom cech użytkowych zwierząt. W roku akademickim 2006/2007 rozpocząłem studia doktoranckie na Wydziale Biologii i Hodowli Zwierząt Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie. W roku akademickim 2007/2008 odbyłem staż naukowy na Uniwersytecie Molise w Campobasso (Włochy), gdzie rozwijałem kompetencje badawcze w zakresie genetyki i biotechnologii zwierząt. Po powrocie, od 1 lutego 2008 r., zostałem zatrudniony na stanowisku asystenta w Katedrze Biologicznych Podstaw Produkcji Zwierzęcej Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie, kontynuując badania nad molekularnymi uwarunkowaniami cech użytkowych.

Stopień doktora nauk biologicznych w dyscyplinie biotechnologia (specjalność: biotechnologia zwierząt) uzyskałem w 2014 r. na Wydziale Biologii i Biotechnologii Uniwersytetu Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie, na podstawie rozprawy pt. „Identyfikacja loci wybranych cech ilościowych o wartości użytkowej u przepiórki japońskiej”. W latach 2015–2023 pracowałem na stanowisku adiunkta w Instytucie Biologicznych Podstaw Produkcji Zwierzęcej Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie, a od 1 sierpnia 2023 r. jestem zatrudniony jako adiunkt w Katedrze Biotechnologii i Genetyki Zwierząt Politechniki Bydgoskiej im. Jana i Jędrzeja Śniadeckich. Kolejne etapy mojej kariery naukowej charakteryzują się spójnym rozwojem zainteresowań badawczych w obszarze genetyki i biotechnologii zwierząt, ze szczególnym uwzględnieniem drobiu oraz molekularnych podstaw cech produkcyjnych i jakościowych.

W ramach mojej dotychczasowej działalności naukowej można wyróżnić następujące obszary zainteresowań stanowiących pozostałe osiągnięcia naukowe:

1. Genetyka cech ilościowych przepiórki japońskiej
2. Wpływ różnych substancji na wzrost, cechy jakościowe produktów drobiarskich, zdrowotność oraz rozwój embrionalny różnych gatunków drobiu
3. Wykorzystanie genetyki populacji i metod doskonalenia zwierząt w hodowli zwierząt
4. Ochrona zasobów genetycznych drobiu
5. Czynniki środowiskowe wpływające na jakość jaj i parametry produkcyjne
6. Wpływ stresu cieplnego i ochronnego działania wybranych substancji na erytrocyty kurze
7. Pozostałe prace

### **5.1 Genetyka cech ilościowych przepiórki japońskiej**

Tematyka badawcza związana z szeroko pojętą genetyką przepiórki japońskiej stanowi główny obszar moich zainteresowań naukowych. Prace badawcze dotyczące identyfikacji regionów QTL (loci cech ilościowych), odpowiedzialnych za ważne z ekonomicznego punktu widzenia cechy użytkowe przepiórki japońskiej, realizowano w ramach projektu pt.

„Genetyczne podstawy zróżnicowania przepiórki japońskiej jako gatunku modelowego”, finansowanego ze środków Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego (N N311 633638). Część tych wyników, dotycząca wpływu regionów QTL na masę ciała, cechy jakości jaja oraz koncentrację cholesterolu ogólnego i triacylogliceroli, została wykorzystana w mojej dysertacji doktorskiej pt. „Identyfikacja loci wybranych cech ilościowych o wartości użytkowej u przepiórki japońskiej”. W skład konsorcjum projektowego weszły trzy krajowe ośrodki naukowe: Akademia Rolnicza w Lublinie (lider), Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy w Bydgoszczy (konsorcjant), Uniwersytet Przyrodniczo-Humanistyczny w Siedlcach (konsorcjant), a także jeden ośrodek zagraniczny - Uniwersytet Molise we Włoszech. Mapowanie loci cech ilościowych przeprowadzono w oparciu o trzypokoleniową rodzinę referencyjną, utworzoną poprzez krzyżowanie ptaków pochodzących z dwóch rodów przepiórek japońskich, znacznie różniących się pod względem analizowanych cech. Podstawą wyboru tych populacji były wcześniejsze analizy porównawcze sześciu rodów przepiórek utrzymywanych przez obecny Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, obejmujące cechy jakości jaj (3.2.1), cechy jakości mięsa (2.1.2; 3.2.3) oraz polimorfizm sekwencji mikrosatelitarnych (3.2.6). W ramach projektu, przeanalizowano łącznie 324 ptaki populacji referencyjnej pod względem wartości 92 różnych cech, obejmujących m.in. masę ciała i tempo wzrostu, cechy rzeźne, właściwości fizyko-chemiczne mięśni piersiowych i udowych (barwa, wyciek swobodny, pH, zawartość wybranych makro- i mikroelementów, podstawowy skład chemiczny, zawartość cholesterolu i kolagenu, profil kwasów tłuszczowych), nieśność i dojrzałość płciową, jakość jaja, zawartość cholesterolu ogólnego i jego frakcji w osoczu i żółtkach jaj, a także cechy wylęgowości. Całościowe wyniki dotyczące mapowania loci cech ilościowych odpowiedzialnych za cechy rzeźne, pH oraz zawartość kolagenu w mięśniach opublikowano w pracy 2.1.8. Rezultaty analiz dotyczących regionów QTL wpływających na zawartość lipidów i cholesterolu oraz profil kwasów tłuszczowych w mięśniach piersiowych zamieszczono w pracy 2.2.1. Natomiast w publikacji 2.1.16 zaprezentowano potencjalny wpływ loci cech ilościowych na masę ciała i tempo wzrostu, wiek osiągnięcia dojrzałości płciowej, produkcję nieśną, cechy jakości jaja, pH, wyciek swobodny, barwę, podstawowy skład chemiczny i zawartość wybranych makro- i mikroelementów w mięśniach piersiowych oraz koncentrację cholesterolu ogólnego i jego frakcji w osoczu krwi i żółtkach jaj. Wyniki badań etapowych zaprezentowano na krajowych i międzynarodowych konferencjach naukowych (3.1.8; 3.2.7; 3.2.8; 3.2.12; 3.2.20). Moja rola w realizacji tych prac obejmowała udział w ustaleniu założeń metodycznych dotyczących mapowania loci cech ilościowych, organizację pracy fermowej na etapie przygotowawczym, a także podczas tworzenia i funkcjonowania trzypokoleniowej rodziny referencyjnej (wybór osobników, przeprowadzenie lęgów indywidualnych, koordynacja prac związanych z oceną fenotypów). Brałem udział w ocenie wartości cech fenotypowych w badaniach wstępnych dotyczących oceny porównawczej rodów przepiórczych (ocena jakości jaj - 3.2.1; ocena zawartości cholesterolu i kolagenu w mięśniu piersiowym różnych rodów przepiórek przeprowadzona w Uniwersytecie Molise w Campobasso w ramach stażu naukowego - 2.1.2) oraz określenia zmienności genetycznej na podstawie polimorfizmu sekwencji mikrosatelitarnych (3.2.6). Uczestniczyłem również w ocenie wartości cech fenotypowych trzypokoleniowej rodziny referencyjnej w zakresie masy ciała i tempa wzrostu (2.1.8; 2.2.1; 2.1.16; 3.1.8; 3.2.7), cech rzeźnych (2.1.8; 3.2.7), cech jakości jaja (2.1.16; 3.2.1; 3.1.8), zawartości cholesterolu ogólnego i jego frakcji w osoczu krwi i żółtkach jaj (2.1.16;

**3.2.12).** Odpowiadałem za ustalenie genotypów wszystkich osobników rodziny referencyjnej pod względem 30 loci mikrosatelitarnych zmapowanych na chromosomach 1 i 2 przepiórki japońskiej (**2.1.8; 2.1.16; 2.2.1; 3.1.8**) oraz przeprowadzenie analiz statystycznych dotyczących identyfikacji QTL odpowiedzialnych za masę ciała, tempo wzrostu, cechy jakości jaja oraz koncentrację cholesterolu ogólnego i jego frakcji w osoczu krwi i żółtkach jaj (**2.1.16**). We wszystkich przeprowadzonych analizach byłem również odpowiedzialny za pobranie i zabezpieczenie prób na miejscu oraz – w razie potrzeby - ich przesłanie do podmiotów zewnętrznych lub konsorcjanta zagranicznego. Mój udział w przygotowaniu prac do druku obejmował merytoryczną konsultację treści manuskryptu (**2.1.2; 2.1.8; 2.2.1; 3.2.3; 3.2.8; 3.2.20**), współudział w opracowaniu części metodycznej (**2.1.2; 2.1.8; 2.2.1; 2.1.16; 3.2.8**), przygotowanie wstępnej wersji publikacji (**2.1.16; 3.1.8; 3.2.1; 3.2.6; 3.2.7; 3.2.12**) oraz koordynację i nadzorowanie prac edytorskich jako autor korespondencyjny (**2.1.16**).

Poza identyfikacją loci cech ilościowych w ramach projektu oceniono również wpływ niestabilności chromosomowej na cechy reprodukcyjne samców i samic trzech pokoleń rodziny referencyjnej (**2.1.7**). Łącznie przeanalizowano 7360 płytek metafazowych pod kątem obecności SCE oraz miejsc wrażliwych/kruchych na chromosomach 1 i 2 przepiórki japońskiej. Wykazano umiarkowaną ujemną korelację pomiędzy liczbą niestabilności chromosomowych a zapłodnieniem (0,51-0,64), liczbą SCE a wylęgiem z jaj zapłodnionych (0,31-0,33) oraz liczbą miejsc kruchych a wylęgiem z jaj nałożonych (0,51-0,62), zarówno u samic, jak i u samców. Mój udział w powstaniu pracy **2.1.7** polegał na pobraniu prób krwi z żyły skrzydłowej ptaków do podciśnieniowych probówek i przesłaniu do konsorcjanta, ocenie wartości cech reprodukcyjnych analizowanych osobników, współudziale w opracowaniu części metodycznej dotyczącej tworzenia rodziny referencyjnej oraz konsultacji ostatecznej treści manuskryptu.

W ramach projektu powstała jeszcze jedna praca dotycząca wpływu selekcji na ilość żywych i apoptotycznych komórek blastodermalnych (BC) pozyskanych z zarodków przepiórczych w X stadium rozwoju (**2.1.11**). Analizie poddano dwa rody przepiórek japońskich stanowiące pokolenie rodzicielskie utworzonej na potrzeby projektu rodziny referencyjnej, tj. F33 i S22. Dodatkowo uwzględniono nieselekcjonowany, nieśny ród S33. Badania wykazały, że selekcja w kierunku wysokiej koncentracji cholesterolu w żółtkach jaj (ród S22) istotnie zwiększyła liczbę BC oraz zmniejszyła procentowy udział komórek apoptotycznych w porównaniu z obydwoma nieselekcjonowanymi rodami przepiórczymi (F33 i S33). Z kolei najniższy odsetek żywych BC zaobserwowano w nieselekcjonowanym rodzie mięsnym (F33). Mój udział w powstaniu pracy **2.1.7** polegał na wyborze osobników i przygotowaniu stadek reprodukcyjnych, pobraniu i przesłaniu prób do analiz, współudziale w opracowaniu części metodycznej dotyczącej analizowanych rodów oraz konsultacji ostatecznej treści manuskryptu.

W obszarze moich zainteresowań naukowych, poza polimorfizmem sekwencji mikrosatelitarnych i genów, znajduje się również polimorfizm białek. Przykładem może być cykl publikacji dotyczących zmienności histonu H1 w wybranych grupach genetycznych przepiórek japońskich w odpowiedzi na selekcję kierunkową (**2.1.13; 2.1.14; 2.1.29**) oraz w zależności od barwy upierzenia (**2.1.26**). W badaniach opublikowanych w pracy **2.1.29** wykorzystano rody przepiórek mięsnej rasy Faraon, niepoddawane selekcji (ród F33) oraz selekcjonowane w kierunku wysokiej (ród F11) i niskiej (ród F22) reakcji na czasowe

ograniczenie paszy. Z kolei w pracach **2.1.13** i **2.1.14** materiał badawczy stanowiły dwa rody genetyczne przepiórek typu nieśnego: nieselekcjonowany (S33) oraz selekcjonowany przez 18 pokoleń w kierunku wysokiej koncentracji cholesterolu w żółtkach jaj (S22). Natomiast w pracy **2.1.26** badano przepiórki odmian barwnych: British Range, English White i Tuxedo. Wyniki analiz dowodzą istnienia różnych izoform histonów H1.a (H1.a1; H1.a2), H1.b (H1.b1; H1.b2) oraz H1.z (H1.z1; H1.z2). Ich frekwencje i odchylenie od równowagi genetycznej Hardy'ego i Weinberg'a wskazują na bezpośredni wpływ selekcji w kierunku koncentracji cholesterolu w żółtku jaja, reakcji na okresowe ograniczenie paszy (**2.1.13**; **2.1.29**), jak również barwy upierzenia (**2.1.26**). Interesujących obserwacji dostarczyła analiza migracji histonu H1.d w żelu SDS-PAGE, która wykazała zmienną ekspresję ujawniającą się w postaci prążków o wysokiej, niskiej i pośredniej intensywności. Obecność tych trzech fenotypów wskazuje, że są one uwarunkowane obecnością dwóch alleli, które dziedziczą się w sposób mendelowski (**2.1.13**; **2.1.29**). Natomiast w przypadku przepiórek japońskich odmiany barwnej English White nie zaobserwowano fenotypów b2 i z2. Mój udział w powstaniu prac polegał na wyborze osobników i pobraniu prób do analiz, współdziałanie w opracowaniu części metodycznej dotyczącej analizowanych rodów, konsultacji ostatecznej treści manuskryptu oraz odpowiedziach na pytania recenzentów.

Badania cytogenetyczne przepiórki japońskiej nie ograniczyły się jedynie do oceny wpływu niestabilności chromosomowej na cechy reprodukcyjne tego najmniejszego gatunku drobiu. W badaniach opublikowanych w 2012 i 2014 roku określono liczbę i wielkość jąderek w jądrze komórkowym spermatocytów przepiórki japońskiej (**2.1.3**), a także ich stabilność w zależności od wieku ptaków (**2.1.9**). Zaobserwowano zmienność liczby i wielkości jąderek zarówno wewnątrzosobniczą, jak i między osobnikami (**2.1.3**). Jąderka są miejscem syntezy i dojrzewania rybosomalnego RNA, a ich wielkość, morfologia oraz struktura różnią się w zależności od aktywności translacyjnej komórek, stopnia ich zróżnicowania oraz fazy cyklu komórkowego. Mogą one również ulegać przemianom w odpowiedzi na różnego rodzaju bodźce, zarówno fizjologiczne, jak i patologiczne. Jednym z takich czynników jest wiek ptaków. W badaniach opublikowanych w pracy **2.1.9** oceniono kształt jąderek oraz poziom metylacji genu *RN28S* w spermatocytach przepiórek japońskich w wieku 15 i 52 tygodni. W analizowanych komórkach młodych samców nie zaobserwowano jąderek zdefragmentowanych a odsetek tych struktur o kształcie regularnym i nieregularnym wyniósł odpowiednio 97% i 3%. Odwrotna sytuacja miała miejsce w przypadku starszych samców, u których w spermatocytach nie zaobserwowano jąderek o kształcie regularnym, a procentowy udział jąderek o kształcie nieregularnym i zdefragmentowanych wyniósł odpowiednio 37% i 63%. Zarówno u młodych, jak i starszych ptaków gen *RN28S* był zmetylowany. Wstępne wyniki omówionych prac opublikowano także w materiałach konferencyjnych **3.1.1** i **3.2.5**. W doniesieniu konferencyjnym **3.1.2** opublikowano ponadto wstępne wyniki dotyczące metylacji genu *CDKN2B* w zależności od fazy rozwoju embrionalnego u rasy kur Polbar. Wykazano, że poziom metylacji tego genu różnił się w zależności od fazy rozwojowej.

Mój udział w powstaniu prac polegał na wyborze osobników i pobraniu prób do analiz, udziale w części analiz laboratoryjnych, współdziałanie w opracowaniu części metodycznej dotyczącej analizowanych rodów, konsultacji ostatecznej treści manuskryptu oraz odpowiedziach na pytania recenzentów.

## 5.2 Wpływ substancji na wzrost, cechy jakościowe produktów drobiarskich, zdrowotność oraz rozwój embrionalny różnych gatunków drobiu

Część mojego dorobku naukowego stanowią prace dotyczące wpływu różnych substancji podawanych w paszy, wodzie, *in ovo* lub w postaci wziewnej, a także obecnych w paszy w formie resztkowej (np. antybiotyków), na wzrost i rozwój, jakość produktów drobiarskich (jaj i mięsa), cechy fizjologiczne i biochemiczne organizmu, śmiertelność i zdrowotność, mikrobiotę jelitową oraz ekspresję wybranych genów u przepiórki japońskiej i kury domowej.

Pierwsze tego typu badania dotyczyły wpływu produktów pszczelich, tj. propolisu podawanego w wodzie do picia, pyłku pszczelego podawanego w paszy oraz obu tych składników łącznie, na tempo wzrostu, wydajność rzeźną, spożycie paszy i wody w trakcie odchowu i produkcji, nieśność, jakość jaj, koncentrację cholesterolu ogólnego i triacylogliceroli w osoczu krwi, przeżywalność, mikrostrukturę i wytrzymałość kości udowej oraz skład mikrobioty jelitowej u przepiórki japońskiej jako gatunku modelowego dla drobiu. Badania zostały przeprowadzone w ramach dysertacji doktorskiej dr inż. Mohammeda Jard Kadhim, realizowanej w Instytucie Biologicznych Podstaw Produkcji Zwierzęcej Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie, gdzie pełniłem funkcję promotora pomocniczego. Wyniki zostały zaprezentowane w postaci publikacji naukowej (2.1.18) oraz przedstawione na licznych konferencjach krajowych i międzynarodowych (3.1.3; 3.1.4; 3.1.5; 3.2.21; 3.2.25). W ramach prac przygotowawczych testowano również wpływ alkoholowego roztworu propolisu podawanego *in ovo* do żółtka na rozwój embrionalny kur rasy Polbar (3.2.17). Jako promotor pomocniczy uczestniczyłem w merytorycznym opracowaniu części metodycznej badań w zakresie zootechnicznej wiedzy drobiarskiej oraz analiz laboratoryjnych. Brałem również udział w ocenie wpływu testowanych dodatków na jakość mięsa i jaj, parametry biochemiczne osocza oraz analizie statystycznej wyników. Mój udział w powstaniu pracy 2.1.18 obejmował udział w planowaniu badań na etapie przygotowawczym, opiekę merytoryczną nad fermową częścią doświadczenia, pobranie prób do analiz, opracowanie części metodycznej pracy oraz konsultacjach naukowych na etapie odpowiedzi na pytania recenzentów. Wyniki badań, zaprezentowane na konferencjach naukowych (3.1.3; 3.1.4; 3.1.5; 3.2.17; 3.2.21; 3.2.25) stanowiły część przygotowywanej rozprawy doktorskiej. Oprócz omówionego wcześniej mojego udziału w charakterze promotora pomocniczego uczestniczyłem także w merytorycznej i redakcyjnej ocenie przygotowanych doniesień oraz prezentacji.

W ramach współpracy z firmą Agro-Yeast byłem członkiem zespołu testującego wpływ preparatów opartych na drożdżach *Saccharomyces cerevisiae* na masę ciała i tempo wzrostu, wydajność rzeźną, nieśność, jakość jaj, parametry biochemiczne krwi, strukturę i parametry biomechaniczne kości długich oraz strukturę jelita cienkiego przepiórek japońskich. Wyniki tych badań zostały opublikowane w dwóch artykułach naukowych (2.1.15; 2.1.20) dotyczących probiotycznego działania drożdży na oś regulacyjną jelita-kości oraz szeregu doniesień konferencyjnych traktujących o wpływie suplementacji drożdżami podawanymi w paszy na jakość jaj, parametry odchowu oraz strukturę jelita cienkiego przepiórek japońskich (3.1.6; 3.1.7; 3.2.27). Mój udział w badaniach polegał na przygotowaniu części metodycznej doświadczenia w zakresie zootechnicznym oraz formalnej i merytorycznej opiece nad realizacją prac fermowych. Uczestniczyłem również w ocenie wpływu testowanych dodatków

na wzrost i wydajność rzeźną, jakość mięsa i jaj oraz parametry biochemiczne krwi przepiórek japońskich. Mój udział w powstaniu prac **2.1.15** i **2.1.20** obejmował organizację i wykonanie części fermowej doświadczenia, udział w dysekcji i pobraniu prób do dalszych analiz oraz opracowanie części metodycznych publikacji w zakresie zootechnicznym. W przypadku doniesienia konferencyjnego **3.1.6** byłem odpowiedzialny za realizację badań laboratoryjnych związanych z oceną wpływu testowanych suplementów na jakość jaj przepiórek japońskich, analizę statystyczną wyników oraz przygotowanie tekstu doniesienia i prezentacji. Natomiast w przypadku wyników badań zaprezentowanych na sympozjum drobiarskim (**3.2.27**) odpowiadałem za merytoryczną opiekę nad odchovem ptaków oraz pomiar cech użytkowych w jego trakcie, przygotowanie zbioru danych do obliczeń statystycznych oraz pomoc w przygotowaniu tekstu prezentacji.

Innym zagadnieniem naukowym w aspekcie żywienia drobiu była ocena wpływu fermentowanej i niefermentowanej poekstrakcyjnej śruty rzepakowej jako zamiennika śrutu sojowej na wydajność rzeźną oraz jakość jaj i mięsa przepiórek japońskich. W badaniach przeprowadzonych na 280 samicach, podzielonych na 7 grup (kontrolną – skarmianą paszą zawierającą śrutę sojową jako główne źródło białka oraz grupy doświadczalne skarmiane paszą z dodatkiem 5%, 10% i 15% fermentowanej i niefermentowanej poekstrakcyjnej śruty rzepakowej), nie zaobserwowano istotnych różnic w wartościach cech jakości skorupy i treści jaja pomiędzy grupą żywioną poekstrakcyjną śrutą sojową a grupami skarmianymi paszami zawierającymi jej zamiennik w postaci fermentowanej lub niefermentowanej śrutu rzepakowej w ilości 5%, 10% i 15%. Potwierdza to tezę, że stosowanie śrutu rzepakowej zamiast tradycyjnej śrutu sojowej może pozwolić na uzyskanie odpowiedniej jakości surowców zwierzęcych, ale przy niższym koszcie i z wykorzystaniem lokalnych zasobów paszowych. Wyniki badań zostały przedstawione w pracy **2.1.27** oraz zaprezentowane na sympozjum naukowym (**3.2.32; 3.2.33**). W analogicznych badaniach dotyczących masy ciała, tempa wzrostu, wydajności rzeźnej i jakości mięśni piersiowych i udowych przepiórek żywionych do 6 tygodnia życia paszą zawierającą śrutę sojową jako źródło białka lub fermentowaną (5, 10% i 15%) i niefermentowaną (5, 10% i 15%) śrutę rzepakową nie wykazano różnic pomiędzy grupami w przypadku większości analizowanych cech. Mięśnie piersiowe i udowe przepiórek z grup doświadczalnych odznaczały się jednak niższymi wskaźnikami zdolności utrzymania wody własnej (**3.2.35**). W badaniach opublikowanych w pracy **2.1.27** oraz zaprezentowanych na sympozjum (**3.2.32; 3.2.33**) byłem odpowiedzialny za zaplanowanie oraz przeprowadzenie laboratoryjnej części oceny wpływu analizowanych zamienników śrutu sojowej na cechy jakości skorupy i treści jaja, zestawienie danych uzyskanych z tej oceny, przygotowanie metodycznej części pracy dotyczącej parametrów uwzględnianych w ocenie jakości. Moja rola w powstaniu doniesienia konferencyjnego (**3.2.35**) polegała na udziale w dysekcji oraz przygotowaniu zestawu danych do obliczeń statystycznych.

Jako alternatywne źródło białka dla poekstrakcyjnej śrutu sojowej w paszach dla drobiu można wykorzystać również lucernę. W badaniach, których byłem współautorem, określono wpływ koncentratu białka z lucerny (APC) podawanego w paszy w ilości 1,5% i 3% na produkcję nieśną, spożycie i wykorzystanie paszy, jakość skorupy i treści jaj oraz profil kwasów tłuszczowych w świeżych, gotowanych i liofilizowanych jajach kur rasy Polbar. Dodatek APC wpłynął korzystnie na wybarwienie skorupy i żółtka jaja, zmniejszając jednocześnie

wytrzymałość skorupy na zgniecenie. Powodował również wzrost zawartości wielonienasyconych kwasów tłuszczowych w żółtkach jaj. Gotowanie i liofilizacja jaj prowadziły do wzrostu zawartości nasyconych kwasów tłuszczowych. Wyniki zaprezentowano w formie doniesienia na kongresie międzynarodowym (3.2.11) oraz opublikowano w formie artykułu naukowego (2.1.21). Moją rolą w powstaniu prac było przeprowadzenie oceny jakości jaj (2.1.21, 3.2.11), przygotowanie tekstu publikacji (2.1.21) oraz koordynacja i nadzorowanie prac edytorskich i odpowiedzi na pytania recenzentów jako autor korespondencyjny.

Od 2006 r. w Unii Europejskiej obowiązuje całkowity zakaz stosowania antybiotykowych stymulatorów wzrostu w paszach. Zakaz ten nie dotyczy oczywiście sytuacji choroby - w takim przypadku leki można podawać w paszy lub wodzie do picia. Niekiedy dochodzi do zanieczyszczenia paszy antybiotykami pozostałymi w mieszalnikach po przygotowaniu partii paszy leczniczej. W ramach projektu pt. „Zagrożenia związane z zanieczyszczeniem pasz antybiotykami”, finansowanego przez Narodowe Centrum Nauki, oceniano wpływ niskich dawek antybiotyków podawanych z paszą m.in. na ekspresję genów w wybranych tkankach brojlerów kurzych w 7., 21. i 35. dniu od wylęgu. Wyniki badań wstępnych wskazują na wpływ niektórych grup antybiotyków na poziom ekspresji wybranych genów w wątrobie i trzustce. Najsilniejszy efekt obserwowano w ciągu pierwszych trzech tygodni życia – dotyczył on genów związanych z metabolizmem tłuszczów (wątroba) oraz cholecystokininą (trzustka). W tym okresie u kurcząt kształtuje się mikrobiota jelitowa, co sugeruje związek zróżnicowanej ekspresji genów z wpływem antybiotyków na mikrobiom układu pokarmowego. Wyniki te zostały zaprezentowane na krajowych (3.2.42) i zagranicznych (3.2.39) konferencjach naukowych. Mój udział w procesie badawczym polegał na przeprowadzeniu prac laboratoryjnych związanych z ekspresją genów (3.2.39; 3.2.42) oraz przygotowaniem i wygłoszeniem prezentacji na międzynarodowym sympozjum (3.2.42).

Ograniczenie stosowania antybiotyków, połączone ze zmniejszoną odpornością współczesnych zestawów towarowych brojlerów kurzych na choroby zakaźne sprawiły, że poszukiwane są alternatywne formy wspierania zdrowotności ptaków. Jednym z takich rozwiązań jest modyfikacja składu jakościowego i ilościowego bakterii jelitowych podczas rozwoju zarodkowego poprzez wprowadzanie *in ovo* różnych substancji o charakterze pre- lub postbiotyków. W ten sposób już w pierwszym dniu po wykluciu pisklą dysponuje odpowiednią mikrobiotą jelitową, co zmniejsza ryzyko zakażenia patogenami wywołującymi choroby układu pokarmowego. Jedną z takich substancji jest maślan sodu, należący do krótkołańcuchowych kwasów tłuszczowych, wydzielanych m.in. przez probiotyczne bakterie jelitowe. W badaniach realizowanych w ramach projektu pt. „ActEpi: Aktywacja mechanizmów epigenetycznych u drobiu przez programowanie mikrobioty jelitowej”, finansowanego przez Narodowe Centrum Nauki testowano wpływ różnych dawek (0,1%; 0,3%, 0,5%) tej substancji podawanej *in ovo* w 12. dobie inkubacji do komory powietrznej m.in. na ekspresję wybranych genów i mikrobiotę różnych odcinków jelita cienkiego kurcząt brojlerów. Wyniki wskazują, że maślan sodu aplikowany w niskich dawkach może korzystnie wpływać na profil bakterii jelitowych. Jednocześnie analiza ekspresji genów związanych z barierą jelitową oraz reakcją odpornościową organizmu wskazuje na jego prozapalne właściwości. Wyniki analiz wstępnych zostały zaprezentowane na konferencjach zagranicznych (3.2.41, 3.2.43). W ramach badań wykonałem analizy laboratoryjne związane z

określeniem składu jakościowego i ilościowego mikrobioty jelitowej kurcząt różnych grup poprzez sekwencjonowanie nanoporowe regionów zmiennych (V1-V9) genu 16S rRNA, przeprowadziłem wstępną analizę bioinformatyczną oraz przygotowałem i zaprezentowałem uzyskane wyniki na międzynarodowym sympozjum (3.2.43).

Wpływ maślanu sodu na ekspresję genów był również badany z wykorzystaniem kurzych organoidów jelitowych. Organoid to samoorganizująca się, trójwymiarowa tkanka utworzona z wykorzystaniem komórek macierzystych, która naśladuje funkcjonalną, strukturalną i biologiczną złożoność danego narządu. Dzięki nim możliwe jest ograniczenie liczby zwierząt wykorzystywanych w doświadczeniach. Do utworzenia organoidów jelitowych wykorzystano komórki macierzyste pochodzące z krypt jelitowych jelita czczego 18-dniowych zarodków kurzych. Po 5-dniowej hodowli struktury traktowano przez 24 godziny maślanem sodu w stężeniach 0,5 mM i 1 mM, po czym oceniono zmiany w poziomach transkryptów genów związanych z funkcją bariery jelitowej i odpowiedzią immunologiczną. Podobnie jak w przypadku badań *in vivo*, zaobserwowano wpływ czynnika doświadczalnego na wzrost ekspresji cytokin prozapalnych (*IL-6*, *IL-17*) oraz niektórych genów związanych z barierą jelitową (kodujących okludynę i klaudynę). Wyniki badań wstępnych zaprezentowano na konferencji międzynarodowej (3.2.40). Mój udział w badaniach polegał na preparacji krypt jelitowych oraz udział w prowadzeniu hodowli organoidów jelitowych, a także wsparcie merytoryczne w przeprowadzeniu części analiz laboratoryjnych związanych z analizą ekspresji genów.

Aspergiloza jest najczęstszą chorobą grzybiczą u ptaków, a w większości przypadków jest ona wywoływana przez grzyb *Aspergillus fumigatus*. Na aspergilozę mogą zapadać wszystkie gatunki ptaków, w każdym wieku, ale najcięższy przebieg choroby obserwuje się u piskląt. W przypadku drobiu występowaniu choroby sprzyjają niewłaściwe warunki utrzymania i żywienia, młody wiek oraz niska odporność. W doświadczeniu, którego wyniki opublikowano w pracy 2.1.12, testowano możliwość zastosowania formy wziewnej itraconazolu (ITRA - lek przeciwgrzybiczy powszechnie stosowany u ptaków w dawkowaniu doustnym) w leczeniu aspergillozy (*Aspergillus fumigatus*). Doświadczenie przeprowadzono na sześciu grupach przepiórek japońskich zakażonych eksperymentalnie grzybem *Aspergillus fumigatus* w ilości  $5 \times 10^6$  zarodników (3 grupy) lub  $5 \times 10^7$  zarodników (3 grupy). Zwierzęta były traktowane nebulizowaną solą fizjologiczną (grupa kontrolna) lub nanozawiesiną ITRA w dawce 4% lub 10%, raz dziennie przez 30 min. U ptaków z grupy kontrolnej (bez leczenia) aspergiloza skutkowałą chorobą ogólnoustrojową, bez ziarniniaków płucnych lub w workach powietrznych, a śmierć następowała z powodu niewydolności wielonarządowej. Wdychanie 10% nanozawiesiny ITRA ograniczyło śmiertelność i zapobiegło objawom u przepiórek narażonych na niską dawkę zarodników, podczas gdy przebieg choroby u przepiórek inokulowanych wysoką dawką zarodników był opóźniony. Stosowanie 4% nanozawiesiny ITRA było mniej skuteczne. Obie dawki leku były dobrze tolerowane, a badania histopatologiczne nie wykazały oznak ich miejscowej toksyczności. Dane wskazują, że wziewne podawanie 10% nanozawiesiny ITRA jest w stanie złagodzić ostrą infekcję *A. fumigatus* u przepiórek. Niższe stężenie ITRA może być stosowane tylko w przewlekłej aspergillozie płucnej. Mój udział w badaniach polegał na przeprowadzeniu doświadczenia na ptakach oraz pobraniu materiału (płuc) do dalszych analiz.

### 5.3 Wykorzystanie genetyki populacji i metod doskonalenia zwierząt w hodowli zwierząt

Będąc pracownikiem Instytutu Biologicznych Podstaw Produkcji Zwierzęcej Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie od 2008 roku, byłem odpowiedzialny za prace hodowlane prowadzone na 6 rodach przepiórek japońskich utrzymywanych w Stacji Dydaktyczno-Badawczej Zwierząt Drobnych im. Laury Kaufman w Felinie, pozostającej pod opieką merytoryczną Instytutu. Trzy rody należą do mięsnej rasy Faraon i zostały sprowadzone do Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie w 1979 roku jako jednolita populacja. Prowadzona na przełomie lat 80-tych i 90-tych XX wieku przez dr Andrzeja Witkowskiego (Witkowski, 1986) 7-pokoleniowa selekcja rozbieżna w kierunku reakcji na okresowe ograniczenie paszy pozwoliła na wyodrębnienie rodu wysoko- (F11) i niskoreagującego (F22). W 2007 roku do Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie sprowadzono z Uniwersytetu w Nitrze na Słowacji 3 kolejne rody przepiórek japońskich typu nieśnego (S11, S22, S33-nieselekcjonowany), selekcjonowane uprzednio w kierunku niskiej (S11) i wysokiej (S22) koncentracji cholesterolu ogólnego w żółtkach jaj. Od 2024 roku rody F11, F22, S22 i S33 są objęte zadaniem na rzecz postępu biologicznego w produkcji zwierzęcej, finansowanym przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi. W trakcie mojej pracy wprowadzono system identyfikacji osobniczej oparty na kodach kreskowych, powiększono liczebność populacji reprodukcyjnej oraz zastosowano elektroniczny system doboru osobników do kojarzeń, opierający się na algorytmie ewolucyjnym, a mający na celu minimalizację wzrostu współczynnika spokrewnienia, przy jednoczesnym zachowaniu na odpowiednim poziomie wartości cech produkcyjnych i reprodukcyjnych. Do rutynowej kontroli cech użytkowych oraz prac związanych z zestawianiem stadek selekcyjnych wykorzystano przenośne urządzenia do zbierania danych. Konsekwencją prac hodowlanych prowadzonych w tych stadach było coroczne raportowanie wyników w ramach prowadzenia ksiąg hodowlanych przez Krajową Radę Drobiarstwa – Izbę Gospodarczą w Warszawie.

Doświadczenie zdobyte w pracy hodowlanej na przepiórkach japońskich wykorzystałem również w pracy z innymi gatunkami zwierząt. Przykładem mogą być wyniki badań opublikowanych w pracy **2.1.23**, a mające na celu opisanie struktury populacji oraz ocenę różnorodności genetycznej koni pełnej krwi angielskiej uczestniczących w Mistrzostwach Polski Młodych Koni w skokach przez przeszkody. Analizie poddano dane rodowodowe 1 048 koni, a ich rodowody obejmowały łącznie 12 863 osobniki. W ramach badania przeprowadzono analizę struktury rodowodowej oraz ocenę homozygotyczności i zmienności genetycznej populacji. Kompletność i głębokość danych rodowodowych pozwoliły na rzetelną ocenę zróżnicowania genetycznego. Średni współczynnik inbredu utrzymywał się na akceptowalnym poziomie (około 1,01%), jednak niepokojącym zjawiskiem jest wzrastający udział osobników zinbredowanych. Wyniki wskazały, że współczesne konie sportowe wywodzą się z ograniczonej puli wysokiej klasy reproduktorów, których potomstwo było intensywnie wykorzystywane w hodowli, co doprowadziło do koncentracji materiału genetycznego w wąskiej grupie linii rodowych i spadku różnorodności genetycznej. Z uwagi na obserwowane zmiany w populacji, konieczne jest monitorowanie poziomu chowu wsobnego u współczesnych koni sportowych oraz efektywne wykorzystanie danych rodowodowych w procesie selekcji

hodowlanej. W pracy (2.1.23) wykonałem część analiz statystycznych dotyczących szacowania współczynników zmienności genetycznej analizowanej populacji.

Wiedzę z zakresu genetyki populacji i metod hodowanych wykorzystałem również w ramach współpracy z sektorem prywatnym. Od 2011 roku współpracuję z Ośrodkiem Hodowli Zarodowej MESSA Sp. z o.o. w Mieni, doskonalącym stada zarodowe kur nieśnych oraz utrzymującym kilka populacji kur w ramach ochrony zasobów genetycznych. Podstawą tej współpracy jest opracowanie i organizacja elektronicznej dokumentacji hodowlanej, coroczna ocena wartości hodowlanej osobników, zestawienie ptaków w stadka reprodukcyjne oraz ocena parametrów genetycznych rodów kur i kontrola postępu hodowlanego. W ramach współpracy z Ośrodkiem realizowany był projekt badawczy pt. „Modyfikacja kryterium selekcyjnego i programu hodowlanego stada zarodowego kur nieśnych”, współfinansowany przez NCBiR w latach 2013-2016. W rezultacie jedno z kryteriów hodowlanych - pomiar masy właściwej jaja, pośrednio świadczący o jakości skorupy, zostało zastąpione niedestrukcyjnym pomiarem grubości skorupy. Dzięki temu jaja po ocenie tego parametru mogą nadal być wykorzystywane jako wylęgowe lub konsumpcyjne. Moją rolą jako wykonawcy w projekcie był udział w ocenie jakości skorupy i treści jaja analizowanych rodów kur oraz przygotowanie danych do analizy statystycznej. W ramach współpracy powstała praca przeglądowa (2.3.1) omawiająca destrukcyjne i niedestrukcyjne, a także pośrednie i bezpośrednie metody oceny jakości skorupy oraz ich współczynniki odziedziczalności, jak również korelacje genetyczne i fenotypowe z innymi ważnymi z ekonomicznego punktu widzenia cechami produkcyjnymi. Moja rola w powstaniu tej pracy polegała na kwerendzie dostępnej literatury dotyczącej analizowanego zagadnienia oraz przygotowaniu tekstu manuskryptu. Wynikiem współpracy z Ośrodkiem Hodowli Zarodowej MESSA Sp. z o.o. w Mieni są również doniesienia konferencyjne 3.2.22, 3.2.23, 3.2.24, 3.2.30 związane z optymalizacją pracy hodowlanej i parametrami genetycznymi stad zarodowych kur nieśnych, których byłem autorem lub współautorem.

W ramach projektu pt. „Optymalizacja systemu indywidualnej kontroli i oceny wartości użytkowej kaczek pekin krajowy”, realizowanego we współpracy z Krajową Radą Drobiarstwa – Izbą Gospodarczą w Warszawie oraz Ośrodkiem Hodowli Kaczek - Adam Belt w Lińsku, uczestniczyłem w opracowaniu elektronicznej dokumentacji hodowlanej, opracowaniu i wdrożeniu elektronicznego pomiaru cech użytkowych oraz optymalizacji wyboru osobników do stadek reprodukcyjnych. W ramach prowadzonych badań analizowano również parametry genetyczne i postęp hodowlany w stadach zarodowych kaczek, a wyniki opublikowano w materiałach konferencyjnych 3.2.28, 3.2.29 i 3.2.31. Moją rolą w projekcie było opracowanie systemu identyfikacji osobniczej w oparciu o kody kreskowe, automatyzacja procesu zbierania i przetwarzania danych za pomocą przenośnych urządzeń do zbierania danych, testowanie systemu elektronicznej dokumentacji hodowlanej, współpraca z Ośrodkiem na etapie wdrażania oprogramowania, analiza parametrów i trendów genetycznych wybranych cech kryterium selekcyjnego analizowanych rodów kaczek oraz raportowanie aktualnego stanu zaawansowania prac przed Komisją Hodowli, Wylęgu i Oceny Drobiu Krajowej Rady Drobiarstwa-Izby Gospodarczej w Warszawie.

## 5.4 Ochrona zasobów genetycznych drobiu

Instytut Biologicznych Podstaw Produkcji Zwierzęcej Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie od wielu lat sprawuje opiekę nad dwoma stadami kur nieśnych, tj. zielononóżki kuropatwianej – ród Zk (od 1945 roku) oraz rasą Polbar – ród Pb, utworzoną przez prof. Laure Kaufman w latach 1946 – 1953. Wymienione rasy kur objęte są „Programem ochrony zasobów genetycznych kur nieśnych” koordynowanym przez Instytut Zootechniki w Balicach oraz zadaniem na rzecz postępu biologicznego w produkcji zwierzęcej finansowanego przez MRiRW, natomiast księgi hodowlane tych rodów prowadzone są przez Krajową Radę Drobiarstwa – Izbę Gospodarczą w Warszawie. Jak już wspomniano wcześniej, od 1979 roku w Instytucie utrzymywane są przepiórki japońskie mięsnej rasy faraon (obecnie 3 rody), natomiast od 2007 roku także przepiórki japońskie typu nieśnego (obecnie 3 rody). Od 2008 roku Instytut, we współpracy z hodowcami drobiu ozdobnego, prowadzi prace związane z odtworzeniem kur rasy czubotka dworska o kuropatwianej barwie upierzenia. Jako pracownik Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie byłem odpowiedzialny za ocenę wartości użytkowej posiadanych przez Instytut rodów przepiórki japońskiej oraz roczne raportowanie wyników Krajowej Radzie Drobiarstwa – Izbie Gospodarczej w Warszawie, która prowadzi księgi hodowlane tego gatunku. W ramach zadania na rzecz postępu biologicznego w produkcji zwierzęcej uczestniczyłem również w pracach związanych z oceną wartości użytkowej posiadanych przez Instytut stad kur, a także rodów kur ras: New Hampshire (ród N-11), Barred Rock (ród P-11 i W-44) oraz Barred Plymouth Rock (ród D-11), których właścicielem jest Ośrodek Hodowli Zarodowej MESSA Sp. z o.o. w Mieni. Mój udział w badaniach był związany z oceną jakości jaj analizowanych rodów zachowawczych kur.

W ramach współpracy z Politechniką Bydgoską im. Jana i Jędrzeja Śniadeckich oraz Instytutem Hodowli i Żywnienia Zwierząt w Meheszet na Węgrzech oceniono różnorodność i strukturę genetyczną czterech populacji kur: Zielononóżki kuropatwianej, Czarnej Gołoszyjki transylwańskiej, Białej Gołoszyjki Transylwańskiej i Węgierskiej kury plamistej przy użyciu markerów mikrosatelitarnych (praca 2.1.19). Wyniki wskazują, że zarządzanie populacjami nie miało negatywnego wpływu na ich zmienność genetyczną, ponieważ w porównaniu z wynikami z lat 2009–2010 struktura genetyczna rodów pozostała niezmienną po 10 latach prowadzenia ochrony in situ. Mój udział w tych badaniach polegał na współudziale w przeprowadzeniu analiz laboratoryjnych związanych z ustaleniem genotypów ptaków w wybranych loci mikrosatelitarnych oraz wykonaniu części analiz statystycznych. Wynikiem prac związanych z ochroną zasobów genetycznych drobiu są również doniesienia konferencyjne 3.1.9, 3.2.1, 3.2.3, 3.2.13, 3.2.16, 3.2.37 i 3.2.38 związane z oceną wartości użytkowej, cech jakościowych jaj i mięsa oraz wybranych parametrów biochemicznych mięśni piersiowych.

W ramach podzadania pt. „Ocena przydatności nowo wytworzonych ogólnoużytkowych mieszańców kur do chowu w warunkach zrównoważonej produkcji drobiarskiej” realizowanego w ramach projektu „BIOŻYWNOSĆ – innowacyjne, funkcjonalne produkty pochodzenia zwierzęcego” współfinansowany przez Unię Europejską ze środków Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego w ramach PO Innowacyjna Gospodarka, wytworzono wolno rosnące mieszańce kurczęt rzeźnych przeznaczone do chowu ekstensywnego. Komponent rodzicielski stanowiły koguty stada rodzicielskiego

szybkorosnących brojlerów kurzych, kury rasy zielononóżka kuropatwiana oraz Sussex. Analizowano wpływ długości tuczu (9 i 12 tygodni) oraz warunków odchowu (system intensywny vs. ekstensywny) na tempo wzrostu, wydajność rzeźną, jakość mięsa oraz wskaźniki hematologiczne i biochemiczne krwi mieszańców uzyskanych z ras wyjściowych kojarzonych w różnych konfiguracjach. Szczegółowe wyniki opublikowano w pracy **2.1.4** zaś etapowe w materiałach konferencyjnych (**3.2.9**, **3.2.10**). Jako wykonawca projektu uczestniczyłem w analizie rzeźnej oraz ocenie jakości mięsa pozyskanego z poszczególnych grup mieszańców ocenianych w ramach zadania oraz przygotowaniu tekstu manuskryptu.

## **5.5 Czynniki środowiskowe wpływające na jakość jaj i parametry produkcyjne**

Część mojego dorobku naukowego związana jest z oceną behawioru zwierząt oraz wpływem wzbogacenia środowiska o elementy zapewniające ekspresję naturalnych form zachowania przepiórek japońskich na cechy produkcyjne, takie jak masa ciała, nieśność, spożycie i wykorzystanie paszy oraz jakość jaj. Wstępne wyniki tych badań, przedstawione na konferencji naukowej (**3.2.36**), a następnie poszerzone i uzupełnione w pracy **2.2.2**, wskazują, że wzbogacone środowisko miało pozytywny wpływ na parametry produkcyjne i jakość jaj przepiórek w porównaniu z konwencjonalnym chowem klatkowym. W ramach prowadzonych badań uczestniczyłem w kontroli cechy użytkowych oraz przygotowałem zestaw danych do analiz statystycznych.

Stres jest czynnikiem bezpośrednio wpływającym na behawior i odporność zdrowotną zwierzęcia, a pośrednio - również na masę i cechy jakości jaj, takie jak m.in. wytrzymałość skorupy na zgniecenie. Aby ocenić poziom stresu u ptaków, stosuje się różnego rodzaju testy. Jednym z nich jest pomiar czasu trwania bezruchu tonicznego. Celem badania przeprowadzonego na przepiórkach japońskich była ocena zmienności tej cechy w zależności od płci, wieku (1 dzień oraz 1., 4., 6. i 7. tydzień życia) oraz typu użytkowego (mięśny vs. nieśny). Jedynym czynnikiem mającym wpływ na czas trwania bezruchu tonicznego był wiek ptaków. Najniższe wartości zaobserwowano u jednodniowych piskląt, po czym rosły one systematycznie do 6. tygodnia życia, a następnie ponownie spadły w 9. tygodniu. Wykazano, że ocena bezruchu tonicznego może być dobrym predyktorem poziomu stresu u przepiórek w różnym wieku (**3.2.4**). Moją rolą w badaniach było przeprowadzenie testu behawioralnego, analiza statystyczna danych oraz przygotowanie tekstu doniesienia.

Czynnikiem mającym istotny wpływ na jakość jaj jest ich przechowywanie. Tempo zmian, jakim ulegają przede wszystkim cechy treści jaja, zależy od wielu czynników, takich jak warunki przechowywania (temperatura, wilgotność), rasa lub zestaw towarowy, żywienie, wiek stada oraz system chowu. W pracy **2.1.5** analizowano wpływ masy jaja oraz rodzaju systemu chowu klatkowego (klatki konwencjonalne vs. wzbogacone) na jakość jaj kurzych w trakcie przechowywania. Wyniki wskazywały, że tempo zmian jakościowych jaj (utrata masy jaja, udział żółtka, wysokość białka, jednostki Haugha) było mniejsza w przypadku jaj pochodzących od kur utrzymywanych w klatkach wzbogaconych. Było to widoczne szczególnie w wyższych klasach wagowych (XL i L). Moją rolą w badaniach był udział w ocenie jakości jaj oraz przygotowanie danych do analiz statystycznych.

Czynnikiem mogącym ograniczyć tempo zmian jakościowych jaja w trakcie przechowywania jest obniżona temperatura. Obowiązujące regulacje prawne nie dopuszczają

jednak chłodzenia jaj przed zakupem przez konsumenta, co wiąże się z ryzykiem kondensacji pary wodnej na powierzchni skorupy oraz potencjalnej kontaminacji mikrobiologicznej. W literaturze pojawiają się również doniesienia sugerujące, że jaja przechowywane w temperaturze chłodniczej (5°C), a następnie przeniesione do temperatury pokojowej (21°C), mogą wykazywać przyspieszoną utratę jakości w porównaniu z jajami przechowywanymi stale w temperaturze pokojowej. W celu eksperymentalnej oceny wpływu zmiennych warunków temperaturowych na dynamikę zmian jakościowych przeprowadzono badania własne, których wyniki zaprezentowano na konferencji krajowej (3.1.14). Wskazują one, że krótkie przechowywanie jaj (7 dni) w temperaturze chłodniczej może opóźnić proces starzenia po przeniesieniu do temperatury pokojowej. Mój udział w badaniach polegał na zestawieniu danych dotyczących analizowanych cech i przygotowaniu ich do analiz statystycznych oraz konsultacje dotyczące metodyki prowadzonych badań.

U niektórych niosek, szczególnie w początkowym okresie nieśności, gdy układ hormonalny sterujący procesem owulacji i formowania komórek jajowych nie jest jeszcze w pełni ustabilizowany, mogą pojawiać się jaja dwużółtkowe. Ich udział w całkowitej produkcji nieśnej w tym okresie może wynosić 5-12%, zaś w pełnym okresie produkcyjnym 1-2%. Jaja dwużółtkowe są traktowane przez hodowców jako materiał odpadowy ze względu na niską wylęgowość piskląt oraz znacznie większą masę w porównaniu z jajami jednożółtkowymi, co sprawia, że nie mieszczą się one w standardowych opakowaniach detalicznych. Charakteryzują się również cieńszą skorupą, a przez to - zmniejszoną wytrzymałością na zgniecenie. Aby zweryfikować możliwość wykorzystania jaj dwużółtkowych jako jaj konsumpcyjnych, przeprowadzono badania porównawcze z jajami jednożółtkowymi obejmujące cechy jakości jaja, podstawowy skład chemiczny oraz profil kwasów tłuszczowych (2.1.28). Jaja dwużółtkowe charakteryzowały się wyższą masą jaja i skorupy, większą procentową zawartością żółtka i związaną z tym zmniejszoną proporcją białka, niższymi jednostkami Haugha, jaśniejszymi żółtkami, wyższym pH białka oraz nieznacznie korzystniejszym profilem kwasów tłuszczowych. Co zastanawiające, nie zaobserwowano istotnych różnic w grubości i wytrzymałości skorupy pomiędzy obydwoma typami jaj. Wyniki badań jednoznacznie wskazują na możliwość wykorzystania jaj dwużółtkowych do celów konsumpcyjnych.

## **5.6 Wpływ stresu cieplnego i ochronnego działania wybranych substancji na erytrocyty kurze**

Ekspozycja ptaków na wysoką temperaturę, obserwowana w naszym kraju szczególnie w miesiącach letnich, przyczynia się do spadku tempa wzrostu i produkcji nieśnej, pogorszenia jakości produktów drobiarskich (mięsa i jaj), zmian fizjologicznych i biochemicznych organizmu oraz zaburzeń behawioralnych. Powoduje również spadek odporności ptaków, zwiększając tym samym ich podatność na choroby zakaźne. Zapobieganie i łagodzenie skutków stresu cieplnego w warunkach wielkotowarowego chowu drobiu polega przede wszystkim na zastosowaniu sprawnej wentylacji, zamgławiania oraz kurtyn wodnych, które zapewniają odpowiednie warunki temperaturowe w pomieszczeniach inwentarskich. Stosuje się również różnego rodzaju dodatki paszowe mające na celu ograniczenie wpływu stresu cieplnego na organizm ptaków. Z tego względu podjęliśmy badania dotyczące termo protekcyjnego wpływu aminokwasu L-proliny na erytrocyty kurze w warunkach stresu cieplnego. Zostały one

przeprowadzone w ramach dysertacji doktorskiej dr inż. Aleksandry Szabelak, w której pełniłem funkcję promotora pomocniczego. Ponieważ w dostępnej literaturze naukowej niewiele jest badań dotyczących wpływu stresu cieplnego na ptasie komórki krwi, w ramach badań wstępnych (praca **2.1.24**; doniesienia konferencyjne: **3.1.10**; **3.1.11**) określono wpływ podwyższonej temperatury (43 i 45°C) stosowanej przez 1 i 4 godziny na morfologię, żywotność, cytotoksyczność i aktywność proapoptotycznej kaspazy 3/7 na krwinki czerwone kur rasy White Leghorn. Stwierdzono, że krótkotrwała ekspozycja erytrocytów na temperaturę 43-45°C prowadziła do zmian morfologicznych komórek oraz wzrostu aktywności kaspazy 3/7. W obrazie mikroskopowym zaobserwowano również komórki hemolityczne, co może być konsekwencją uszkodzenia błony komórkowej lub dezintegracji apoptotycznej. Ponieważ zmiany w morfologii erytrocytów oraz aktywności kaspazy były zauważalne po krótkim czasie od zastosowania czynnika, mogą stanowić użyteczne markery stresu cieplnego u ptaków. W kolejnym etapie badań (praca **2.1.25**; doniesienia konferencyjne: **3.1.12**; **3.1.13**) analizowano potencjalny efekt ochronny L-proliny (stężenia: 50, 100 i 200 µg/ml) na kurze krwinki czerwone inkubowane w identycznych warunkach jak w pracy **2.1.24** (temperatura 43 i 45°C; czas: 1 i 4 godziny). Oprócz zmian morfologicznych, żywotności erytrocytów oraz aktywności kaspazy 3/7 analizowano także aktywność białka szoku cieplnego HSP70 1A oraz poziom glutationu. Badania potwierdziły spadek żywotności i nasilenie zmian morfologicznych komórek grupy kontrolnej (bez L-proliny). Natomiast proapoptotyczne lub antyapoptotyczne działanie aminokwasu zależało od jego stężenia i temperatury stresu cieplnego. Efekt termoprotekcyjny mógł wynikać ze wzrostu aktywności białka szoku cieplnego HSP70 1A i pobudzenia mechanizmów obrony antyoksydacyjnej. Jako promotor pomocniczy uczestniczyłem w weryfikacji merytorycznej i ustaleniu założeń metodycznych planowanych badań, brałem udział w analizach związanych z wyborem odpowiedniego zakresu wysokich temperatur oraz dawek L-proliny stosowanych na późniejszych etapach badań. Brałem również udział w pobieraniu materiału badawczego, ocenie zmian morfologicznych erytrocytów oraz analizach laboratoryjnych związanych z oznaczaniem aktywności analizowanych białek oraz poziomu glutationu. Uczestniczyłem również w procesie edycji tekstów prac.

We wcześniejszych badaniach (prac **2.1.17**) analizowano natomiast wpływ innego aminokwasu - L-karnityny (L-CAR) aplikowanej w różnych stężeniach (25, 50 i 100 µg/ml) na morfologię, hemolizę, aktywność kaspazy 3/7 oraz wychwyt glukozy w erytrocytach kurzych inkubowanych przez 48 godzin w pożywce hodowlanej pozbawionej składników odżywczych. Wykazano niższy odsetek komórek apoptotycznych oraz zmniejszoną hemolizę erytrocytów we wszystkich stężeniach L-CAR. Wynik ten jednocześnie potwierdził ochronne działanie L-karnityny na erytrocyty ptasie w warunkach niedoboru składników odżywczych. Moją rolą w tych badaniach było przeprowadzenie części analiz laboratoryjnych związanych z oznaczeniem aktywności kaspazy 3/7 oraz wychwytem glukozy w erytrocytach kurzych.

## **5.7 Pozostałe badania**

W tej części umieszczono badania, które trudno zakwalifikować do powyższych grup tematycznych.

W pracy **2.1.1** przedstawiono wyniki badań realizowanych w ramach mojej pracy magisterskiej a dotyczących związku pomiędzy polimorfizmem sekwencji mikrosatelitarnych

a masą ciała i temperamentem lisów polarnych. Ocenę wpływu probiotyków na śmiertelność, trawienie syropu cukrowego i poziom infekcji pszczoł miodnych przez *Nosema* spp. w warunkach laboratoryjnych przeprowadzono w badaniach opublikowanych w pracy 2.1.6. Natomiast w pracy 2.1.10 analizowano wpływ częstotliwości wykonywania zabiegów higienicznych w chowie klatkowym przepiórek japońskich na poziom zanieczyszczenia mikrobiologicznego powierzchni jaj pozyskiwanych od tych ptaków. O roli genów *DCX*, *NES* i *OLIG2* w migracji komórek glejaka wielopostaciowego traktuje praca 2.1.22. Była ona wynikiem wstępnych badań mających na celu wykorzystanie zarodka kurzego jako modelu w badaniu migracji komórek nowotworowych.

Pozostałe prace dotyczące tematyki drobiarskiej zostały opublikowane w materiałach konferencyjnych i dotyczyły: wykorzystania różnych źródeł materiału biologicznego w analizach RAPD-PCR amadyny zebrowatej (3.2.2), wpływu kapłonowania kogutów rasy zielononóżka kuropatwiana na cechy rzeźne (3.2.18) i parametry biochemiczne krwi (3.2.14), ocenę obecności transgenów w tkankach przepiórek japońskich żywionych paszą zawierającą soję modyfikowaną genetycznie (3.2.15), miopatii mięśni piersiowych brojlerów (3.2.19), pierwotnych komórek płciowych (3.2.26) oraz analizy wylęgowości z jaj dwuzótkowych (3.2.34).

## **6 Informacja o wykazywaniu się istotną aktywnością naukową realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej, w szczególności zagranicznej**

W ramach współpracy naukowej realizowałem zadania badawcze z 6 jednostkami zagranicznymi oraz łącznie 10 Instytutami, Uniwersytetami oraz podmiotami prywatnymi z Polski.

**Nazwa instytucji zagranicznej:** University of Molise, Campobasso, Włochy

**Partnerzy:** prof. Giuseppe Maiorano, dr Siria Tavaniello

**Forma współpracy:** Kooperacja w zakresie analizy jakości mięsa, realizacja zadań badawczych w projekcie, redagowanie publikacji oraz konsultacje naukowe.

Moja współpraca naukowa z prof. Giuseppe Maiorano z Katedra Nauk o Rolnictwie, Środowisku i Żywności Uniwersytetu w Molise we Włoszech została zapoczątkowana 4-miesięcznym stażem naukowym w tej jednostce na przełomie lat 2007 i 2008 r. Jego celem było zapoznanie się z podstawowymi procedurami badawczymi obowiązującymi w laboratorium oraz przeprowadzenie analiz podstawowego składu chemicznego oznaczenie profilu kwasów tłuszczowych, a także określenie zawartości cholesterolu i kolagenu w mięśniach piersiowych różnych linii genetycznych przepiórek japońskich.

### **Efekty współpracy:**

- Maiorano, G.<sup>✉</sup>, Knaga, S., Witkowski, A., Cianciullo, D., Bednarczyk, M. 2011. Cholesterol content and intramuscular collagen properties of pectoralis superficialis muscle of quail from different genetic groups. *Poultry Science*, 90(7), 1620-1626.  
<http://dx.doi.org/10.1399/eps.2019.279>

- Tavaniello, S., Maiorano, G.<sup>✉</sup>, Siwek, M., Knaga, S., Witkowski, A., Di Memmo, D., Bednarczyk, M. 2014. Growth performance, meat quality traits, and genetic mapping of quantitative trait loci in 3 generations of Japanese quail populations (*Coturnix japonica*). Poultry Science, 93(8), 2129-2140. <https://doi.org/10.3382/ps.2014-03920>
- Knaga, S.<sup>✉</sup>, Siwek, M., Tavaniello, S., Maiorano, G., Witkowski, A., Jeżewska-Witkowska, G., Bednarczyk, M., Zięba, G. 2018. Identification of quantitative trait loci affecting production and biochemical traits in a unique Japanese quail resource population. Poultry science, 97(7), 2267-2277. <https://doi.org/10.3382/ps/pey110>
- Tavaniello, S., Siwek, M., Maiorano, G., Knaga, S., Witkowski, A., Manchisi, A., Bednarczyk, M. 2017. Fatty acid composition of meat and genetic mapping of quantitative trait loci in 3 generations of Japanese quail populations. Journal of Central European Agriculture, 18(4), 806-822. <https://doi.org/10.5513/jcea.v18i4.5911>
- Doniesienia na konferencje/sympozja krajowe i międzynarodowe: **6 (3.1.8, 3.2.3, 3.2.7, 3.2.8, 3.2.12, 3.2.20)**

**Nazwa instytucji krajowej:** Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy w Bydgoszczy/Politechnika Bydgoska im. Jana i Jędrzeja Śniadeckich (będąc pracownikiem Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie)

**Partnerzy:** prof. dr hab. Marek Bednarczyk, prof. dr hab. Maria Siwek-Gapińska, dr Michalina Jawor,

**Forma współpracy:** Kooperacja w zakresie analiz laboratoryjnych, realizacja zadań badawczych w projekcie, redagowanie publikacji oraz konsultacje naukowe.

**Efekty współpracy:**

- Maiorano, G.<sup>✉</sup>, Knaga, S., Witkowski, A., Cianciullo, D., Bednarczyk, M. 2011. Cholesterol content and intramuscular collagen properties of pectoralis superficialis muscle of quail from different genetic groups. Poultry Science, 90(7), 1620-1626. <http://dx.doi.org/10.1399/eps.2019.279>
- Tavaniello, S., Maiorano, G.<sup>✉</sup>, Siwek, M., Knaga, S., Witkowski, A., Di Memmo, D., Bednarczyk, M. 2014. Growth performance, meat quality traits, and genetic mapping of quantitative trait loci in 3 generations of Japanese quail populations (*Coturnix japonica*). Poultry Science, 93(8), 2129-2140. <https://doi.org/10.3382/ps.2014-03920>
- Knaga, S.<sup>✉</sup>, Siwek, M., Tavaniello, S., Maiorano, G., Witkowski, A., Jeżewska-Witkowska, G., Bednarczyk, M., Zięba, G. 2018. Identification of quantitative trait loci affecting production and biochemical traits in a unique Japanese quail resource population. Poultry science, 97(7), 2267-2277. <https://doi.org/10.3382/ps/pey110>
- Tavaniello, S., Siwek, M., Maiorano, G., Knaga, S., Witkowski, A., Manchisi, A., Bednarczyk, M. 2017. Fatty acid composition of meat and genetic mapping of quantitative trait loci in 3 generations of Japanese quail populations. Journal of Central European Agriculture, 18(4), 806-822. <https://doi.org/10.5513/jcea.v18i4.5911>
- Sawicka, D., Samek, K., Chojnacka-Puchta, L., Witkowski, A., Knaga, S., Dębowska, M., Bednarczyk, M. <sup>✉</sup> 2015. Changes in quail blastodermal cell status as a result of selection. Folia Biologica (Kraków), 63(1), 63-67. [https://doi.org/10.3409/fb63\\_1.63](https://doi.org/10.3409/fb63_1.63)
- Jawor, M.<sup>✉</sup>, Knaga, S., Kozłowska, I., Barna, J., Váradi, É., Kasperek, K., Drobnyák, A., Bodzsár, N., Patakiné Várkonyi, E., Jeżewska-Witkowska, G., Bednarczyk, M. 2020.

Population structure of four indigenous chicken breeds undergoing in situ conservation. *Animal Science Papers & Reports*, 38(2), 167-179.

- Doniesienia na konferencje/sympozja krajowe i międzynarodowe: **5 (3.1.8, 3.2.1, 3.2.3, 3.2.20, 3.2.26)**

**Nazwa instytucji krajowej:** Uniwersytet im. Jana Kochanowskiego w Kielcach

**Partnerzy:** dr hab. Andrzej Kowalski

**Forma współpracy:** Kooperacja w zakresie analiz laboratoryjnych, redagowania publikacji oraz konsultacje naukowe.

**Obecne efekty współpracy:**

- Kowalski, A. <sup>✉</sup>, Pałyga, J., Knaga, S., Witkowski, A. 2015. A shift in the erythrocyte histone H1 complement following selection in quail (*Coturnix japonica*). *Czech Journal of Animal Science*, 60, 105-115. <https://doi.org/10.17221/8075-CJAS>
- Kowalski, A. <sup>✉</sup>, Knaga, S. 2017. Evidence on the stability of histone H1. a polymorphic variants during selection in quail. *Archives Animal Breeding*, 60(2), 145-151. <https://doi.org/10.5194/aab-60-145-2017>
- Kowalski, A. <sup>✉</sup>, Knaga, S. 2021. A variety-specific arrangement of histone H1 subtype (H1. b and H1. z) polymorphic variants in differently plumaged quails. *British Poultry Science*, 62(2), 166-171. <https://doi.org/10.1080/00071668.2020.1842854>
- Kowalski, A. <sup>✉</sup>, Knaga, S. 2025. Difference in the rearrangement of quail histone H1 allelic variants during divergent selection for reduction of body mass coupled to the food withdraw. *Biochimie*. <https://doi.org/10.1016/j.biochi.2025.02.008>

**Nazwa instytucji krajowej:** Uniwersytet w Siedlcach

**Partnerzy:** prof. dr hab. inż. Elżbieta Smalec, dr hab. inż. Katarzyna Andraszek, dr hab. inż. Ewa Wójcik

**Forma współpracy:** Kooperacja w zakresie analiz laboratoryjnych, realizacja zadań badawczych w projekcie, redagowanie publikacji oraz konsultacje naukowe.

**Efekty współpracy:**

- Andraszek, K. <sup>✉</sup>, Gryzińska, M., Knaga, S., Wójcik, E., Smalec, E. 2012. Number and size of nucleoli in the spermatocytes of chicken and Japanese quail. *Folia Biologica (Kraków)*, 60(3-4), 121-127. [https://doi.org/10.3409/fb60\\_3-4.121-127](https://doi.org/10.3409/fb60_3-4.121-127)
- Wójcik, E. <sup>✉</sup>, Andraszek, K., Smalec, E., Knaga, S., Witkowski, A. 2014. Identification of chromosome instability in Japanese quail (*Coturnix japonica*). *British poultry science*, 55(4), 435-441. <https://doi.org/10.1080/00071668.2014.929637>
- Andraszek, K. <sup>✉</sup>, Gryzińska, M., Wójcik, E., Knaga, S., Smalec, E. 2014. Age-dependent change in the morphology of nucleoli and methylation of genes of the nucleolar organizer region in Japanese quail (*Coturnix japonica*) model (Temminck and Schlegel, 1849)(Galliformes: *Aves*). *Folia Biologica (Kraków)*, 62(4), 293-300. [https://doi.org/10.3409/fb62\\_4.293](https://doi.org/10.3409/fb62_4.293)
- Doniesienia na konferencje/sympozja krajowe i międzynarodowe: **3 (3.1.1, 3.1.2, 3.2.5)**

**Nazwa instytucji krajowej:** Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

**Partnerzy:** prof. dr hab. Piotr Właż, dr hab. Piotr Dobrowolski, dr hab. Monika Hułas-Stasiak, dr Mateusz Kutyla

**Forma współpracy:** Kooperacja w zakresie analiz laboratoryjnych, redagowanie publikacji oraz konsultacje naukowe.

**Obecne efekty współpracy:**

- Właż, P., Knaga, S., Kasperek, K., Właż, A., Poleszak, E., Jeżewska-Witkowska, G., Winiarczyk, S., Heinekamp, T., Rundfeldt, C<sup>☒</sup>. 2015. Activity and safety of inhaled itraconazole nanosuspension in a model pulmonary *Aspergillus fumigatus* infection in inoculated young quails. Mycopathologia, 180, 35-42. <https://doi.org/10.1007/s11046-015-9885-2>
- Tomaszewska, E.<sup>☒</sup>, Dobrowolski, P., Muszyński, S., Kwiecień, M., Kasperek, K., Knaga, S., Tomczyk-Warunek, A., Kowalik, S., Jeżewska-Witkowska, G., Grela, E. R. 2018. Intestinal mucosa develops in a sex-dependent manner in Japanese quail (*Coturnix japonica*) fed *Saccharomyces cerevisiae*. British Poultry Science, 59(6), 689-697. <https://doi.org/10.1080/00071668.2018.1523536>
- Tomaszewska, E., Knaga, S., Dobrowolski, P., Lamorski, K., Jabłoński, M., Tomczyk-Warunek, A., Kadhim, M.J., Hulas-Stasiak, M., Borsuk, G., Muszyński, S.<sup>☒</sup> 2020. The effect of bee pollen on bone biomechanical strength and trabecular bone histomorphometry in tibia of young Japanese quail (*Coturnix japonica*). PLoS One, 15(3), e0230240. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0230240>
- Muszyński, S.<sup>☒</sup>, Dobrowolski, P., Kasperek, K., Knaga, S., Kwiecień, M., Donaldson, J., Kutyla, M., Kapica, M., Tomaszewska, E. 2020. Effects of yeast (*Saccharomyces cerevisiae*) probiotics supplementation on bone quality characteristics in young Japanese quail (*Coturnix japonica*): The role of sex on the action of the gut-bone axis. Animals, 10(3), 440. <https://doi.org/10.3390/ani10030440>
- Doniesienia na konferencje/sympozja krajowe i międzynarodowe: **1 (3.1.7)**

**Nazwa instytucji krajowej:** Uniwersytet Medyczny w Lublinie

**Partnerzy:** prof. dr hab. Radosław Rola, dr Adrian Odrzywolski, dr hab. Bożena Jarosz, dr Michał Kiełbus, prof. dr hab. Ewa Poleszak, prof. dr hab. Mirosław Jabłoński, dr Aleksandra Właż, dr Agnieszka Tomczyk-Warunek

**Forma współpracy krajowej:** Kooperacja w zakresie analiz laboratoryjnych, redagowanie publikacji oraz konsultacje naukowe.

**Obecne efekty współpracy:**

- Właż, P., Knaga, S., Kasperek, K., Właż, A., Poleszak, E., Jeżewska-Witkowska, G., Winiarczyk, S., Heinekamp, T., Rundfeldt, C<sup>☒</sup>. 2015. Activity and safety of inhaled itraconazole nanosuspension in a model pulmonary *Aspergillus fumigatus* infection in inoculated young quails. Mycopathologia, 180, 35-42. <https://doi.org/10.1007/s11046-015-9885-2>
- Tomaszewska, E., Knaga, S., Dobrowolski, P., Lamorski, K., Jabłoński, M., Tomczyk-Warunek, A., Kadhim, M.J., Hulas-Stasiak, M., Borsuk, G., Muszyński, S.<sup>☒</sup> 2020. The effect of bee pollen on bone biomechanical strength and trabecular bone histomorphometry in tibia of young Japanese quail (*Coturnix japonica*). PLoS One, 15(3), e0230240. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0230240>
- Odrzywolski, A., Jarosz, B., Kiełbus, M., Telejko, I., Ziemianek, D., Knaga, S., Rola, R.<sup>☒</sup> 2021. Profiling glioblastoma cases with an expression of DCX, OLIG2 and NES. International Journal of Molecular Sciences, 22(24), 13217. <https://www.mdpi.com/1422-0067/22/24/13217>

Wykaz pozostałych jednostek naukowych afiliowanych w pracach współautorskich opublikowanych w czasopismach naukowych znajduje się w **Tabeli 1**. Współpraca polegała przede wszystkim na przygotowaniu i pozyskaniu materiału badawczego, wykonaniu części analizach laboratoryjnych, przygotowaniu i redakcji manuskryptów oraz konsultacjach naukowych.

**Tabela 1. Wykaz jednostek afiliowanych w pracach współautorskich opublikowanych w czasopismach naukowych.**

Nazwa jednostki	Numer pracy zgodny z załącznikiem nr4; pkt. II.2.
Uniwersytet Jagielloński w Krakowie	2.1.12
Leibniz Institute for Natural Product Research and Infection Biology, Jena, Germany	2.1.12
Drug Consulting Network, Coswig, Germany	2.1.12
Instytut Genetyki i Biotechnologii Zwierząt Polskiej Akademii Nauk, Jastrzębiec	2.1.30, 2.3.1
MESSA Ośrodek Hodowli Zarodowej Sp. z o.o., Mienia	2.3.1
University of the Witwatersrand, Parktown, Johannesburg, South Africa;	2.1.20
Research Institute for Animal Breeding and Nutrition, Meheszet, Godollo, Hungary	2.1.19
Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk, Lublin	2.1.18
Al-Furat Al-Awsat Technical University, Babylon, Iraq	2.1.18
KU Leuven, Leuven, Belgium	2.1.22

Od początku mojej pracy naukowej współpracowałem również z różnymi jednostkami Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie. Ich wykaz zestawiono w **Tabeli 2**. Współpraca obejmowała komplementarne badania prowadzone na tym samym materiale badawczym, przygotowanie tekstu manuskryptu, kooperacja na etapie recenzji oraz konsultacje naukowe.

**Tabela 2. Wykaz współpracy z jednostkami należącymi do uczelni macierzystej (w momencie kooperacji).**

Nazwa jednostki	Partnerzy	Numer pracy zgodny z załącznikiem nr 4; pkt. II.2
Zakład Towaroznawstwa Produktów Zwierzęcych i Akwakultury, Wydział Nauk o Zwierzętach i Biogospodarki	Prof. dr hab. Mariusz Florek	2.1.4
Instytut Żywienia Zwierząt i Bromatologii, Wydział Nauk o Zwierzętach i Biogospodarki	Prof. dr hab. Małgorzata Kwiecień Prof. dr hab. Eugeniusz Grela Prof. dr hab. Anna Czech dr hab. Anna Winiarska	2.1.15, 2.1.17, 2.1.20, 2.1.21, 2.1.27

Katedra Higieny Żywności Zwierzęcego Pochodzenia, Wydział Medycyny Weterynaryjnej	Prof. dr hab. Krzysztof Szkucik	2.1.10
Katedra Epizootiologii i Klinika Chorób Zakaźnych, Wydział Medycyny Weterynaryjnej	Prof. dr hab. Stanisław Winiarczyk	2.1.12
Katedra Fizjologii Zwierząt, Wydział Medycyny Weterynaryjnej	Prof. dr hab. Ewa Tomaszewska dr n. med. Agnieszka Tomczyk-Warunek dr hab. Sylwester Kowalik dr hab. Małgorzata Kapica	2.1.15, 2.1.18, 2.1.20
Zakład Biofizyki Struktur i Układów Biologicznych, Wydział Biologii Środowiskowej	dr hab. Siemowit Muszyński	2.1.15, 2.1.18, 2.1.20

## 7 Informacja o osiągnięciach dydaktycznych, organizacyjnych oraz popularyzujących naukę

### 7.1 Osiągnięcia dydaktyczne

Zajęcia dydaktyczne ze studentami Wydziałów: Nauk o Zwierzętach i Biogospodarki, Nauk o Żywności i Biotechnologii, Agrobiotechnologii oraz Medycyny Weterynaryjnej Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie prowadziłem od momentu podjęcia przeze mnie studiów doktoranckich, tj. w roku akademickim 2006/2007. Przedmioty, za które byłem odpowiedzialny można podzielić na trzy grupy:

1. przedmioty związane z genetyką ogólną i populacyjną, biologią molekularną oraz biotechnologią,
2. przedmioty związane z chowem i hodowlą zwierząt ze szczególnym uwzględnieniem drobiu,
3. przedmioty związane z technologiami informacyjnymi i bioinformatyką.

Zakres przedmiotów realizowanych na poszczególnych kierunkach oraz formę zajęć przedstawiono w **Tabeli 3**.

**Tabela 3. Zakres przedmiotów realizowanych na poszczególnych kierunkach i forma zajęć**

Lp.	Przedmiot	Kierunek	Forma zajęć
<b>Grupa 1</b>			
1	Biologia molekularna	ochrona środowiska, bezpieczeństwo i certyfikacja żywności	ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
2	Biologia molekularna i podstawy biotechnologii	biologia	ćwiczenia laboratoryjne
3	Biologia molekularna w ochronie środowiska	ochrona środowiska	wykłady
4	Biotechnologia	biologia	wykłady, ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
5	Biotechnologia zwierząt	biotechnologia	ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
6	Biotechnologiczne zagrożenia środowiska	ochrona środowiska	wykłady, ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne

7	Podstawy biotechnologii zwierząt	bioinżynieria	wyklady, ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
8	Podstawy biotechnologii zwierząt i hodowli tkankowych	biotechnologia	ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
9	Diagnostyka genetyczna	zootechnika	ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
10	Epigenetyka	biologia	wyklady, ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
11	Genetyka	ochrona środowiska, dietetyka, biologia	ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
12	Genetyka behawioralna	behawiorystyka zwierząt	wyklady, ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
13	Genetyka człowieka	biologia	wyklady, ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
14	Genetyka molekularna i środowiskowa	medycyna weterynaryjna	wyklady
15	Genetyka ogólna	behawiorystyka zwierząt	ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
16	Genetyka zwierząt	zootechnika, hipologia i jeździectwo	ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
17	Genetyka ogólna i molekularna	behawiorystyka zwierząt	ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
18	Genetyka ogólna i weterynaryjna	medycyna weterynaryjna	ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
19	Genetyka populacji i metody hodowlane	zootechnika	wyklady, ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
20	Metody hodowlane	zootechnika, behawiorystyka zwierząt	wyklady, ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
21	Metody badań w zakresie genetyki i hodowli zwierząt	zootechnika	ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
22	Genomika i proteomika	biologia	wyklady, ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
23	Markery molekularne roślin i zwierząt	biologia	wyklady, ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
24	Kultury in vitro zwierząt i roślin	biotechnologia	ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
25	Kultury tkankowe i komórkowe roślin i zwierząt	biologia	ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
<b>Grupa 2</b>			
26	Hodowla drobiu	zootechnika, hipologia i jeździectwo	ćwiczenia audytoryjne, laboratoryjne i terenowe
27	Hodowla zwierząt (hodowla drobiu)	agronomia, agroturystyka, rolnictwo	ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
28	Chów i hodowla drobiu	zootechnika	ćwiczenia audytoryjne, laboratoryjne i terenowe
29	Chów i hodowla zwierząt	medycyna weterynaryjna	ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
30	Chów gołębi i przepiórek	zootechnika	ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
31	Hodowla przepiórek i gołębi	zootechnika	ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne

32	Pielęgnacja zwierząt i przygotowanie do wystaw	behawiorystyka zwierząt	ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
33	Technologie pozyskiwania surowców zwierzęcych	rolnictwo, towaroznawstwo	wykłady, ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
34	Zarządzanie w różnych technologiach produkcji drobiu	zootechnika	ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
<b>Grupa 3</b>			
35	Technologie informatyczne	biologia	ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
36	Podstawy informatyki w zootechnice	zootechnika	ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
37	Informatyka w naukach przyrodniczych	biologia	ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne
38	Bioinformatyka	biologia, biotechnologia	wykład, ćwiczenia audytoryjne i laboratoryjne

Realizacja przedmiotów dotyczących chowu i hodowli drobiu w języku polskim i angielskim obejmowała również zajęcia terenowe w Stacji Dydaktyczno-Badawczej Zwierząt Drobnych im. Laury Kaufman w Felinie oraz zajęcia laboratoryjne w inkubatorni i pracowni oceny jakości jaj Instytutu Biologicznych Podstaw Produkcji Zwierzęcej Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie. Zajęcia te, poza studentami macierzystej jednostki, prowadzone były również dla anglojęzycznej grupy studentów specjalności *Animal Production Management* Wydziału Medycyny Weterynaryjnej i Nauk o Zwierzętach UP w Poznaniu (2016 rok).

Pod moją opieką studenci kierunków biotechnologia i bioinżynieria odbywali cykliczne wyjazdy terenowe do Instytutu Genetyki i Biotechnologii Zwierząt PAN w Jastrzębcu oraz targi Eurolab w Warszawie.

Poza zajęciami prowadzonymi w języku polskim byłem bezpośrednio odpowiedzialny za opracowanie i prowadzenie następujących modułów w języku angielskim dla zagranicznych studentów kierunków biologia i zootechnika (program Erasmus+):

- Biotechnology
- Poultry breeding and management

W ramach poszerzenia własnego doświadczenia naukowo-dydaktycznego prowadziłem wykłady w zagranicznych uczelniach w ramach programu Erasmus+:

- Vilnius Kolegija, Faculty of Agrotechnologies, Department of Veterinary Medicine, Wilno, Litwa, marzec 2019 r., cykl 8 godzin wykładów pt. „Poultry breeding and management”.
- Burdur Mehmet Akif Ersoy University, Faculty of Veterinary Medicine, Department of Animal Nutrition and Nutritional Diseases, Burdur, Turcja, kwiecień 2023 r., cykl 8 godzin wykładów pt. „Poultry breeding and management”.

W 2015 roku prowadziłem cykl wykładów w ramach szkolenia specjalizacyjnego nr 5 „Choroby drobiu oraz ptaków ozdobnych” organizowanego przez Państwowy Instytut Weterynaryjny - Państwowy Instytut Badawczy w Puławach.

W ramach obowiązków dydaktycznych pełniłem lub pełnię rolę promotora 27 prac dyplomowych, w tym 12 prac inżynierskich, 4 prac licencjackich i 11 prac magisterskich na kierunkach biotechnologia, biologia i zootechnika. Zestawienie tematów prac dyplomowych, z uwzględnieniem kierunku kształcenia oraz stopnia i roku przedstawiono w **Tabeli 4**.

**Tabela 4. Tematy prac dyplomowych z uwzględnieniem kierunku kształcenia i poziomu studiów.**

Lp.	Temat pracy dyplomowej	Kierunek kształcenia	Poziom	Rok
1	Wpływ polimorfizmu genu <i>IGF1R</i> na wybrane cechy produkcyjne przeziórki japońskiej	biotechnologia	praca inżynierska	2016
2	Wpływ polimorfizmu genu <i>PON2</i> na wybrane cechy produkcyjne przeziórki japońskiej	biotechnologia	praca inżynierska	2016
3	Klonowanie somatyczne, jako metoda tworzenia zwierząt transgenicznych wykorzystywanych do potrzeb przemysłu farmaceutycznego	biotechnologia	praca inżynierska	2016
4	Analiza asocjacji pomiędzy polimorfizmem wybranych fragmentów genu <i>IGF1R</i> a wzrostem i wybranymi cechami rzeźnymi przeziórki japońskiej	biotechnologia	praca magisterska	2017
5	Analiza asocjacji pomiędzy polimorfizmem genu <i>PON2</i> a wybranymi cechami użytkowymi przeziórki japońskiej	biotechnologia	praca magisterska	2017
6	Parametry produkcyjne brojlerów przeziórczych utrzymywanych w różnych systemach chowu	zootechnika	praca inżynierska	2017
7	Wpływ polimorfizmu wybranych fragmentów genu <i>MSTN</i> na użytkowość sportową koni	biotechnologia	praca inżynierska	2019
8	Identyfikacja polimorfizmu SNP w genie owomukoidu przeziórki japońskiej	biotechnologia	praca inżynierska	2020
9	Polimorfizm genu <i>canarc-1</i> , a występowanie narkolepsji u psów	biotechnologia	praca inżynierska	2020
10	Przeciwciała poliklonalne klasy IgY specyficzne wobec epitopu I białka PSA w diagnostyce nowotworu gruczołu krokowego	biotechnologia	praca inżynierska	2020
11	Identyfikacja polimorfizmu w genie owomukoidu kury domowej a właściwości przeciwbakteryjne jaja	biologia	praca licencjacka	2020
12	Ocena wpływu polimorfizmu genu owotransferyny na jakość jaj w trakcie przechowywania	biologia	praca licencjacka	2020
13	Wpływ polimorfizmu genu owoalbuminy na wylęgowość kury domowej	biologia	praca licencjacka	2020
14	Związek polimorfizmu genu <i>PRCD</i> z występowaniem postępującej degeneracji czopkowo/pręcikowej u różnych ras psów	biologia	praca licencjacka	2020

15	Wpływ polimorfizmu genu owomukoidu na cechy reprodukcyjne kury domowej	biotechnologia	praca magisterska	2020
16	Polimorfizm genu lizozymu a cechy wylęgowe kury domowej	biotechnologia	praca magisterska	2020
17	Ocena wpływu ekspresji neurokininy B na cechy reprodukcyjne kury domowej	biotechnologia	praca inżynierska	2021
18	Analiza ekspresji genu kinektyny oraz jej związek z cechami reprodukcyjnymi kury domowej ( <i>Gallus gallus domesticus</i> )	biotechnologia	praca inżynierska	2021
19	Ocena wpływu polimorfizmu genu lizozymu kury domowej na zdolność wylęgową jaj	biotechnologia	praca inżynierska	2021
20	Wpływ preparatu TRT na wytrzymałość skorupy jaj kur niosek w końcowym okresie produkcji	zootechnika	praca inżynierska	2021
21	Identyfikacja polimorfizmu SNP w genie owomukoidu przepiórki japońskiej ( <i>Coturnix japonica</i> )	biotechnologia	praca magisterska	2022
22	Ocena zmienności w obrębie sekwencji kodującej genu lizozymu przepiórki japońskiej	biotechnologia	praca magisterska	2022
23	Identyfikacja polimorfizmów w genie owoalbuminy przepiórki japońskiej ( <i>Coturnix japonica</i> )	biotechnologia	praca magisterska	2022
24	Wpływ ektoiny na erytrocyty kury domowej poddane stresowi cieplnemu	zootechnika	praca magisterska	2022
25	Ocena wpływu choliny na erytrocyty kury domowej poddane stresowi cieplnemu	zootechnika	praca magisterska	2022
26	Polimorfizm wybranych fragmentów genu owotransferyny u kury domowej	biotechnologia	praca magisterska	2023
27	Ocena wpływu paszy z dodatkiem suszu z pokrzywy na ekspresję wybranych genów związanych ze statusem zdrowotnym u kaczek rzeźnych	zootechnika	praca magisterska	2025

Podczas dotychczasowej pracy naukowo-dydaktycznej byłem recenzentem 21 prac dyplomowych inżynierskich, licencjackich i magisterskich realizowanych na kierunkach biotechnologia, biologia, bioinżynieria, hipologia i jeździectwo oraz zootechnika.

Pełniłem również funkcję recenzenta w postępowaniu o nadanie stopnia naukowego doktora pani magister Meng Peng, zakończonym nadaniem stopnia doktora na Università degli Studi del Molise (Campobasso, Włochy) w 2025 r.; tytuł rozprawy: *Innovative approaches to poultry health and production: i) synbiotics in ovo, hatchability and chick quality; ii) dietary supplementation of encapsulated polyphenols from olive-derived by-products or rutin in broiler chickens*; promotor: prof. Giuseppe Maiorano.

Byłem promotorem pomocniczym dwóch zakończonych przewodów doktorskich:

1. Dr inż. Mohammed Jard Kadhim – tytuł dysertacji: „The effect of propolis and bee pollen on selected production parameters in Japanese quail (*Coturnix japonica*)”; stopień

naukowy doktora w dziedzinie nauk rolniczych nadany uchwałą Rady Wydziału Biologii, Nauk o Zwierzętach i Biogospodarki Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie w dniu 12 kwietnia 2017 r.

2. Dr inż. Aleksandra Szabelak – tytuł dysertacji: „Zastosowanie L-proliny w łagodzeniu stresu termicznego u bezkręgowca *Daphnia magna* oraz w erytrocytach kury domowej (*Gallus gallus domesticus*)”; promotor dr hab. Adam Bownik; stopień naukowy doktora w dziedzinie nauk rolniczych w dyscyplinie Zootechnika i Rybactwo nadany uchwałą Rady Dyscypliny Zootechnika i Rybactwo Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie w dniu 1 grudnia 2022 r.

W 2014 roku decyzją Dziekana Wydziału Biologii i Hodowli Zwierząt zostałem opiekunem I roku studiów stacjonarnych pierwszego stopnia kierunku biologia na cały okres studiów tego rocznika.

W 2012 roku otrzymałem tytuł „Wykładowca Roku 2011/2012” przyznany na podstawie opinii studentów przez Studencką Radę Wydziału Biologii i Hodowli Zwierząt.

## **7.2 Osiągnięcia organizacyjne**

W ramach obowiązków organizacyjnych na rzecz jakości kształcenia oraz nauki pełniłem lub pełnię następujące funkcje:

1. Członek Rady Wydziału Biologii, Nauk o Zwierzętach i Biogospodarki Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie na kadencję 2016-2020
2. Członek Rady Dyscypliny naukowej Zootechnika i Rybactwo Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie na kadencję 2021-2024
3. Członek Wydziałowej Komisji ds. Jakości Kształcenia na Wydziale Nauk o Zwierzętach i Biogospodarki Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie w latach 2021-2023
4. Członek Rady Naukowej Instytutu Biologicznych Podstaw Produkcji Zwierzęcej Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie – do 2023 r.
5. Członek Rady Dyscypliny naukowej Zootechnika i Rybactwo Politechniki Bydgoskiej im. Jana i Jędrzeja Śniadeckich – od 2023 r.
6. Członek Rady Projektowej w projekcie pt.: „Doskonałość naukowa w obszarze nauk rolniczych na Politechnice Bydgoskiej” realizowanego w ramach programu „Regionalna Inicjatywa Doskonałości” dofinansowanego przez Ministerstwo Edukacji i Nauki (RID/SP/0017/2024/01) – od 2024 r.
7. Wydziałowy Koordynator Międzynarodowych Projektów Badawczych na Wydziale Hodowli i Biologii Zwierząt Politechniki Bydgoskiej im. Jana i Jędrzeja Śniadeckich – od 2023 r.
8. Redaktor Wydziałowy Wydawnictw Uniwersyteckich Politechniki Bydgoskiej im. Jana i Jędrzeja Śniadeckich – od 2024 r.

W ramach działalności dydaktyczno-organizacyjnej w latach 2017 - 2023 pełniłem rolę opiekuna Sekcji Biotechnologów Zwierząt Studenckiego Koła Naukowego „Biom” działającej na Wydziale Biologii i Hodowli Zwierząt (obecnie Wydział Nauk o Zwierzętach i Biogospodarki) Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie. W ramach działalności Sekcji

studenci prezentowali wyniki swoich badań na krajowych konferencjach i seminariach organizowanych przez Studenckie Koła Naukowe w Lublinie i Łodzi.

### 7.3 Osiągnięcia popularyzujące naukę

Moja działalność naukowa, dydaktyczna i popularyzująca naukę była nierozdzielnie związana z funkcjonowaniem Stacji Dydaktyczno-Badawczej Zwierząt Drobnych im. Laury Kaufman w Felinie, w której sprawowałem merytoryczną opiekę nad 6 rodami zarodowymi przepiórek japońskich (F11, F22, F33, S11, S22, S33). Poza bieżącą pracą hodowlaną do moich obowiązków należało coroczne raportowanie wyników użytkowości w ramach prowadzenia przez Krajową Radę Drobiarstwa – Izbę Gospodarczą w Warszawie ksiąg hodowlanych. Popularyzacja posiadanych zasobów genetycznych odbywa się poprzez uczestnictwo w krajowych i regionalnych wystawach zwierząt hodowlanych, na których prezentowane stawki przepiórek japońskich wielokrotnie zdobywały tytuły: superczempionów, czempionów, wiceczempionów oraz złote medale.

Do chwili obecnej brałem udział w następujących **wystawach krajowych i regionalnych**:

1. XXV Krajowa Wystawa Zwierząt Hodowlanych (KWZH), Poznań, 2011 r.
2. XXV Wystawa Zwierząt Hodowlanych, Maszyn i Urzędzeń Rolniczych w Sitnie, 2011 r.
3. XXVI Wystawa Zwierząt Hodowlanych, Maszyn i Urzędzeń Rolniczych w Sitnie, 2012 r.
4. XIX Regionalna Wystawa Zwierząt Hodowlanych w Szepietowie, 2012 r.
5. XXVII Wystawa Zwierząt Hodowlanych, Maszyn i Urzędzeń Rolniczych w Sitnie, 2013 r.
6. XXVI Krajowa Wystawa Zwierząt Hodowlanych (KWZH), Poznań, 2013 r.
7. XX Regionalna Wystawa Zwierząt Hodowlanych w Szepietowie, 2013 r.
8. XXVIII Wystawa Zwierząt Hodowlanych, Maszyn i Urzędzeń Rolniczych w Sitnie, 2014 r.
9. XXI Regionalna Wystawa Zwierząt Hodowlanych w Szepietowie, 2014 r.
10. XX Regionalna Wystawa Zwierząt Hodowlanych w Sielinku, 2014 r.
11. XXVII Krajowa Wystawa Zwierząt Hodowlanych (KWZH), Poznań, 2015 r.
12. XXIX Wystawa Zwierząt Hodowlanych, Maszyn i Urzędzeń Rolniczych w Sitnie, 2015 r.
13. XXII Regionalna Wystawa Zwierząt Hodowlanych w Szepietowie, 2015 r.
14. XXX Jubileuszowa Wystawa Zwierząt Hodowlanych, Maszyn i Urzędzeń Rolniczych w Sitnie, 2016 r.
15. XXXI Wystawa Zwierząt Hodowlanych, Maszyn i Urzędzeń Rolniczych w Sitnie, 2017 r.
16. XXVIII Krajowa Wystawa Zwierząt Hodowlanych (KWZH), Poznań, 2017 r.
17. XXXIII Wystawa Zwierząt Hodowlanych, Maszyn i Urzędzeń Rolniczych w Sitnie, 2019 r.
18. XXVI Narodowa Wystawa Zwierząt Hodowlanych (NWZH), Poznań, 2019 r.
19. XXX Narodowa Wystawa Zwierząt Hodowlanych (NWZH), Poznań, 2023 r.

Jestem autorem lub współautorem 10 **artykułów popularnonaukowych** w czasopiśmie o tematyce drobiarskiej i weterynaryjnej:

1. Ziętek J., **Knaga S.** 2006. Niektóre techniki biologii molekularnej. *Weterynaria w praktyce*. 3(1), 6-9.

2. Ziętek J., Jakubczak A., **Knaga S.** 2006. Polimorfizm długości sekwencji mikrosatelitarnych. Zastosowanie w naukach przyrodniczych i medycynie. *Weterynaria w praktyce*. 3(4), 49-51.
3. Ziętek J., **Knaga S.** 2007. Odczyny serologiczne użyteczne narzędzie pracy lekarza weterynarii. *Weterynaria w praktyce*. 4(5), 30-32
4. **Knaga S.**, Kasperek K. 2013. Użytkowanie przepiórek japońskich. *Wiadomości Drobiarskie*, 9/10, 10-16.
5. **Knaga S.**, Kasperek K. 2014. Antokolka - kresowe reminiscencje. *Wiadomości Drobiarskie*. 9/10, 6-8.
6. **Knaga S.**, Kasperek K. 2014. Charakterystyka wybranych ras kur ozdobnych. *Wiadomości Drobiarskie*. 3/4, 4-14.
7. **Knaga S.** 2015. *Semper fidelis* - Helena Maria Paderewska. *Wiadomości Drobiarskie*. 9/10, 6-8.
8. Krajniak W., Bełdowska A., **Knaga S.** 2024. Fitogeniczne dodatki paszowe w produkcji drobiarskiej. *Polskie Drobiarstwo*, 11, 34-37.
9. **Knaga S.** 2025. Cechy jakości skorupy jako kryterium hodowlane. *Polskie Drobiarstwo*, 1, 12-16.
10. Krajniak W., Bełdowska A., **Knaga S.** 2025. Wpływ naturalnych dodatków paszowych na status zdrowotny drobiu. *Polskie Drobiarstwo*, 4, 28-31.

Popularyzacja nauki skierowana do otoczenia społeczno-gospodarczego:

1. Wykład pt. „Wykorzystanie genetyki w doskonaleniu strusi” dla członków Polskiego Związku Hodowców Strusi wygłoszony w ramach corocznego spotkania organizowanego przez firmę Strusia Kraina & Mobax (Polichno; 12 grudnia 2014 r.)

#### 7.4 Podsumowanie i informacja bibliometryczna

Mój dorobek naukowy obejmuje łącznie **105 pozycji bibliograficznych** w tym: 37 oryginalnych publikacji naukowych, 11 artykułów przeglądowych oraz 57 doniesień naukowych i komunikatów prezentowanych na konferencjach krajowych i międzynarodowych. Wśród publikacji naukowych i przeglądowych, 35 artykułów zostało opublikowanych w czasopiśmie z listy JCR (w tym 4 stanowią cykl powiązanych tematycznie artykułów naukowych).

**Zestawienie dorobku naukowego wg liczby pozycji bibliograficznych, wartości *Impact Factor* i punktów MNiSW**, przed oraz po uzyskaniu stopnia doktora przedstawiono w zestawieniu tabelarycznym (**Tabela 5**).

Biorąc pod uwagę wartości wskaźników bibliometrycznych przypisanych zgodnie z rokiem wydania poszczególnych publikacji, **łącna wartość dorobku naukowego w przeliczeniu na punkty MNiSW wynosi 2492**. Po uzyskaniu stopnia doktora zgromadzono **1731 punktów** (bez osiągnięcia naukowego). **Sumaryczny *Impact Factor* publikacji naukowych jest równy**

**78,01.** Liczba cytowań, według bazy bibliograficznej Web of Science Core Collection, wynosi **299** (bez autocytowań **271**), zaś Indeks Hirscha ma wartość **10**. Natomiast, według bazy bibliograficznej Scopus, liczba cytowań wynosi **303** (bez autocytowań **269**), zaś Indeks Hirscha ma wartość **10** (stan dla obu baz danych na dzień 18.02.2026 r.).

**Tabela 5. Dorobek naukowy wg liczby pozycji bibliograficznych, wartości IF oraz punktów MNiSW**

Rodzaj publikacji	Przed uzyskaniem stopnia doktora		Po uzyskaniu stopnia doktora				Ogółem	
			jednotematyczny cykl publikacji		pozostałe publikacje			
	IF	pkt. wg MNiSW	IF	pkt. wg MNiSW	IF	pkt. wg MNiSW	IF	pkt. wg MNiSW
<b>Oryginalne prace twórcze w czasopismach z bazy JCR</b>	7,915 (9)	201 (9)	16,800 (4)	560 (4)	52,607 (21)	1525 (21)	77,322 (34)	<b>2286 (34)</b>
<b>Oryginalne prace twórcze w czasopismach spoza bazy JCR</b>	-	-	-	-	- (2)	84 (2)	- (2)	<b>84 (2)</b>
<b>Artykuły przeglądowe w czasopismach z bazy JCR</b>	-	-	-	-	0,688 (1)	100 (1)	0,688 (1)	<b>100 (1)</b>
<b>Artykuły przeglądowe w czasopismach spoza bazy JCR</b>	-	- (6)	-	-	-	22 (5)	-	<b>22 (11)</b>
<b>Doniesienia i komunikaty naukowe</b>	-	- (23)	-	-	-	- (34)	-	<b>- (57)</b>
<b>Rozdziały w monografiach</b>	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>Ogółem</b>	<b>7,915 (9)</b>	<b>201 (38)</b>	<b>16,800 (4)</b>	<b>560 (4)</b>	<b>53,295 (24)</b>	<b>1731 (63)</b>	<b>78,01 (37)</b>	<b>2492 (105)</b>

*IF - Współczynnik Impact Factor (IF) wg bazy Journal Citation Reports (JCR) zgodny z rokiem ukazania się pracy pkt. wg MNiSW - Liczba punktów wg wykazu czasopism naukowych MNiSW zgodna z rokiem publikacji pracy*

*\* W nawiasach podano liczbę pozycji bibliograficznych*

W Tabeli 6 zestawiono dorobek naukowy wg liczby publikacji wraz z listą czasopism, w których zostały opublikowane.

**Tabela 6. Dorobek naukowy wg liczby publikacji wraz z listą czasopism**

Rodzaj publikacji	Przed uzyskaniem stopnia doktora	Po uzyskaniu stopnia doktora	Łącznie
<b>1. Oryginalne opublikowane prace twórcze</b>			
<b>a) w czasopismach znajdujących się w bazie Journal Citation Reports (JCR)</b>			
Acta Agriculturae Scandinavica, Section A—Animal Science	1		1
Animal Science Papers & Reports		1	1
Animals		2	2
Annals of Animal Science	2		2
Archives Animal Breeding		1	1
Biochimie		1	1
Biotechnic & Histochemistry		1	1
British Poultry Science	1	2	2
Czech Journal of Animal Science		1	1
Folia Biologica (Kraków)	2	1	3
Foods		1	1
Frontiers in Genetics		1	1
International Journal of Molecular Sciences		1	1
Journal of Thermal Biology		1	1
Medycyna Weterynaryjna	1	1	2
Mycopathologia		1	1
PLoS One		1	1
Polish Journal of Veterinary Sciences		1	1
Poultry Science	2	7	9
<b>b) w czasopismach międzynarodowych lub krajowych innych niż znajdujące się w bazie JCR</b>			
Animal Science and Genetics		1	1
Journal of Central European Agriculture		1	1
<b>2. Prace przeglądowe</b>			
<b>a) w czasopismach znajdujących się w bazie JCR</b>			
Animal Science Papers & Reports	-	1	1
<b>b) w czasopismach międzynarodowych lub krajowych innych niż znajdujące się w bazie JCR</b>			
Annales Universitatis Mariae Curie-Skłodowska. Sectio EE: Zootechnica		1	1
Polskie Drobiarstwo		3	3
Weterynaria w praktyce	3		3
Wiadomości Drobiarskie	3	1	4
<b>3. Inne publikacje</b>			

a) doniesienia i komunikaty	23	34	57
b) rozdziały w monografiach	-	-	-
<b>Razem</b>	<b>38</b>	<b>67</b>	<b>105</b>

## 7.5 Udział w projektach badawczych

W trakcie swojej pracy zawodowej uczestniczyłem lub obecnie uczestniczy w 9 projektach badawczych finansowanych ze środków zewnętrznych, w tym 8-krotnie w roli wykonawcy oraz 1-krotnie w roli kierownika:

1. Projekt pt. „BIOŻYWNOSĆ – innowacyjne, funkcjonalne produkty pochodzenia zwierzęcego” współfinansowany przez Unię Europejską ze środków Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego w ramach Programu Operacyjnego Innowacyjna Gospodarka. Podzadanie nr 4.1 – Tytuł: „Ocena przydatności nowo wytworzonych ogólnoużytkowych mieszańców kur do chowu w warunkach zrównoważonej produkcji drobiarskiej” - 2010 rok – Wykonawca;
2. Projekt pt. „Genetyczne podstawy zróżnicowania przepiórki japońskiej jako gatunku modelowego” finansowany ze środków Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego (N N311 633638) – 2010-2013 – Wykonawca;
3. Projekt pt. „Modyfikacja kryterium selekcyjnego i programu hodowlanego stada zarodowego kur nieśnych” współfinansowany ze środków Narodowego Centrum Badań i Rozwoju w ramach II Konkursu Programu Badań Stosowanych w ścieżce B (PBS2/B8/8/2013) – 2013-2016 – Wykonawca;
4. Projekt pt. „Analiza zmienności cech użytkowych i reprodukcyjnych w hodowlanych populacjach wybranych rodów kur, na przykładzie maksymalnie: 660 sztuk kur new hampshire (N-11), 660 sztuk kur barred rock (P-11), 660 sztuk kur barred rock (W-44) i 660 sztuk kur barred plymouth rock (D-11)” finansowany z zadania na rzecz postępu biologicznego w produkcji zwierzęcej przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi - 2017-2023 – Wykonawca;
5. Projekt pt. „Optymalizacja systemu indywidualnej oceny wartości użytkowej i hodowlanej kaczek pekin krajowy” finansowany ze środków Krajowej Rady Drobiarstwa-Izby Gospodarczej w Warszawie – 2017-2020 – Wykonawca;
6. Projekt pt. „Polimorfizm genów kodujących wybrane białka części białkowej jaja kurzego a ich właściwości alergizujące i przeciwbakteryjne” finansowany ze środków Narodowego Centrum Nauki w ramach konkursu Miniatura 3 (2019/03/X/NZ2/01174) – 2019-2021 – Kierownik.
7. Projekt pt. „ActEpi: Aktywacja mechanizmów epigenetycznych u drobiu przez programowanie mikrobioty jelitowej” finansowany ze środków Narodowego Centrum Nauki w ramach konkursu Sonata 17 (UMO - 2021/43/D/NZ9/01548) – 2022-2026 – Wykonawca.
8. Projekt pt. „MonoGutHealth - Training and research for sustainable solutions to support and sustain gut health and reduce losses in monogastric livestock” finansowany ze środków programu Horyzont Europa w ramach Działań Marii Skłodowskiej-Curie (MSCA) w filarze „Doskonała Nauka” (Excellent Science) – 2020-2024 – Wykonawca.

9. Projekt pt. „Zagrożenia związane z zanieczyszczeniem pasz antybiotykami” finansowany ze środków Narodowego Centrum Nauki w ramach konkursu Opus 21 (UMO-2021/41/B/NZ9/04114) – 2022-2026 – Wykonawca.

Realizacja badań w ramach subwencji i konkursów wewnętrznych Uczelni

1. Projekt pt. „Identyfikacja polimorfizmu genów kodujących główne proteiny białka jaja przepiórki japońskiej” projekt badawczy finansowany ze środków na naukę przyznanych na działalność służącą rozwojowi młodych naukowców, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie (ZKB-MN-1) – 2020-2022 – Kierownik

## 7.6 Współpraca redakcyjna

Byłem recenzentem **38 prac naukowych** z zakresu biologii, hodowli, genetyki i biotechnologii drobiu w redakcjach czasopism międzynarodowych (**załącznik 4, Tabela 9**).

W 2024 roku zostałem powołany na Redaktora Naczelnego nowoutworzonego czasopisma Life Sciences Reports wydawanego przez Politechnikę Bydgoską im Jana i Jędrzeja Śniadeckich.

## 7.7 Ukończone kursy i szkolenia

1. 2025–2026 – cykl pięciu szkoleń z zakresu cytometrii przepływowej, obejmujących podstawy cytometrii przepływowej, projektowanie paneli i analizę danych w cytometrii obrazowej oraz zaawansowane zagadnienia kompensacji w analizach wielokolorowych, zrealizowanych przez firmę Cytologic; łączny wymiar szkolenia: 96 godzin. Szkolenie z obsługi urządzenia iSeq 100, Analityk Genetyka, Bydgoszcz, 14.03.2025
2. Kurs: „Jak przygotować artykuł naukowy z wykorzystaniem AI? Przewodnik po kompleksowej procedurze”, on-line, 18 lutego 2025, Fundacja na rzecz promocji nauki i rozwoju TYGIEL
3. EMBO Laboratory Leadership Course, Lublin, 19-21.03.2024, EMBO Solutions GmbH
4. Warsztaty: 6th Polish Zebrafish Society Workshop, Kraków, 14-16.02.2025
5. Kurs: „Wprowadzenie do metagenomiki”, Poznań, 26-27.11.2022, data2biology
6. Kurs: „Wprowadzenie do obróbki i analizy danych NGS”, Poznań, 8.10.2022, data2biology
7. Kurs: „Wprowadzenie do analizy danych RNA-seq”, Poznań, 2-3.07.2022, data2biology
8. Szkolenie: „Prawo autorskie i własności intelektualnej”, Lublin, 11.12.2018
9. Szkolenie: „Własność intelektualna i prawo autorskie w praktyce”, Lublin, 13.11.2018
10. Szkolenie: „Rozwój kariery naukowej w oparciu o krótkoterminowe wyjazdy szkoleniowe finansowane przez KE”, Warszawa, 5.12.2017
11. Szkolenie: „Zasady zarabiania na badaniach naukowych – systemy komercjalizacji wyników prac badawczych w Polsce”, Kraków, 8-9.11.2017
12. Certyfikat TELC z języka angielskiego na poziomie B2 (council of Europe level B2)
13. Szkolenie: Wykorzystanie technik biologii molekularnej w mikrobiologii, Poznań 19-20.03.2016
14. Szkolenie dla osób wykonujących czynności związane z wykorzystaniem zwierząt do celów naukowych lub edukacyjnych, Lublin, grudzień 2015

15. Kurs: Workshop on genomic selection with focus on single-step methodology, Poznań, 7-11.09.2015
16. Warsztaty: „Annotacja genomów i proteomów u Eucaryota”, Warszawa, 6-7.03.2015, MBS-Szkolenia, Konferencje, Usługi Sp z o.o.
17. Warsztaty „Optimal Contribution Selection”, Wilno, Litwa, 4-8.11.2013, NordGen
18. Seminarium pt. „Dobra Praktyka Pipetowania” organizowane przez firmę Mettler-Toledo Sp. z o.o. Targi EUROLAB, Warszawa, 11.04.2013
19. Warsztaty mikroskopii organizowane przez firmę Olympus Polska – 29-30.05.2012
20. Kurs „Komercjalizacja wiedzy” 9-11.12.2011
21. Kurs języka angielskiego „Academic English In Life Science” przygotowujący do prowadzenia zajęć dydaktycznych w języku angielskim – 7.03.2011 – 25.05.2011
22. „Methods of gene expression measurement in animal breeding and quality of animal products”, warsztaty międzynarodowe organizowane przez Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN w Jastrzebcu. 18 - 22.10.2010
23. 14th Quantitative Trait Loci Marker Assisted Selection Workshop, Poznań, May 17-18 2010
24. Advanced Real-Time PCR School. 7-8.10.2008
25. Kurs „Immunodetekcja białek”. 17-18.06.2008

#### **7.8 Członkostwo w międzynarodowych lub krajowych organizacjach i towarzystwach naukowych**

1. Członek Polskiego Oddziału Światowego Stowarzyszenia Wiedzy Drobiarskiej PB WPSA – od 2021 roku.
2. Członek korespondent Lubelskiego Towarzystwa Naukowego od 2022 roku.
3. Członek Polskiego Towarzystwa Genetycznego – oddział lubelski - od 2022 roku.

#### Inne zespoły

1. Wiceprzewodniczący Komisji Hodowli, Wylęgu i Oceny Drobiu Krajowej Rady Drobiarstwa – Izby Gospodarczej w Warszawie w latach 2022-2023.

#### **7.9 Nagrody i odznaczenia**

1. Laureat projektu „Stypendia naukowe dla doktorantów II” Program Operacyjny Kapitał Ludzki, Priorytetu VIII Regionalne kadry gospodarki, Działanie 8.2 Transfer wiedzy, Poddziałanie 8.2.2 Regionalne Strategie Innowacji w 2011r.
2. Nagroda indywidualna III stopnia za osiągnięcia naukowe w 2014 roku – przyznano 1.10.2015
3. Nagroda zespołowa III stopnia za działalność dydaktyczną w roku 2015 - przyznano 1.08.2016
4. Nagroda zespołowa I stopnia JM Rektora Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie za osiągnięcia naukowe w latach 2018-2020 roku
5. Nagroda zespołowa II stopnia JM Rektora Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie za osiągnięcia organizacyjne w 2021 roku
6. Nagroda zespołowa II stopnia JM Rektora Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie za osiągnięcia organizacyjne w 2022 roku

7. Brązowy Medal za Długoletnią Służbę nadany przez Prezydenta Rzeczypospolitej Polskiej  
13.08.2023 r.

Bydgoszcz, 10.03.2026 r.

.....  
(podpis wnioskodawcy)

Załącznik 4

**Wykaz osiągnięć naukowych, stanowiących znaczny wkład w rozwój dyscypliny**

---

**dr inż. Sebastian Jakub Knaga**

---

KATEDRA BIOTECHNOLOGII I GENETYKI ZWIERZĄT  
WYDZIAŁ HODOWLI I BIOLOGII ZWIERZĄT  
POLITECHNIKA BYDGOSKA IM. JANA I JĘDRZEJA ŚNIADECKICH  
ul. Mazowiecka 28  
85-084 BYDGOSZCZ  
e-mail: [sebastian.knaga@pbs.edu.pl](mailto:sebastian.knaga@pbs.edu.pl)

**I Informacja o osiągnięciach naukowych, o których mowa w art. 219 ust. 1 pkt 2 Ustawy****Cykl (C) powiązanych tematycznie artykułów naukowych, zgodnie z art. 219 ust 1. pkt 2b Ustawy**

Lp.	Publikacja	IF <sup>A</sup>	MNiSW <sup>B</sup>
C1	<p><b>Knaga, S.</b>, Kasperek, K., Luchowska, A., Drabik, K., Próchniak, T., Zięba, G., &amp; Batkowska, J. <sup>✉</sup> 2024. The relationship between lysozyme gene polymorphism and quality changes during the storage of eggs derived from 2 commercial strains of Japanese quail. <i>Poultry Science</i>, 103(7), 103792.  <a href="https://doi.org/10.1016/j.psj.2024.103792">https://doi.org/10.1016/j.psj.2024.103792</a></p> <p>Wkład habilitanta: opracowanie koncepcji badań, pozyskanie funduszy na badania, wypracowanie hipotezy badawczej i metodyki badań, monitoring i udział w ocenie jakości jaj w trakcie przechowywania, sekwencjonowanie genu, analiza danych, przygotowanie manuskryptu, redagowanie odpowiedzi na recenzję i ostatecznej wersji manuskryptu.</p>	4,200	140
C2	<p><b>Knaga, S.</b>, Kasperek, K. <sup>✉</sup>, Batkowska, J., Drabik, K., &amp; Zięba, G. (2024). Ovomuroid gene polymorphism and its influence on quality changes at various storage timepoint of eggs from two strains of Japanese quail. <i>Poultry Science</i>, 103(10), 104129.  <a href="https://doi.org/10.1016/j.psj.2024.104129">https://doi.org/10.1016/j.psj.2024.104129</a></p> <p>Wkład habilitanta: opracowanie koncepcji badań, pozyskanie funduszy na badania, wypracowanie hipotezy badawczej i metodyki badań, monitoring i udział w ocenie jakości jaj w trakcie przechowywania, sekwencjonowanie genu, analiza danych, przygotowanie manuskryptu, redagowanie odpowiedzi na recenzję i ostatecznej wersji manuskryptu.</p>	4,200	140
C3	<p><b>Knaga, S.</b> <sup>✉</sup>, Kasperek, K., &amp; Zięba, G. (2025). Ovalbumin gene polymorphism: implications for hatchability and egg quality changes during storage in Japanese quail. <i>Poultry Science</i>, 104788.</p> <p>Wkład habilitanta: opracowanie koncepcji badań, pozyskanie funduszy na badania, wypracowanie hipotezy badawczej i metodyki badań, monitoring i udział w ocenie jakości jaj w trakcie przechowywania oraz inkubacji jaj wylęgowych, sekwencjonowanie genu, analiza danych, przygotowanie manuskryptu, redagowanie odpowiedzi na recenzję i ostatecznej wersji manuskryptu.</p>	4,200	140
C4	<p><b>Knaga, S.</b> <sup>✉</sup>, Kasperek, K., &amp; Zięba, G. (2026). Ovalbumin, lysozyme, and ovomuroid gene polymorphisms: implications for hatchability in Japanese quail. <i>Poultry Science</i>, 106606.</p> <p>Wkład habilitanta: opracowanie koncepcji badań, pozyskanie funduszy na badania, wypracowanie hipotezy badawczej i metodyki badań, monitoring inkubacji jaj wylęgowych i ocena wskaźników wylęgowości, sekwencjonowanie genów, analiza danych, przygotowanie manuskryptu, redagowanie odpowiedzi na recenzję i ostatecznej wersji manuskryptu.</p>	4,200	140
<b>Razem</b>		<b>16,800</b>	<b>560</b>

<sup>A</sup> Wartości wskaźnika *Impact Factor* publikacji podano według listy Journal Citation Reports (JCR), zgodnie z rokiem opublikowania

<sup>B</sup> Liczba punktów wg wykazu czasopism naukowych MNiSW zgodna z rokiem ukazania się pracy

**II Informacja o aktywności naukowej**

1. **Wykaz opublikowanych monografii i rozdziałów w monografiach naukowych**  
nie dotyczy
2. **Wykaz opublikowanych artykułów w czasopismach naukowych (z zaznaczeniem pozycji niewymienionych w pkt I)**

2.1. *Oryginalne prace twórcze niewchodzące w skład osiągnięcia naukowego w czasopismach znajdujących się w bazie Journal Citation Reports (JCR)*

Lp.	Artykuły naukowe opublikowane przed uzyskaniem stopnia doktora	IF <sup>A</sup>	MNiSW <sup>B</sup>
2.1.1	Jakubczak, A. <sup>✉</sup> , <b>Knaga, S.</b> , Jeżewska-Witkowska, G. 2009. Genetic variation of microsatellite sequences and its relationship with some productive traits of arctic foxes. <i>Annals of Animal Science</i> , 9(2), 133-142	0,346	6
2.1.2	Maiorano, G. <sup>✉</sup> , <b>Knaga, S.</b> , Witkowski, A., Cianciullo, D., Bednarczyk, M. 2011. Cholesterol content and intramuscular collagen properties of pectoralis superficialis muscle of quail from different genetic groups. <i>Poultry Science</i> , 90(7), 1620-1626. <a href="http://dx.doi.org/10.1399/eps.2019.279">http://dx.doi.org/10.1399/eps.2019.279</a>	1,728	40
2.1.3	Andraszek, K. <sup>✉</sup> , Gryzińska, M., <b>Knaga, S.</b> , Wójcik, E., Smalec, E. 2012. Number and size of nucleoli in the spermatocytes of chicken and Japanese quail. <i>Folia Biologica (Kraków)</i> , 60(3-4), 121-127. <a href="https://doi.org/10.3409/fb60_3-4.121-127">https://doi.org/10.3409/fb60_3-4.121-127</a>	0,889	15
2.1.4	Batkowska, J. <sup>✉</sup> , Brodacki, A., <b>Knaga, S.</b> , Florek, M. 2014. Slaughter traits and skin colour of newly crossed chicken broilers dedicated for extensive rearing system as a criterion of product identification and meat quality. <i>Acta Agriculturae Scandinavica, Section A—Animal Science</i> , 64(3), 161-169. <a href="https://doi.org/10.1080/09064702.2014.983150">https://doi.org/10.1080/09064702.2014.983150</a>	0,631	20
2.1.5	Batkowska, J. <sup>✉</sup> , Brodacki, A., <b>Knaga, S.</b> 2014. Quality of laying hen eggs during storage depending on egg weight and type of cage system (conventional vs. furnished cages). <i>Annals of Animal Science</i> , 14(3), 707-719. <a href="https://doi.org/10.2478/aoas-2014-0021">https://doi.org/10.2478/aoas-2014-0021</a>	0,613	20
2.1.6	Andrearczyk, S., Kadhim, M. J., <b>Knaga, S.</b> <sup>✉</sup> . 2014. Influence of a probiotic on the mortality, sugar syrup ingestion and infection of honeybees with <i>Nosema</i> spp. under laboratory assessment. <i>Medycyna Weterynaryjna</i> , 70(12), 762-765.	0,218	15
2.1.7	Wójcik, E. <sup>✉</sup> , Andraszek, K., Smalec, E., <b>Knaga, S.</b> , Witkowski, A. 2014. Identification of chromosome instability in Japanese quail ( <i>Coturnix japonica</i> ). <i>British Poultry Science</i> , 55(4), 435-441. <a href="https://doi.org/10.1080/00071668.2014.929637">https://doi.org/10.1080/00071668.2014.929637</a>	0,936	30
2.1.8	Tavaniello, S., Maiorano, G. <sup>✉</sup> , Siwek, M., <b>Knaga, S.</b> , Witkowski, A., Di Memmo, D., Bednarczyk, M. 2014. Growth performance, meat quality traits, and genetic mapping of quantitative trait loci in 3 generations of Japanese quail populations ( <i>Coturnix japonica</i> ). <i>Poultry Science</i> , 93(8), 2129-2140. <a href="https://doi.org/10.3382/ps.2014-03920">https://doi.org/10.3382/ps.2014-03920</a>	1,672	40

2.1.9	Andraszek, K. <sup>✉</sup> , Gryzińska, M., Wójcik, E., <b>Knaga, S.</b> , Smalec, E. 2014. Age-dependent change in the morphology of nucleoli and methylation of genes of the nucleolar organizer region in Japanese quail ( <i>Coturnix japonica</i> ) model (Temminck and Schlegel, 1849) (Galliformes: <i>Aves</i> ). <i>Folia Biologica</i> (Kraków), 62(4), 293-300. <a href="https://doi.org/10.3409/fb62_4.293">https://doi.org/10.3409/fb62_4.293</a>	0,882	15
	<b>Razem</b>	<b>7,915</b>	<b>201</b>
	<b>Artykuły naukowe opublikowane po uzyskaniu stopnia doktora</b>	<b>IF<sup>A</sup></b>	<b>MNiSW<sup>B</sup></b>
2.1.10	Drozd, L. <sup>✉</sup> , Gondek, M., Szkucik, K., <b>Knaga, S.</b> , Ziomek, M. 2015. Zanieczyszczenie mikrobiologiczne powierzchni jaj przepiórczych. <i>Medycyna Weterynaryjna</i> , 71(05), 303-306	0,195	15
2.1.11	Sawicka, D., Samek, K., Chojnacka-Puchta, L., Witkowski, A., <b>Knaga, S.</b> , Dębowska, M., Bednarczyk, M. <sup>✉</sup> 2015. Changes in quail blastodermal cell status as a result of selection. <i>Folia Biologica</i> (Kraków), 63(1), 63-67. <a href="https://doi.org/10.3409/fb63_1.63">https://doi.org/10.3409/fb63_1.63</a>	0,562	20
2.1.12	Właż, P., <b>Knaga, S.</b> , Kasperek, K., Właż, A., Poleszak, E., Jeżewska-Witkowska, G., Winiarczyk, S., Heinekamp, T., Rundfeldt, C. <sup>✉</sup> 2015. Activity and safety of inhaled itraconazole nanosuspension in a model pulmonary <i>Aspergillus fumigatus</i> infection in inoculated young quails. <i>Mycopathologia</i> , 180, 35-42. <a href="https://doi.org/10.1007/s11046-015-9885-2">https://doi.org/10.1007/s11046-015-9885-2</a>	1,671	20
2.1.13	Kowalski, A. <sup>✉</sup> , Pałyga, J., <b>Knaga, S.</b> , Witkowski, A. 2015. A shift in the erythrocyte histone H1 complement following selection in quail ( <i>Coturnix japonica</i> ). <i>Czech Journal of Animal Science</i> , 60, 105-115. <a href="https://doi.org/10.17221/8075-CJAS">https://doi.org/10.17221/8075-CJAS</a>	0,809	30
2.1.14	Kowalski, A. <sup>✉</sup> , <b>Knaga, S.</b> 2017. Evidence on the stability of histone H1. a polymorphic variants during selection in quail. <i>Archives Animal Breeding</i> , 60(2), 145-151. <a href="https://doi.org/10.5194/aab-60-145-2017">https://doi.org/10.5194/aab-60-145-2017</a>	1,203	20
2.1.15	Tomaszewska, E. <sup>✉</sup> , Dobrowolski, P., Muszyński, S., Kwiecień, M., Kasperek, K., <b>Knaga, S.</b> , Tomczyk-Warunek, A., Kowalik, S., Jeżewska-Witkowska, G., Grela, E. R. 2018. Intestinal mucosa develops in a sex-dependent manner in Japanese quail ( <i>Coturnix japonica</i> ) fed <i>Saccharomyces cerevisiae</i> . <i>British Poultry Science</i> , 59(6), 689-697. <a href="https://doi.org/10.1080/00071668.2018.1523536">https://doi.org/10.1080/00071668.2018.1523536</a>	1,421	30
2.1.16	<b>Knaga, S.</b> <sup>✉</sup> , Siwek, M., Tavaniello, S., Maiorano, G., Witkowski, A., Jeżewska-Witkowska, G., Bednarczyk, M., Zięba, G. 2018. Identification of quantitative trait loci affecting production and biochemical traits in a unique Japanese quail resource population. <i>Poultry Science</i> , 97(7), 2267-2277. <a href="https://doi.org/10.3382/ps/pey110">https://doi.org/10.3382/ps/pey110</a>	2,027	40
2.1.17	Kasperek, K., Bownik, A. <sup>✉</sup> , <b>Knaga, S.</b> , Szabelak, A., Ślaska, B., Kwiecień, M., Jeżewska-Witkowska, G. 2018. Effects of L-carnitine on morphology and cellular parameters of hen erythrocytes. <i>Polish Journal of Veterinary Sciences</i> , 21(4), 811-813.	0,802	20

	<a href="https://doi.org/10.24425/pjvs.2018.125592">https://doi.org/10.24425/pjvs.2018.125592</a>		
2.1.18	Tomaszewska, E., <b>Knaga, S.</b> , Dobrowolski, P., Lamorski, K., Jabłoński, M., Tomczyk-Warunek, A., Kadhim, M.J., Hułas-Stasiak, M., Borsuk, G., Muszyński, S. <sup>✉</sup> 2020. The effect of bee pollen on bone biomechanical strength and trabecular bone histomorphometry in tibia of young Japanese quail ( <i>Coturnix japonica</i> ). PLoS One, 15(3), e0230240. <a href="https://doi.org/10.1371/journal.pone.0230240">https://doi.org/10.1371/journal.pone.0230240</a>	3,240	100
2.1.19	Jawor, M. <sup>✉</sup> , <b>Knaga, S.</b> , Kozłowska, I., Barna, J., Váradi, É., Kasperek, K., Drobnyák, A., Bodzsár, N., Patakiné Várkonyi, E., Jeżewska-Witkowska, G., Bednarczyk, M. 2020. Population structure of four indigenous chicken breeds undergoing in situ conservation. Animal Science Papers & Reports, 38(2), 167-179.	1,078	100
2.1.20	Muszyński, S. <sup>✉</sup> , Dobrowolski, P., Kasperek, K., <b>Knaga, S.</b> , Kwiecień, M., Donaldson, J., Kutyla, M., Kapica, M., Tomaszewska, E. 2020. Effects of yeast ( <i>Saccharomyces cerevisiae</i> ) probiotics supplementation on bone quality characteristics in young Japanese quail ( <i>Coturnix japonica</i> ): The role of sex on the action of the gut-bone axis. Animals, 10(3), 440. <a href="https://doi.org/10.3390/ani10030440">https://doi.org/10.3390/ani10030440</a>	2,752	100
2.1.21	Grela, E. R., <b>Knaga, S.</b> <sup>✉</sup> , Winiarska-Mieczan, A., Zięba, G. 2020. Effects of dietary alfalfa protein concentrate supplementation on performance, egg quality, and fatty acid composition of raw, freeze-dried, and hard-boiled eggs from Polbar laying hens. Poultry Science, 99(4), 2256-2265. <a href="https://doi.org/10.1016/j.psj.2019.11.030">https://doi.org/10.1016/j.psj.2019.11.030</a>	3,352	140
2.1.22	Odrzywolski, A., Jarosz, B., Kiełbus, M., Telejko, I., Ziemanek, D., <b>Knaga, S.</b> , Rola, R. <sup>✉</sup> 2021. Profiling Glioblastoma Cases with an Expression of <i>DCX</i> , <i>OLIG2</i> and <i>NES</i> . International Journal of Molecular Sciences, 22(24), 13217. <a href="https://doi.org/10.3390/ijms222413217">https://doi.org/10.3390/ijms222413217</a>	6,208	140
2.1.23	Próchniak, T., Kasperek, K. <sup>✉</sup> , <b>Knaga, S.</b> , Rozempolska-Rucińska, I., Batkowska, J., Drabik, K., Zięba, G. 2021. Pedigree analysis of warmblood horses participating in competitions for young horses. Frontiers in Genetics, 12, 658403. <a href="https://doi.org/10.3389/fgene.2021.658403">https://doi.org/10.3389/fgene.2021.658403</a>	4,772	100
2.1.24	Szabelak, A., Bownik, A. <sup>✉</sup> , <b>Knaga, S.</b> , Kasperek, K. 2021. Early morphological and apoptotic responses of bird erythrocytes to thermal stress. Biotechnic & Histochemistry, 96(3), 171-178. <a href="https://doi.org/10.1080/10520295.2020.1776897">https://doi.org/10.1080/10520295.2020.1776897</a>	1,834	40
2.1.25	Szabelak, A., Bownik, A. <sup>✉</sup> , <b>Knaga, S.</b> , Kasperek, K. 2021. Effects of L-proline on cellular responses of hen erythrocytes subjected to thermal stress. Journal of Thermal Biology, 96, 102855. <a href="https://doi.org/10.1016/j.jtherbio.2021.102855">https://doi.org/10.1016/j.jtherbio.2021.102855</a>	3,189	70
2.1.26	Kowalski, A. <sup>✉</sup> , <b>Knaga, S.</b> 2021. A variety-specific arrangement of histone H1 subtype (H1. b and H1. z) polymorphic variants in differently plumaged quails. British Poultry Science, 62(2), 166-171. <a href="https://doi.org/10.1080/00071668.2020.1842854">https://doi.org/10.1080/00071668.2020.1842854</a>	1,892	100
2.1.27	Wengerska, K., Czech, A., <b>Knaga, S.</b> , Drabik, K., Próchniak, T., Bagrowski, R., Gryta, A., Batkowska, J. <sup>✉</sup> 2022. The quality of eggs derived from Japanese quail fed with the fermented and non-fermented rapeseed meal. Foods, 11(16), 2492. <a href="https://doi.org/10.3390/foods11162492">https://doi.org/10.3390/foods11162492</a>	5,700	100

<b>2.1.28</b>	Drabik, K., Wengerska, K. <sup>☒</sup> , Kasperek, K., <b>Knaga, S.</b> , Batkowska, J. 2024. Analysis of the Quality and Chemical Composition of Double-Yolked Eggs Compared to Those of a Normal Structure. <i>Animals</i> , 14(11), 1568. <a href="https://doi.org/10.3390/ani14111568">https://doi.org/10.3390/ani14111568</a>	<b>2,700</b>	<b>100</b>
<b>2.1.29</b>	Kowalski, A. <sup>☒</sup> , <b>Knaga, S.</b> 2025. Difference in the rearrangement of quail histone H1 allelic variants during divergent selection for reduction of body mass coupled to the food withdraw. <i>Biochimie</i> . 233, 75-80 <a href="https://doi.org/10.1016/j.biochi.2025.02.008">https://doi.org/10.1016/j.biochi.2025.02.008</a>	<b>3,000</b>	<b>100</b>
<b>2.1.30</b>	Sztandarski, P., Marchewka, J. <sup>☒</sup> , Jaszczyk, A., Solka, M., Michnowska, H., Pogorzelski, G., Knaga, S., Pieczynska-Kovacs, m. D., Rey, J. 2025. Research note: Cecal microbiota and growth performance in Hubbard JA 757 broilers with and without outdoor access. <i>Poultry Science</i> , 106162. <a href="https://doi.org/10.1016/j.psj.2025.106162">https://doi.org/10.1016/j.psj.2025.106162</a>	<b>4,200</b>	<b>140</b>
<b>Razem</b>		<b>52,607</b>	<b>1525</b>

<sup>A</sup> Wartości wskaźnika *Impact Factor* publikacji podano według listy Journal Citation Reports (JCR), zgodnie z rokiem opublikowania

<sup>B</sup> Liczba punktów wg wykazu czasopism naukowych MNiSW zgodna z rokiem ukazania się pracy

2.2. *Oryginalne prace twórcze niewchodzące w skład osiągnięcia naukowego w czasopismach międzynarodowych lub krajowych innych niż znajdujące się w bazie Journal Citation Reports (JCR)*

Lp.	Artykuły naukowe opublikowane po uzyskaniu stopnia doktora	MNiSW <sup>A</sup>
<b>2.2.1</b>	Tavaniello, S., Siwek, M., Maiorano, G. <sup>☒</sup> , <b>Knaga, S.</b> , Witkowski, A., Manchisi, A., Bednarczyk, M. 2017. Fatty acid composition of meat and genetic mapping of quantitative trait loci in 3 generations of Japanese quail populations. <i>Journal of Central European Agriculture</i> , 18(4), 806-822. <a href="https://doi.org/10.5513/JCEA01/18.4.1963">https://doi.org/10.5513/JCEA01/18.4.1963</a>	<b>14</b>
<b>2.2.2</b>	Wengerska, K., Ramankevich, A., Rokicka, K., Drabik, K., <b>Knaga, S.</b> , Batkowska, J. <sup>☒</sup> 2022. Impact of environmental enrichment on the productivity of Japanese quails. <i>Animal Science and Genetics</i> , 18(3), 69-80. <a href="https://doi.org/10.5604/01.3001.0016.0436">https://doi.org/10.5604/01.3001.0016.0436</a>	<b>70</b>
<b>Razem</b>		<b>84</b>

<sup>A</sup> Liczba punktów wg wykazu czasopism naukowych MNiSW zgodna z rokiem ukazania się pracy

2.3. *Prace przeglądowe niewchodzące w skład osiągnięcia naukowego w czasopismach znajdujących się w bazie Journal Citation Reports (JCR)*

Lp.	Artykuły naukowe opublikowane po uzyskaniu stopnia doktora	IF <sup>A</sup>	MNiSW <sup>B</sup>
<b>2.3.1</b>	<b>Knaga, S.</b> , Kibała, L. <sup>☒</sup> , Kasperek, K., Rozempolska-Rucińska, I., Buza, M., Zięba, G. 2019. Eggshell strength in laying hens' breeding goals-a review. <i>Animal Science Papers &amp; Reports</i> , 37(2), 119-136.	<b>0,688</b>	<b>100</b>
<b>Razem</b>		<b>0,688</b>	<b>100</b>

<sup>A</sup> Wartości wskaźnika *Impact Factor* publikacji podano według listy Journal Citation Reports (JCR), zgodnie z rokiem opublikowania

<sup>B</sup> Liczba punktów wg wykazu czasopism naukowych MNiSW zgodna z rokiem ukazania się pracy

2.4. Prace przeglądowe niewchodzące w skład osiągnięcia naukowego w czasopismach międzynarodowych lub krajowych innych niż znajdujące się w bazie Journal Citation Reports (JCR)

Lp.	Artykuły popularno-naukowe opublikowane przed uzyskaniem stopnia doktora	MNiSW <sup>B</sup>
2.4.1	Ziętek J., Knaga S. 2006. Niektóre techniki biologii molekularnej. <i>Weterynaria w praktyce</i> . 3(1), 6-9.	
2.4.2	Ziętek J., Jakubczak A., Knaga S. 2006. Polimorfizm długości sekwencji mikrosatelitarnych. Zastosowanie w naukach przyrodniczych i medycynie. <i>Weterynaria w praktyce</i> . 3(4), 49-51.	
2.4.3	Ziętek J., Knaga S. 2007. Odczyny serologiczne użyteczne narzędzie pracy lekarza weterynarii. <i>Weterynaria w praktyce</i> . 4(5), 30-32	
2.4.4	Knaga S., Kasperek K. 2013. Użytkowanie przepiórek japońskich. <i>Wiadomości Drobiarskie</i> , 9/10, 10-16.	
2.4.5	Knaga S., Kasperek K. 2014. Antokolka - kresowe reminiscencje. <i>Wiadomości Drobiarskie</i> . 9/10, 6-8.	
2.4.6	Knaga S., Kasperek K. 2014. Charakterystyka wybranych ras kur ozdobnych. <i>Wiadomości Drobiarskie</i> . 3/4, 4-14.	

	Artykuły popularno-naukowe opublikowane po uzyskaniu stopnia doktora	MNiSW <sup>A</sup>
2.4.7	Knaga S. 2015. <i>Semper fidelis</i> - Helena Maria Paderewska. <i>Wiadomości Drobiarskie</i> . 9/10, 6-8.	
2.4.8	Paprocka, S., Babicz, M., Kropiwić-Domanska, K., Kolodziej, P., Grzesiuk, K., Knaga, S. 2016. The behavioural pattern of domestic swine ( <i>Sus scrofa f. domestica</i> ) and the possibility of its use in breeding and rearing. A review. <i>Annales Universitatis Mariae Curie-Skłodowska. Sectio EE: Zootechnica</i> , 34(4).	7
2.4.9	Krajniak W., Beldowska A., Knaga S. 2024. Fitogeniczne dodatki paszowe w produkcji drobiarskiej. <i>Polskie Drobiarstwo</i> , 11, 34-37.	5
2.4.10	Knaga S. 2025. Cechy jakości skorupy jako kryterium hodowlane. <i>Polskie Drobiarstwo</i> , 1, 12-16.	5
2.4.11	Krajniak W., Beldowska A., Knaga S. 2025. Wpływ naturalnych dodatków paszowych na status zdrowotny drobiu. <i>Polskie Drobiarstwo</i> , 4, 28-31.	5
	<b>Razem</b>	<b>22</b>

<sup>A</sup> Liczba punktów wg wykazu czasopism naukowych MNiSW zgodna z rokiem ukazania się pracy

### 3. Doniesienia naukowe na konferencjach naukowych

#### 3.1. Doniesienia naukowe na krajowych konferencjach naukowych

Lp.	Doniesienia naukowe przed uzyskaniem stopnia doktora	Forma
3.1.1	Andraszek K., Gryzińska M., Wójcik E., Knaga S. 2013. Zależna od wieku stabilność jąder w spermatocytach przepiórki japońskiej ( <i>Coturnix japonica</i> ). IV Polski Kongres Genetyki. 10–13 września 2013 r., Poznań	poster / abstrakt
3.1.2	Gryzińska M., Andraszek K., Knaga S. 2013. Ocena metylacji genu <i>CDKN2B</i> metodą MSP w wybranych etapach rozwoju zarodkowego kur rasy Polbar. IV Polski Kongres Genetyki. 10–13 września 2013 r., Poznań	poster / abstrakt
3.1.3	Kadhim M. J. Knaga S., Borsuk G. 2014. Japanese quails as laboratory animals used in investigations of propolis supplementation. <i>Ogólnopolska</i>	abstrakt

Konferencja Studentów i Doktorantów. Kierunki Przyrodnicze i Medyczne, Lublin 22-23 listopada 2014 r.		
Lp.	Doniesienia naukowe po uzyskaniu stopnia doktora	Forma
3.1.4	Kadhim M. J., <b>Knaga S.</b> , Łoś A., Borsuk G. 2015. Bee pollen supplementation in animal laboratory ( <i>Coturnix japonica</i> ). 52 Naukowa Konferencja Pszczelarska. 11-12 marca 2015, Puławy	abstrakt
3.1.5	Kadhim M.J., <b>Knaga S.</b> , Borsuk G. 2017. Wpływ żywienia wybranymi produktami pszczelimi na parametry produkcyjne przepiórek japońskich. 54 Naukowa Konferencja Pszczelarska. 7-8 marca 2017 r., Puławy	abstrakt
3.1.6	<b>Knaga S.</b> , Kwiecień M., Kasperek K., Grela E.R., Jeżewska G. 2017. Wpływ dodatku preparatów drożdżowych na wybrane cechy jakości jaja przepiórki japońskiej. XLVI Sesja Naukowa Sekcji Żywienia Zwierząt Komitet Nauk Zootechnicznych i Akwakultury Polska Akademia Nauk. 21-23 czerwca 2017 r., Lublin	abstrakt
3.1.7	Dobrowolski P., Ewa Śliwa E., Kwiecień M., Muszyński S., Kasperek K., <b>Knaga S.</b> , Kowal N., Tomczyk A., Jeżewska G., Grela E.R. 2017. Wpływ dodatku drożdży do mieszanki paszowej na strukturę jelita cienkiego przepiórki japońskiej. XLVI Sesja Naukowa Sekcji Żywienia Zwierząt Komitet Nauk Zootechnicznych i Akwakultury Polska Akademia Nauk. 21-23 czerwca 2017 r., Lublin	abstrakt
3.1.8	<b>Knaga S.</b> , Siwek M., Maiorano G., Bednarczyk M., Witkowski A., Zięba G. 2017. Mapowanie loci cech ilościowych w chromosomach 1 i 2 przepiórki japońskiej. Zjazd Katedr Jednoimiennych Genetyki i Metod Hodowli Zwierząt. 3-5 lipca 2017 r., Lublin	prezentacja / abstrakt
3.1.9	Kasperek K., Kibała L., <b>Knaga S.</b> , Rozempolska-Rucińska I., Szopa D., Zięba G. 2017. Badania podstawowe na rzecz postępu biologicznego w wybranych populacjach kur. Zjazd Katedr Jednoimiennych Genetyki i Metod Hodowli Zwierząt. 3-5 lipca 2017 r., Lublin	abstrakt
3.1.10	Szabelak A., Knaga S., Chmielowski M., Bełz N., Kasperek K., Bownik A. 2018. Aktywność kaspazy 3 i 7 jako biomarkera stresu cieplnego w erytrocytach. Badania i rozwój młodych naukowców w Polsce. Wiosna 2018 r., Poznań	abstrakt
3.1.11	Szabelak A., Bownik A., <b>Knaga S.</b> , Kasperek K., Bełz N. 2018. Biomarkery stresu cieplnego. Badania i rozwój młodych naukowców w Polsce. Jesień, Poznań	abstrakt
3.1.12	Szabelak A., <b>Knaga S.</b> , Kulińska M., Pawłocik M., Wałęka M., Kasperek K., Bownik A. 2018. Ochronne działanie proliny na erytrocyty w warunkach stresu cieplnego. Badania i rozwój młodych naukowców w Polsce. Wiosna 2018 r., Poznań	abstrakt
3.1.13	Szabelak A., Bownik A., <b>Knaga S.</b> , Kasperek K. 2019. Effect of L-proline on caspase 3/7 in erythrocytes. Badania i rozwój młodych naukowców w Polsce. Wiosna 2019 r., Poznań	abstrakt
3.1.14	Batkowska J., Wengerska K., <b>Knaga S.</b> , Rokicka K., Gola A., Drabik K. 2022. Zmiany jakości jaj konsumpcyjnych czasowo magazynowanych w warunkach obniżonej temperatur. Hodowla i chów zwierząt w Polsce – od tradycji do nowoczesności – 100 lat Polskiego Towarzystwa Zootechnicznego. LXXXVI Jubileuszowy Zjazd Naukowy Polskiego Towarzystwa Zootechnicznego, 21–23 września 2022 r., Kraków	abstrakt

### 3.2. Doniesienia naukowe na międzynarodowych konferencjach naukowych

Lp.	Doniesienia naukowe przed uzyskaniem stopnia doktora	Forma
3.2.1	<b>Knaga S.</b> , Witkowski A., Bednarczyk M. 2008. Egg quality traits of selected genetic groups of Japanese quails ( <i>Coturnix coturnix japonica</i> ). Cechy jakości jaja wybranych grup genetycznych przepiórek japońskich ( <i>Coturnix coturnix japonica</i> ). XX Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PO WPSA „Nauka praktyce – praktyka nauce”. 15 – 17 września 2008 r., Bydgoszcz/Wenecja.	prezentacja / abstrakt
3.2.2	Witkowski A., <b>Knaga S.</b> , Rupeć Z., Jeżewska-Witkowska G. 2008. Usefulness of different sources of biological material for RAPD-PCR analysis of DNA of zebra finch ( <i>Taeniopygia guttata</i> ). Międzynarodowa Konferencja „XXIII Genetic Days”. 10 – 12 września 2008 r., České Budějovice	poster / abstrakt
3.2.3	Maiorano G., Costanza L., Gentile A., <b>Knaga S.</b> , Witkowski A., Bednarczyk M. 2009. Meat quality of quail from different genetic groups. The ASPA 18 <sup>th</sup> Congress. 9-12 czerwca 2009 r., Palermo	poster / abstrakt
3.2.4	Witkowski A., <b>Knaga S.</b> , Jaworska D., Jeżewska G. 2009. Zmienność długości trwania reakcji zniерuchomienia tonicznego przepiórek japońskich. XXI Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PO WPSA "Nauka praktyce - praktyka nauce". 7-9 września 2009 r., Wrocław/Szklarska Poręba	prezentacja / abstrakt
3.2.5	Andraszek K., Gryzińska M., <b>Knaga S.</b> , Wójcik E., Smalec E. 2010. Number and size of nucleoli in the spermatocytes of chicken and Japanese quail. XXII Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PO WPSA "Nauka praktyce - praktyka nauce". 6-9 września 2010r., Olsztyn	abstrakt
3.2.6	<b>Knaga S.</b> , Litwin P., Witkowski A. 2010. Estimation of polymorphism of chosen microsatellite sequences in 2 genetic lines of Japanese quail. XXII Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PO WPSA "Nauka praktyce - praktyka nauce". 6-9 września 2010 r., Olsztyn	prezentacja / abstrakt
3.2.7	<b>Knaga S.</b> , Witkowski A., Tavaniello S. 2011. Growth and carcass traits of Japanese quails used for creation of a reference population. XXIII Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PO WPSA "Nauka praktyce - praktyka nauce". 13-15 września 2011 r., Tarnowo Podgórne k/Poznania	prezentacja / abstrakt
3.2.8	Witkowski A., <b>Knaga S.</b> , Tavaniello S. 2011. Physicochemical traits of breast muscle of Japanese quails used to form a reference population. XXIII Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PO WPSA "Nauka praktyce - praktyka nauce". 13-15 września 2011 r., Tarnowo Podgórne k/Poznania	prezentacja / abstrakt
3.2.9	Brodacki A., Batkowska J., <b>Knaga S.</b> , Deas A. 2011. Wpływ zestawu genetycznego i systemu utrzymywania na hematologiczne i biochemiczne wskaźniki krwi wolnorodzących mieszańców kurcząt rzeźnych. XXIII Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PO WPSA "Nauka praktyce - praktyka nauce". 13-15 września 2011 r., Tarnowo Podgórne k/Poznania	abstrakt
3.2.10	Brodacki A., Batkowska J., <b>Knaga S.</b> 2012. Slaughter utilization of laying hybrids cocks kept and fed extensively. 19 <sup>th</sup> International Conference KRMIVA. 30 maja - 1 czerwca 2012 r., Opatija, Chorwacja	poster / abstrakt
3.2.11	Grela E. R., Ognik K., <b>Knaga S.</b> , Matras J., Sroka S. Performance and some egg characteristics of laying hens fed the diet containing alfalfa proteinxanthophyll concentrate. World's Poultry Congress. 5-9 sierpnia 2012 r., Salvador, Bahia, Brazylia	poster / abstrakt
3.2.12	<b>Knaga S.</b> , Witkowski A., Tavaniello S. 2012. Some blood serum biochemical traits in two generations of the Japanese quail reference population. XXIV Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PO WPSA "Nauka praktyce - praktyka nauce". 12 – 14 września 2012 r., Kołobrzeg	prezentacja / abstrakt

3.2.13	Witkowski A., Kasperek K., Haruk K., <b>Knaga S.</b> , Roszkowski S. 2012. Zróżnicowanie niektórych cech pokrojowych w stadzie pochodzących od utrzymywanych amatorsko kur czubatych. XXIV Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PO WPSA "Nauka praktyce - praktyka nauce". 12 – 14 września 2012 r., Kołobrzeg	abstrakt
3.2.14	Kasperek K., Kwiecień M., Grela E.R., Pałyszka M., <b>Knaga S.</b> , Jeżewska G. 2013. Wpływ kapłonowania zielononóżki kuropatwianej na wybrane parametry krwi. XXV Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PO WPSA "Nauka praktyce - praktyka nauce". 2-4 września 2013 r., Zegrze k/Warszawy	abstrakt
3.2.15	<b>Knaga S.</b> , Witkowski A., Kasperek K., Heinrich N. 2013. Ocena obecności transgenu w tkance jąder przepiórek japońskich ( <i>Coturnix japonica</i> ) żywionych paszą zawierającą soję modyfikowaną genetycznie XXV Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PO WPSA "Nauka praktyce - praktyka nauce". 2-4 września 2013 r., Zegrze k/Warszawy	prezentacja / abstrakt
3.2.16	Kasperek K., <b>Knaga S.</b> , Sykut M., Zięba G. 2013. Jakość jaj trzech ras kur objętych programem ochrony zasobów genetycznych. XXV Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PO WPSA "Nauka drobiarskiej - praktyka nauce". 2-4 września 2013 r., Zegrze k/Warszawy	abstrakt
3.2.17	Kadhim M. J., Borsuk G., <b>Knaga S.</b> , Witkowski A., Jeżewska G. 2014. The effect of propolis injected in ovo on embryonic development of Polbar chicken. XXVI Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PO WPSA „Nauka praktyce - praktyka nauce”. 8-10 września 2014 r., Kazimierz Dolny	abstrakt
3.2.18	Kasperek K., Kwiecień M., Grela E.R., Pałyszka M., <b>Knaga S.</b> , Jeżewska G. 2014. Wpływ kapłonowania zielononóżki kuropatwianej na wybrane cechy rzeźne. XXVI Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PO WPSA „Nauka praktyce - praktyka nauce”. 8-10 września 2014 r., Kazimierz Dolny	abstrakt
3.2.19	<b>Knaga S.</b> , Kasperek K., Gryzińska M., Olszak M. 2014. Poziom zawartości żelaza i cholesterolu w mięśniu piersiowym kurcząt rzeźnych z objawami DPM. XXVI Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PO WPSA „Nauka praktyce - praktyka nauce”. 8-10 września 2014 r., Kazimierz Dolny	prezentacja / abstrakt
3.2.20	Tavaniello S., Maiorano G., <b>Knaga S.</b> , Candigliota T., Witkowski A., Bednarczyk M. 2014. Fatty acid composition and cholesterol content of Japanese quail meat from different generations. XXVI Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PO WPSA „Nauka praktyce - praktyka nauce”. 8-10 września 2014 r., Kazimierz Dolny	abstrakt
<b>Lp.</b>	<b>Doniesienia naukowe po uzyskaniu stopnia doktora</b>	<b>Forma</b>
3.2.21	Kadhim M.J., <b>Knaga S.</b> , Borsuk G., Jeżewska G. 2015. The effect of propolis supplementation on body weight of Japanese quails. XXVII Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PO WPSA „Nauka praktyce - praktyka nauce”. 14-16 września 2015 r., Bydgoszcz	abstrakt
3.2.22	Kasperek K., Kibala L., <b>Knaga S.</b> , Łukaszewicz M., Rozempolska-Rucińska I., Zięba G. 2015. Trendy genetyczne wybranych cech kryterium selekcyjnego w populacji kur nieśnych. XXVII Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PO WPSA „Nauka praktyce - praktyka nauce”. 14-16 września 2015 r., Bydgoszcz	abstrakt

3.2.23	Knaga S., Lucyna Kibala L., Kasperek K., Łukaszewicz M., Rozempolska-Rucińska I., Zięba G. 2015. Genetic parameters of eggshell thickness of laying hens. XXVII Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PO WPSA „Nauka praktyce - praktyka nauce”. 14-16 września 2015 r., Bydgoszcz	prezentacja / abstrakt
3.2.24	Kasperek K., Kibala L., Knaga S., Łukaszewicz M., Rozempolska-Rucińska I., Zięba G. 2015. Algorytmy genetyczne w optymalizacji doboru osobników do kojarzeń. XXVII Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PO WPSA „Nauka praktyce - praktyka nauce”. 14-16 września 2015 r., Bydgoszcz	abstrakt
3.2.25	Kadhim M. J., Knaga S., Borsuk G. 2016. The effect of propolis and bee pollen supplementation on body weight of Japanese quails. XXVIII Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PO WPSA „Nauka praktyce - praktyka nauce”. 14-16 września 2016 r., Licheń Stary	abstrakt
3.2.26	Dębowska M., Łakota P., Kozłowska I., Knaga S., Kasperek K., Jeżewska G., M. Bednarczyk M. 2016. Sperm and Primordial Germ Cells as a model for interpretation of test competition results. XXVIII Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PO WPSA „Nauka praktyce - praktyka nauce”. 14-16 września 2016 r., Licheń Stary	abstrakt
3.2.27	Kwiecień M., Knaga S., Kasperek K., Podpora B., Jeżewska G., Grela E.R. 2016. Wpływ dodatków drożdżowych do paszy na odchów przepiórek japońskich. XXVIII Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PO WPSA „Nauka praktyce - praktyka nauce”. 14-16 września 2016 r., Licheń Stary	prezentacja / abstrakt
3.2.28	Kasperek K., Knaga S., Wencsek E., Belt A., Pałyszka M., Zięba G. 2018. Genetic trends of chosen selection criterion traits in a Peking duck's population. XXX Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PO WPSA „Nauka praktyce – praktyka nauce”. 10-12 września 2018 r., Zegrze	abstrakt
3.2.29	Wencsek E., Belt A., Pałyszka M., Knaga S., Kasperek K., Zięba G. 2018. Genetic parameters of chosen traits of in the breeding population of Peking ducks. XXX Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PO WPSA „Nauka praktyce – praktyka nauce”. 10-12 września 2018 r., Zegrze	prezentacja / abstrakt
3.2.30	Kasperek K., Rozempolska-Rucińska I., Łukaszewicz M., Knaga S., Horbańczuk J., Zięba G. 2018. Do we need to account for inbreeding/dominance effects when predicting breeding value of laying hens selected within closed flocks? World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. 2018 r., Auckland	poster / abstrakt
3.2.31	Kasperek K., Knaga S., Wencsek E., Belt A., Pałyszka M., Zięba G. 2019. Optymalizacja doboru osobników do kojarzeń w rodzie A-55 kaczek pekin krajowy. XXXI Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PO WPSA „Nauka praktyce – praktyka nauce”. 4-06 września 2019 r., Polańczyk	abstrakt
3.2.32	Batkowska J., Wengerska K., Czech A., Knaga S., Drabik K., Spustek D. Wpływ żywienia przepiórki japońskiej mieszankami z udziałem fermentowanej lub niefermentowanej śruty poekstrakcyjnej rzepakowej na jakość pozyskiwanych jaj. Międzynarodowe Sympozjum Studenckich Kół Naukowych. 15 kwietnia 2021 r., Lublin	abstrakt
3.2.33	Wengerska K., Gomółka K., Misiec E., Knaga S., Czech A., Drabik K. 2021. Wpływ żywienia mieszankami z udziałem śruty rzepakowej na jakość jaj przepiórki japońskiej. Międzynarodowe Sympozjum Studenckich Kół Naukowych. 15 kwietnia 2021 r., Lublin	abstrakt
3.2.34	Rokicka K., Misiec E., Spustek D., Drabik K., Knaga S., Kasperek K. 2021. Analiza wyników lęgu i wad ułożenia zarodków w jajach	abstrakt

	dwuzólkowych. Międzynarodowe Sympozjum Studenckich Kół Naukowych. 15 kwietnia 2021 r., Lublin	
3.2.35	Ziobro D., Rokicka K., Wengerska K., Czech A., <b>Knaga S.</b> , Próchniak T., Batkowska J. 2021. Analiza rzeźna oraz jakość mięsa przepiórek japońskich żywionych paszą zawierającą śrutę rzepakową. Międzynarodowe Sympozjum Studenckich Kół Naukowych. 15 kwietnia 2021 r., Lublin	abstrakt
3.2.36	Spustek D., Wengerska K., Ramankevich A., Krakowiak D., <b>Knaga S.</b> , Drabik K., Batkowska J. Wpływ wzbogacenia środowiska na wyniki produkcyjne przepiórek japońskich. „Perspektywy i zagrożenia w hodowli i użytkowaniu zwierząt” 85 Zjazd Naukowy Polskiego Towarzystwa Zootechnicznego, 23-24 września 2021 r., Olsztyn	abstrakt
3.2.37	Kasperek K., <b>Knaga S.</b> , Zięba G. 2022. Zasoby genetyczne drobiu w stacji dydaktyczno-badawczej zwierząt drobnych im. Laury Kaufman. Konferencja Międzynarodowa pt.: Rodzime rasy zwierząt jako ważny element ochrony bioróżnorodności, zachowania tradycji regionów oraz produkcji żywności o podwyższonych walorach prozdrowotnych połączona z Jubileuszem 50-lecia pracy naukowej prof. dr hab. dr h.c. multi Zygmunta Litwińczuka, oraz 70-leciem Katedry Hodowli i Ochrony Zasobów Genetycznych Bydła. 14-15 czerwca 2022 r., Lublin	abstrakt
3.2.38	Kasperek K., Drabik K., <b>Knaga S.</b> , Zięba G., Batkowska J. 2022. Wpływ płci ptaków na cechy rzeźne i wybrane wskaźniki krwi zielononózki kuroopatwianej. XXXII Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PB WPSA „Nauka praktyce – praktyka nauce”. 5–7 września 2022 r., Lidzbark Warmiński	abstrakt
3.2.39	Siwek M., Dunisławska A., Sławińska A., <b>Knaga S.</b> , Olejnik M. 2024. Effects of low doses of antibiotics on the chicken transcriptome. The 75 <sup>th</sup> EAAP Annual Meeting. 1-5 września 2024 r., Florencja	poster / abstrakt
3.2.40	Pietrzak E., <b>Knaga S.</b> 2024. Investigating the impact of Sodium Butyrate on gene expression profiles in chicken intestinal organoids. The 75 <sup>th</sup> EAAP Annual Meeting. 1-5 września 2024 r., Florencja	abstrakt
3.2.41	Dunisławska A., Beldowska A., Pietrzak E., <b>Knaga S.</b> 2024. In ovo postbiotic stimulation of broiler chicken and impact on intestinal health. The 75 <sup>th</sup> EAAP Annual Meeting. 1-5 września 2024 r., Florencja	abstrakt
3.2.42	<b>Knaga S.</b> , Dunisławska A., Sławińska A., Soja – Kukiela N., Siwek M., Olejnik M. 2024. Gene expression signatures in response to residual doses of antibiotics in broiler chickens. XXXII Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PB WPSA „Nauka praktyce – praktyka nauce”. 16-18 września 2024 r., Lublin	prezentacja / abstrakt
3.2.43	Dunisławska A., <b>Knaga S.</b> , Akram, M. Z. Siwek, M. 2025. Modulation of cecal microbiota dynamics in broiler chickens via in ovo administration of postbiotic and prebiotic. 13 <sup>th</sup> European Symposium on Poultry Genetics. 8-10 październik 2025 r., Gdańsk	prezentacja / poster / abstrakt

#### 4. Udział w komitetach organizacyjnych i naukowych konferencji krajowych lub międzynarodowych

Lp.	Konferencja	Charakter udziału
4.1	XXXII Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PB WPSA „Nauka praktyce – praktyka nauce”. 16-18 września 2024 r., Lublin	współprowadzący sekcję plakatową (współprowadzący: prof. dr hab. Anna Wójcik, dr inż. Marcin Barszcz)

**5. Uczestnictwo w pracach zespołów badawczych realizujących projekty finansowane w drodze konkursów krajowych lub zagranicznych oraz w ramach badań z subwencji (wewnętrznych) i zleconych**

Lp.	Projekt	Realizacja	Charakter udziału
<b>Projekty finansowane w drodze konkursów krajowych i międzynarodowych</b>			
5.1	„BIOŻYWNOSĆ – innowacyjne, funkcjonalne produkty pochodzenia zwierzęcego” współfinansowany przez Unię Europejską ze środków Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego w ramach Programu Operacyjnego Innowacyjna Gospodarka. Podzadanie nr 4.1 – Tytuł: „Ocena przydatności nowo wytworzonych ogólnoużytkowych mieszańców kur do chowu w warunkach zrównoważonej produkcji drobiarskiej”	zrealizowany (2009-2012)	Wykonawca
5.2	„Genetyczne podstawy zróżnicowania przepiórki japońskiej jako gatunku modelowego” finansowany ze środków Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego (N N311 633638)	zrealizowany (2010-2013)	Wykonawca
5.3	„Modyfikacja kryterium selekcyjnego i programu hodowlanego stada zarodowego kur nieśnych” współfinansowany ze środków Narodowego Centrum Badań i Rozwoju w ramach II Konkursu Programu Badań Stosowanych w ścieżce B (PBS2/B8/8/2013)	zrealizowany (2013-2016)	Wykonawca
5.4	„Analiza zmienności cech użytkowych i reprodukcyjnych w hodowlanych populacjach wybranych rodów kur, na przykładzie maksymalnie: 660 sztuk kur New hampshire (N-11), 660 sztuk kur Barred rock (P-11), 660 sztuk kur Barred rock (W-44) i 660 sztuk kur barred plymouth rock (D-11)” finansowany z zadania na rzecz postępu biologicznego w produkcji zwierzęcej przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi	zrealizowany (2017-2023)	Wykonawca
5.5	„Optymalizacja systemu indywidualnej oceny wartości użytkowej i hodowlanej kaczek Pekin krajowy” finansowany ze środków Krajowej Rady Drobiarstwa-Izby Gospodarczej w Warszawie	zrealizowany (2017-2020)	Wykonawca
5.6.	„Polimorfizm genów kodujących wybrane białka części białkowej jaja kurzego a ich właściwości alergizujące i przeciwbakteryjne” finansowany ze środków Narodowego Centrum Nauki w ramach konkursu Miniatura 3 (2019/03/X/NZ2/01174)	zrealizowany (2019-2021)	Kierownik
5.7	„ActEpi: Aktywacja mechanizmów epigenetycznych u drobiu przez programowanie mikrobioty jelitowej” finansowany ze środków Narodowego Centrum Nauki w ramach konkursu Sonata 17 (UMO - 2021/43/D/NZ9/01548)	zrealizowany (2022-2026)	Wykonawca
5.8	„MonoGutHealth - Training and research for sustainable solutions to support and sustain gut health and reduce losses in monogastric livestock” finansowany ze środków programu Horyzont Europa w ramach Działań Marii Skłodowskiej-Curie (MSCA) w filarze „Doskonała Nauka” (Excellent Science)	zrealizowany (2020-2024)	Wykonawca
5.9	“Zagrożenia związane z zanieczyszczeniem pasz antybiotykami” finansowany ze środków Narodowego	zrealizowany (2022-2026)	Wykonawca

Centrum Nauki w ramach konkursu Opus 21 (UMO-2021/41/B/NZ9/04114)			
<b>Badania naukowe statutowe</b>			
<b>5.10</b>	Jakość jaj i mięsa przepiórek japońskich w zależności od zestawu towarowego” ZKB/DS-3	2014-2016	Wykonawca
<b>Projekty finansowane w drodze konkursów wewnętrznych Uczelni</b>			
<b>5.11</b>	„Ocena związku wybranych loci mikrosatelitarnych z cechami nieśności i jakości jaja przepiórek japońskich”, ZKB/BW-1	zrealizowany (2008)	Wykonawca
<b>5.12</b>	„Identyfikacja loci wybranych cech ilościowych o wartości użytkowej u przepiórki japońskiej”, zadanie badawcze w ramach wewnętrznego trybu konkursowego dla młodego pracownika nauki, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ZKB/MN/2	zrealizowany (2011-2012)	Kierownik
<b>5.13</b>	„Częstość występowania polidaktylii i innych wad układu kostnego u kur rasy Zielononóżka kuropatwiana i Polbar”, zadanie badawcze w ramach wewnętrznego trybu konkursowego dla młodego pracownika nauki, ZIB/MN-12	zrealizowany (2017-2018)	Kierownik
<b>5.14</b>	„Przydatność markerów genetycznych jako narzędzia weryfikującego wiarygodność oceny pochodzenia jaj przepiórczych prowadzonej na podstawie cech wyglądu skorupy”, projekt badawczy finansowany ze środków na naukę przyznanych na działalność służącą rozwojowi młodych naukowców, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie ZKB/MN-2	zrealizowany (2013-2016)	Kierownik
<b>5.15</b>	„Identyfikacja polimorfizmu genów kodujących główne proteiny białka jaja przepiórki japońskiej” projekt badawczy finansowany ze środków na naukę przyznanych na działalność służącą rozwojowi młodych naukowców, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ZKB-MN-1/19	zrealizowany (2020-2022)	Kierownik
<b>Badania zlecone</b>			
<b>5.16</b>	„Wpływ dodatku preparatów drożdżowych na wybrane cechy jakości jaja przepiórki japońskiej”, badania realizowane w ramach współpracy z firmą Agro-Yeast	zrealizowany (2016-2018)	Wykonawca
<b>Inne projekty</b>			
<b>5.17</b>	„Doskonałość naukowa w obszarze nauk rolniczych na Politechnice Bydgoskiej” realizowanego w ramach programu „Regionalna Inicjatywa Doskonałości” dofinansowanego przez Ministerstwo Edukacji i Nauki (RID/SP/0017/2024/01)	w trakcie realizacji	Członek Rady Projektowej
<b>6.</b>	<b>Członkostwo w międzynarodowych lub krajowych organizacjach i towarzystwach naukowych</b>		
<b>Lp.</b>	<b>Organizacje i towarzystwa naukowe</b>	<b>Charakter udziału</b>	

6.1	Polski Oddział Światowego Stowarzyszenia Wiedzy Drobiarskiej (PB WPSA)	członek (od 2021 r.)
6.2.	Polskie Towarzystwo Genetyczne (PTG)	członek (od 2022 r.)
6.3.	Lubelskie Towarzystwo Naukowe (LTN)	członek (od 2022 r.)

## 7. Staże, wizyty studyjne w instytucjach naukowych i praktycznych

Lp.	Miejsce	Termin
<b>Staże zagraniczne</b>		
7.1	Katedra Nauk o Rolnictwie, Środowisku i Żywności, Uniwersytet Molise, Campobasso, Włochy. Staż odbyty w ramach programu Erasmus Plus.	1.10.2007 r. – 31.01.2008 r.
<b>Staże krajowe</b>		
7.2	Katedra Biotechnologii i Genetyki Zwierząt, Politechnika Bydgoska im. Jana i Jędrzeja Śniadeckich. Staż naukowy.	9.01.2023 – 17.02.2023
<b>Wizyty studyjne</b>		
7.3	Vilniaus Kolegija, Faculty of Agrotechnologies, Department of Veterinary Medicine, Wilno, Litwa	2.03.2020 r. – 6.03.2020 r.
7.4	Burdur Mehmet Akif Ersoy University, Faculty of Veterinary Medicine, Department of Animal Nutrition and Nutritional Diseases, Burdur, Turcja	29.05.2023r. – 02.06.2023 r.
7.5	Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt, Katedra Genetyki, Wrocław, Polska	14.09.2025r. – 19.09.2025 r.

## 8. Członkostwo w komitetach redakcyjnych i radach naukowych czasopism

Lp.	Komitet redakcyjny/rada naukowa czasopism	Termin
8.1	Redaktor naczelny czasopisma Life Sciences Reports.	od 2024 r.

## 9. Recenzowane prace naukowe

Lp.	Czasopismo	Liczba recenzji
9.1	Animal Biotechnology	3
9.2	Animal Science Papers and Reports	1
9.3	Animals	5
9.4	BMC Genomics	1
9.5	British Poultry Science	1
9.6	Frontiers in Veterinary Sciences	1
9.7	Genes	1
9.8	International Journal of Molecular Science	1
9.9	Italian Journal of Animal Sciences	2
9.10	Journal of Animal Science and Biotechnology	3
9.11	Journal of Apicultural Science	1

9.12	Journal of Applied Animal Research	1
9.13	Medycyna Weterynaryjna	4
9.14	Microorganisms	1
9.15	Poultry	1
9.16	Poultry Science	4
9.17	Roczniki Naukowe Zootechniki	1
9.18	Toxins	1
9.19	Veterinary Medicine and Science	2
9.20	Worlds Poultry Science Journal	1
9.21	BMC Microbiology	1
9.22	Scientific Reports	1
<b>Suma recenzji</b>		<b>38</b>

---

Recenzje wykonano w latach 2012-2025

**III Współpraca z otoczeniem społecznym i gospodarczym**

1. **Wykaz dorobku technologicznego**  
nie dotyczy

2. **Współpraca z sektorem gospodarczym:**

Lp.	Nazwa przedsięwzięcia	Przedsiębiorca	Charakter udziału
2.1	„Modyfikacja kryterium selekcyjnego i programu hodowlanego stada zarodowego kur nieśnych” współfinansowany ze środków Narodowego Centrum Badań i Rozwoju w ramach II Konkursu Programu Badań Stosowanych w ścieżce B (PBS2/B8/8/2013)	MESSA Ośrodek Hodowli Zarodowej Sp. z o.o., Mienia	Wykonawca
2.2	„Analiza zmienności cech użytkowych i reprodukcyjnych w hodowlanych populacjach wybranych rodów kur, na przykładzie maksymalnie: 660 sztuk kur New hampshire (N-11), 660 sztuk kur barred rock (P-11), 660 sztuk kur Barred rock (W-44) i 660 sztuk kur Barred plymouth rock (D-11)” finansowany z zadania na rzecz postępu biologicznego w produkcji zwierzęcej przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi - 2017-2023;	MESSA Ośrodek Hodowli Zarodowej Sp. z o.o., Mienia	Wykonawca
2.3	„Optymalizacja systemu indywidualnej oceny wartości użytkowej i hodowlanej kaczek Pekin krajowy” finansowany ze środków Krajowej Rady Drobiarstwa-Izby Gospodarczej w Warszawie	Krajowa Rada Drobiarstwa – Izba Gospodarcza w Warszawie, Ośrodek Hodowli Kaczek - Adam Belt w Lińsku	Wykonawca

3. **Wykaz uzyskanych praw własności przemysłowej, w tym uzyskanych patentów krajowych lub międzynarodowych**  
nie dotyczy

4. **Wykaz wdrożonych technologii**  
nie dotyczy

5. **Wykaz wykonanych ekspertyz lub innych opracowań wykonanych na zamówienie instytucji publicznych lub przedsiębiorców**  
nie dotyczy

6. **Wykaz udziału w zespołach eksperckich lub konkursowych**  
nie dotyczy

7. **Wykaz projektów artystycznych realizowanych ze środowiskami pozaartystycznymi**  
nie dotyczy

#### **IV Informacje naukometryczne**

##### **1. Informacja o punktacji Impact Factor**

Sumaryczny *Impact Factor* według listy Journal Citation Reports (JCR), obejmujący publikacje z cyklu powiązanych tematycznie artykułów naukowych, zgodnie z art. 219 ust. 1. pkt 2B ustawy oraz pozostałe publikacje przedstawione w punkcie II.3, obliczony zgodnie z rokiem opublikowania na dzień 10.03.2026 r. wynosi: **78,01**

##### **2. Liczba cytowań publikacji (na dzień 10.03.2026 r.)**

Liczba cytowań według bazy Web of Science Core Collection wynosi - **299**, bez autocytowań – **271**

Liczba cytowań według bazy Scopus wynosi - **303**, bez autocytowań – **269**

Liczba cytowań według bazy Google Scholar wynosi – **508**

Liczba cytowań według bazy ResearchGate wynosi – **404**

##### **3. Informacja o posiadanym indeksie Hirscha (na dzień 10.03.2026 r.)**

Indeks Hirscha według bazy Web of Science wynosi – **10**

Indeks Hirscha według bazy Scopus wynosi – **10**


Indeks Hirscha według bazy Google Scholar wynosi – **13**

Indeks Hirscha według bazy ResearchGate wynosi – **11**

##### **4. Informacja o liczbie punktów MNiSW**

Suma punktów MNiSW, obejmująca publikacje z cyklu powiązanych tematycznie artykułów naukowych, zgodnie z art. 219 ust. 1. pkt 2B ustawy oraz pozostałe publikacje przedstawione w punkcie II, na dzień 10.03.2026 r., wynosi: **2492**.

Bydgoszcz, 10.03.2026 r.

  
.....  
(podpis wnioskodawcy)