

Ocena

**szczególnego osiągnięcia naukowego przedstawionego w postaci cyklu publikacji
o wspólnym tytule: „Wpływ polimorfizmu genów kodujących wybrane proteiny białka
jaja przepiórki japońskiej na wylęgowość i cechy jakości jaja w trakcie
przechowywania” Pana dr. inż. Sebastiana Jakuba Knagi, ubiegającego się o nadanie
stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk rolniczych w dyscyplinie zootechnika
i rybactwo**

Podstawę formalną do oceny wniosku Pana dr. inż. Sebastiana Knagi stanowiło pismo Przewodniczącego Rady Naukowej dyscypliny zootechnika i rybactwo Politechniki Bydgoskiej im. Jana i Jędrzeja Śniadeckich (PBS) – dr. hab. inż. Jakuba Bieska, prof. PBS (z dnia 30.06.2026 r.) oraz Uchwała nr 1/8/2025/2026 Rady Naukowej dyscypliny zootechnika i rybactwo PBS (z dnia 30.06.2026 r.).

Przy pisaniu niniejszej opinii, opracowanej zgodnie z Ustawą „Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce” z dnia 20 lipca 2018 r., wykorzystano dokumentację zawierającą:

- wniosek do Rady Doskonałości Naukowej o przeprowadzenie postępowania w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk rolniczych, dyscyplinie zootechnika i rybactwo;
- dane wnioskodawcy;
- odpis dyplomu uzyskania stopnia doktora nauk biologicznych, w dyscyplinie biotechnologia;
- autoreferat z opisem osiągnięcia naukowego (w tym opis innych działań naukowo-badawczych, aktywności dydaktycznej i organizacyjnej popularyzujących naukę oraz aktywności naukowej realizowanej poza macierzystą uczelnią).

1. Wykształcenie i przebieg pracy zawodowej Kandydata

Pan dr inż. Sebastian Knaga jest absolwentem studiów I i II stopnia Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie (ówczesnej Akademii Rolniczej w Lublinie) Wydziału Nauk o Żywności i Biotechnologii, gdzie w 2006 r. uzyskał tytuł zawodowy magistra inżyniera biotechnologii. W dniu 29 października 2014 r., na podstawie dysertacji doktorskiej pt.: „Identyfikacja *loci* wybranych cech ilościowych o wartości użytkowej u przepiórki japońskiej”, wykonanej pod kierunkiem prof. dr. hab. Grzegorza Zięby, Rada Wydziału Biologii i Biotechnologii Uniwersytetu Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie nadała Jemu stopień naukowy doktora nauk biologicznych w dyscyplinie biotechnologia.

Na początku pracy zawodowej Kandydat związany był z Uniwersytetem Przyrodniczym w Lublinie, pracując w okresie od 1.02.2008 do 30.09.2015 jako asystent, a następnie, w okresie 1.10.2015-31.07.2023 jako adiunkt w Instytucie Biologicznych Podstaw Produkcji Zwierzęcej. Od 1 sierpnia 2023 r. do chwili obecnej jest adiunktem w Katedrze Biotechnologii i Genetyki Zwierząt Politechniki Bydgoskiej im. Jana i Jędrzeja Śniadeckich.

2. Ocena cyklu prac przedstawionych jako osiągnięcie naukowe, stanowiących podstawę wniosku o uzyskanie stopnia doktora habilitowanego

Podstawę ubiegania się o stopień doktora habilitowanego stanowi cykl czterech, oryginalnych prac naukowych określonych wspólnym tytułem „Wpływ polimorfizmu genów kodujących wybrane proteiny białka jaja przepiórki japońskiej na wylęgowość i cechy jakości jaja w trakcie przechowywania”, opublikowanych w latach 2024-2026 w czasopiśmie *Poultry Science* wyróżnionym w bazie *Journal Citation Reports*. Wszystkie cztery publikacje (określane w niniejszej opinii symbolami CS1-CS4), są opracowaniami wieloautorskimi, w których Kandydat jest pierwszym, a w dwóch autorem korespondencyjnym (nr C3; C4). Udział Habilitanta w powstaniu prac był wiodący, polegał na zaplanowaniu badań, pozyskaniu funduszy, opracowaniu hipotezy badawczej i metodyki badań, analizie jakości jaj w trakcie przechowywania, a dodatkowo w artykułach nr C3 i C4, na biologicznej analizie lęgów, sekwencjonowaniu genów, analizie danych, przygotowaniu manuskryptu, odpowiedzi na recenzje i redagowaniu ostatecznej wersji manuskryptu. Na tej podstawie stwierdzam, że udział dr. inż. Sebastiana Knagi w powstaniu ocenianych prac był istotny i posiada On duże umiejętności w podejmowaniu nowych tematów badawczych oraz koordynowaniu prac wieloosobowych zespołów.

Wysoka ranga czasopisma, w którym opublikowano prace wskazane jako osiągnięcie naukowe świadczą o bardzo wysokiej wartości naukowej prowadzonych badań oraz sposobie ich, realizacji i prezentacji. Należy podkreślić, że w/w czasopismo jest przez bazę *Journal Citation Reports* zaliczane do grupy 25% (Q1) najlepszych z obszaru badań „*Agriculture, Dairy and Animal Science*”. Sumaryczny *Impact Factor* prac zaliczonych do osiągnięcia naukowego wynosi 16,800, a liczba punktów MNiSW 560.

Publikacje wskazane jako osiągnięcie naukowe stanowią zbieżny tematycznie cykl prac, których celem głównym było określenie asocjacji pomiędzy polimorfizmem sekwencji genów lizozymu, owomukoidu i owoalbuminy, a cechami wylęgowości oraz jakością jaj dwóch typów użytkowych przepiórek japońskich (nieśny i mięsny), w trakcie ich przechowywania. Kandydat przedstawił również szczegółowe cele odnoszące się bezpośrednio do poszczególnych prac cyklu, a które dotyczyły:

CS1. - charakterystyki fenotypowej badanych rodów przepiórek w zakresie wylęgowości i jakości jaj w zależności od czasu ich przechowywania – interpretacja efektów genetycznych;

CS2. - identyfikacji wariantów sekwencyjnych (SNP/indel) w genach kodujących owoalbuminę, owomukoid i lizozym oraz analizę struktury zmienności genetycznej między i wewnątrz rodów;

CS3. - analizy asocjacji pomiędzy zidentyfikowanymi wariantami genetycznymi, a parametrami jakości jaj w trakcie przechowywania;

CS4. - analizy asocjacji pomiędzy polimorfizmami genów, a wartościami cech wylęgowości jaj przepiórki japońskiej.

Do realizacji powyższych celów wykorzystano dwa rody przepiórki japońskiej: w typie mięsnym - F33 oraz S22 w typie nieśnym.

Założenia określone w CS1 były oceniane w pracach C1, C3, C4, w których wykazano wpływ rodu na badane parametry fizyczne jaj świeżych. Przechowywanie jaj do 14 tygodnia po zniesieniu, miało wpływ na zmianę wybranych cech morfologicznych i fizycznych jaj i wykazało również wystąpienie interakcji pomiędzy rodem ptaków, a czasem przechowywania. Parametry wylęgowości piskląt były istotnie różne między badanymi rodami, a analiza wewnątrz rodowa przepiórek kierunku mięsnego wykazała przejaw zróżnicowania potencjału reprodukcyjnego w obrębie jednej populacji.

Drugi cel szczegółowy (CS2), realizowany we wszystkich pracach cyklu, wykazał podczas sekwencjonowania genu lizozymu obecność w obu badanych rodach łącznie 15 różnych polimorfizmów, w tym 14 pojedynczych nukleotydów (SNP) oraz jeden polimorfizm insercyjno-delecyjny. W eksonach zlokalizowano sześć SNP, a pozostałych osiem

polimorfizmów znajdowało się w sekwencjach intronowych bezpośrednio graniczących z eksonami. Większość SNP w sekwencjach kodujących gen miała charakter podstawień synonimicznych, poza jedną w eksonie 1, która skutkowała zastąpieniem aminokwasu glutaminy na lizynę. Ponadto, analizy wykazały występowanie dwóch wariantów allelicznych lizozymu tj. F (wariant szybko migrujący) i S (wariant wolno migrujący), przy czym frekwencja allelei i genotypów różniły się w zależności od analizowanego rodu. Sekwencjonowanie eksonów genu owomukoidu badanych rodów przepiórek ujawniło obecność pięciu SNP, z których trzy były zlokalizowane w sekwencjach kodujących (eksony 1, 3 i 5) i miały charakter podstawień niesynonimicznych. Przeprowadzone analizy wykazały różnice między badanymi rodami przepiórek w występowaniu fenotypów wyróżnianych na podstawie frekwencji aminokwasowej. Sekwencjonowanie wybranych fragmentów genu kodującego owoalbuminę wykazało 18 SNP, które we wszystkich przypadkach miały charakter synonimiczny i nie skutkowały zmianą sekwencji aminokwasowej białka.

Trzeci szczegółowy cel badań (CS3) był analizowany w pracach C1, C2, C3, w których wykazano, że w obu badanych rodach, żaden z obecnych polimorfizmów genu lizozymu nie oddziaływał na masę jaja świeżego, natomiast stwierdzono taki wpływ w przypadku genów kodujących owomukoid i owoalbuminę, a jego poziom był zależny od genotypu. Analizy asocjacyjne prowadzone podczas 14. tygodniowego przechowywania jaj nie wykazały istotnego wpływu zidentyfikowanych polimorfizmów w genach lizozymu i owoalbuminy na zmiany masy, natomiast w przypadku owomukoidu taki wpływ wystąpił i były różne w zależności od genotypu badanych ptaków. Weryfikacja czynników genetycznych na cechę wytrzymałości skorupy jaja świeżego i przechowywanego, wykazała występowanie mających wpływ na tą cechę SNP (różną liczbę w zależności od genu i rodu), zlokalizowanych w genach kodujących lizozym (*LYZ*), owomukoid (*OVM*) i owoalbuminę (*SERBINB14*). Istotny wpływ polimorfizmów SNP oraz diplotypów na grubość skorupy w trakcie przechowywania zaobserwowano w przypadku genów owomukoidu, a owoalbuminy również w dniu zniesienia jaja. Masa skorupy była istotnie zależna od polimorfizmu SNP5 w różnych okresach przechowywania wyłącznie u samic rodu S22, natomiast w przypadku przepiórek F33 zaobserwowano istotny wpływ diplotypów w jajach świeżych. Analizy odnoszące się do cech treści jaj przechowywanych wykazały istotny wpływ polimorfizmów zlokalizowanych w genie owomukoidu na masę żółtka, a owoalbuminy na masę i procentowy udział białka.

Cel szczegółowy CS4 był analizowany w pracach C3, C4. W pierwszym etapie badań oceniano na obu rodach zależność pomiędzy polimorfizmem genu owoalbuminy, a parametrami reprodukcyjnymi. Stwierdzono występowanie efektu genotypowego wyłącznie

w rodzie F33, a warianty zlokalizowane w regionach regulatorowych genu owoalbuminy, zwłaszcza w obrębie 3'UTR, mogą modulować przebieg embriogenezy. Drugi etap badań był wykonany wyłącznie w obrębie rodu F33 i dotyczył oceny podłoża genetycznego cech reprodukcyjnych samic z podziałem na dwie grupy: o wysokiej i niskiej wylęgowości piskląt. Analizy wykazały występowanie 37 polimorfizmów typu SNP oraz jeden indel w genach *LYZ*, *OVM* i *SERBINB14*. W grupie o wysokiej wylęgowości polimorfizm genu *LYZ* i *OVM* był istotnie związany z zapłodnieniem jaj (był to prawdopodobny efekt sprzężeń z innym *loci* w analizowanych regionach genomu, a nie bezpośredni wpływ białek jaja na proces zapłodnienia), z wylęgiem piskląt z jaj nałożonych oraz wyklutych zdrowych piskląt, natomiast w grupie o niskiej wylęgowości dominowały asocjacje wariantów genów *SERBINB14* ze wskaźnikiem śmiertelności zarodków we wczesnym i późnym okresie rozwoju.

Za najistotniejsze aspekty poznawcze oraz aplikacyjne ocenianych prac można uznać:

- poszerzenie wiedzy dotyczącej zmienności genetycznej genów kodujących główne proteiny białka jaja przepiórki japońskiej, poprzez zidentyfikowanie i opisanie w literaturze światowej przez Kandydata łącznie 36 nowych polimorfizmów (35 SNP i jeden indel);
- nowatorskiego wykorzystania oceny asocjacji pomiędzy polimorfizmem genów, a badanymi cechami jaj w trakcie ich przechowywania oraz ujawnienie związku pomiędzy markerami genetycznymi obecnymi w sekwencjach kodujących lizozym, owomukoid oraz owoalbuminę, a wybranymi cechami fizycznymi jaj;
- wykazanie wpływu zmienności genów *LYZ*, *OVM* i *SERBINB14* na kształtowanie kluczowych parametrów reprodukcyjnych przepiórek japońskich, jak również potwierdzenie występowania molekularnego podłoża jakości cech fizycznych oraz wartości wylęgowej jaj;
- wykorzystanie genetyki molekularnej w ocenie wpływu zmienności genetycznej na tempo i kierunek zmian wybranych cech jakościowych jaj podczas ich przechowywania, a co z tym związane wskazanie nowego pojęcia cyt. „genetyka dynamiki jakości jaj”. W moim odczuciu pojęcie, to powinno brzmieć „genetyka dynamiki zmian jakości jaj”.
- możliwość wykorzystania w programach selekcyjnych nowego komponentu „genetyka dynamiki zmian jakości jaj”, obejmującego zespół parametrów opisujących zmiany cech jaj w trakcie przechowywania.

Uważam podjętą tematykę badawczą za istotną w obszarze badań podstawowych, które mogą mieć również przełożenie aplikacyjne w programach selekcyjnych przepiórek japońskich.

Podsumowując powyższe stwierdzam, że zgodnie z Ustawą z dnia 20 lipca 2018 r. „Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce”, cztery prace stanowiące monotematyczny cykl, ujęty przez dr. inż. Sebastiana Jakuba Knagę jako osiągnięcie, posiadają wysokie walory poznawcze oraz charakter aplikacyjny. Wnoszą znaczący wkład w rozwój dyscypliny zootechnika i rybactwo, w szczególności z zakresu genetyki drobiu.

3. Ocena aktywności naukowej (w tym realizowanej w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej, w szczególności zagranicznej), dydaktycznej i organizacyjnej

Poza tematyką badawczą wskazaną w osiągnięciu naukowym dr inż. Sebastian Knaga zajmował się innymi obszarami badań, m.in.:

- genetyką cech ilościowych przepiórki japońskiej,
- u różnych gatunków drobiu wpływem różnych substancji na rozwój embrionalny, wzrost, cechy jakościowe produktów drobiarskich oraz zdrowotność,
- wykorzystaniem genetyki populacji i metod doskonalenia zwierząt w hodowli,
- ochroną zasobów genetycznych drobiu,
- czynnikami środowiskowymi wpływającymi na jakość jaj i parametry produkcyjne drobiu,
- wpływem stresu cieplnego i ochronnego działania badanych substancji na erytrocyty kurze.

Po analizie wymienionych obszarów stwierdzam, że dwa ostatnie punkty mogły być opisane pod wspólnym tytułem „Czynniki środowiskowe wpływające na jakość jaj, parametry produkcyjne oraz parametry fizjologiczne krwi niosek”.

W ramach obszaru zainteresowań dotyczących genetyki cech ilościowych przepiórki japońskiej Kandydat realizował badania, które dotyczyły m.in. mapowania *loci* cech ilościowych i wpływu regionów QTL na wybrane parametry użytkowe przepiórek japońskich i cechy pozyskanych produktów. Oceniono również wpływ niestabilności chromosomowej na cechy reprodukcyjne samic i samców trzech referencyjnych pokoleń przepiórki japońskiej. Wykonano analizy wpływu prowadzonej selekcji na liczbę żywych i apoptotycznych komórek blastodermalnych w X stadium rozwoju Eyal-Giliadi i Kochav'a. W cyklu innych badań Kandydat wykonał analizy zmienności histonu H1 w wybranych grupach genetycznych przepiórek japońskich w odpowiedzi na selekcję kierunkową, a także określił liczbę, wielkość i kształt jąder w jądrze komórkowym spermatocytów przepiórki japońskiej.

Istotnym elementem dorobku naukowego Kandydata są zagadnienia dotyczące wpływu podania różnych substancji na rozwój embrionalny różnych gatunków drobiu oraz organizm ptaków. W szeregu badań oceniano wpływ m.in.: produktów pszczelich (propolis i pyłek pszczele), preparaty oparte na drożdżach *Saccharomyces cerevisiae*, fermentowaną

i niefermentowaną poekstrakcyjną śrutę rzepakową, koncentrat białka z lucerny na budowę i funkcjonowanie organizmów przepiórki japońskiej oraz wskaźniki użytkowości, a także pochodzących od nich jaj i mięsa. Kolejną tematyką omawianego obszaru badań była ocena iniekcji maślanu sodu *in ovo* na ekspresję genów (badania *in vivo* oraz *in vitro*) i mikrobiotę różnych odcinków jelita cienkiego brojlerów kurzych. W ramach innych badań wykonano ocenę wpływu alkoholowego roztworu propolisu infekowanego *in ovo* na rozwój embrionalny kur rasy polbar. Ostatni element badań omawianego zakresu dotyczył oceny zastosowania leku zawierającego itrakonazol, podawanego w formie wziewnej na występowanie aspergilozy ptaków. Dr Sebastian Knaga był członkiem zespołu oceniającego wpływ niskich dawek antybiotyków na ekspresję genów w wybranych tkankach brojlerów kurzych.

W kolejnym obszarze badawczym Kandydat wskazuje na swoje wieloletnie doświadczenie zdobyte w pracy hodowlanej prowadzonej na przepiórkach japońskich utrzymywanych w Uniwersytecie Przyrodniczym w Lublinie. Umiejętności te zostały wykorzystane w badaniach nad strukturą różnorodności genetycznej koni pełnej krwi angielskiej uczestniczących w zawodach rangi mistrzowskiej.

Praktyka zawodowa w Ośrodku Hodowli Zarodowej MESSA Sp. z o.o. w Mieni pozwoliła na rozpoczęcie współpracy, która oparta była m.in. na realizacji wspólnego projektu NCBiR pt.: „Modyfikacja kryterium selekcyjnego i programu hodowlanego stada zarodowego kur nieśnych”. Kandydat brał również udział w badaniach w Ośrodku Hodowli Kaczek - Adam Belt w Lińsku, gdzie był częścią zespołu odpowiedzialnego za optymalizację systemu indywidualnej kontroli i oceny użytkowej kaczek linii pekin krajowy.

W obszarze badawczym dotyczącym ochrony zasobów genetycznych drobiu Kandydat uczestniczył w ocenie wartości użytkowej przepiórek japońskich utrzymywanych przez macierzystą uczelnię oraz kur ras new hampshire (ród N-11), barred rock (ród P-11 i W-44) oraz barred plymouth (ród D-11) utrzymywanych w Ośrodku Hodowli Zarodowej MESSA Sp. z o.o. w Mieni. Wraz z naukowcami Instytutu Hodowli i Żywienia Zwierząt w Meheszet (Węgry), oceniał różnorodność i strukturę genetyczną populacji kur różnych ras stad zachowawczych. W omawianym obszarze Kandydat wyróżnił jeszcze jedną aktywność badawczą, polegającą na wytworzeniu wolno rosnących mieszańców z wykorzystaniem, jako komponentu ojcowskiego, kogutów reprodukcyjnych współczesnej linii brojlerów oraz kur rasy zielononóżka kuropatwiana. Moim zdaniem ten zakres badań nie wpisuje się w obszar dotyczący ochrony zasobów genetycznych drobiu i powinien być wymieniony w punkcie „Pozostałe badania”.

W przedostatnim i ostatnim obszarze badawczym Habilitant, wykonał badania dotyczące oceny behawioru i parametrów produkcyjnych przepiórek japońskich, utrzymywanych w wzbogaconym środowisku. W kolejnych badaniach, na tym samym gatunku, analizował wpływ wieku i płci na poziom stresu. W przypadku gatunku kura domowa, badał wpływ masy jaja oraz systemu chowu klatkowego (konwencjonalne vs. wzbogacone), na jakość jaj w trakcie przechowywania, a w innych badaniach oceniał wpływ zmiennych warunków temperaturowych na dynamikę zmian jakościowych jaj, czy też przydatność jaj dwużółtkowych w konsumpcji. W badaniach odnoszących się do oddziaływania stresu cieplnego na nioski kurze Habilitant oceniał jego wpływ na erytrocyty krwi i możliwość ograniczania negatywnych skutków poprzez podanie aminokwasów L-proliny lub L-karnityny.

Dorobek naukowo-publikacyjny dr. inż. Sebastiana Knagi (wyluczając prace stanowiące osiągnięcie naukowe), oceniam wysoko pod względem jakościowym i ilościowym. W ujęciu bibliometrycznym jest współautorem 34 oryginalnych prac twórczych (24 po uzyskaniu stopnia doktora) i jednej przeglądowej, opublikowanych w czasopismach z listy JCR oraz dwóch oryginalnych prac twórczych 11 prac przeglądowych w czasopismach krajowych, innych niż znajdujących się w bazie JCR (sześć przed i pięć po uzyskaniu stopnia doktora). Sumaryczny *Impact Factor* (IF) wszystkich publikacji wg. bazy *Web of Science* wynosi 78,01, a łączna liczba punktów za publikacje w czasopismach ujętych w części A i B listy MNiSW = 2492. Wskaźniki te uznaję jako spełniające wymagania stawiane kandydatom wnioskującym o stopnień doktora habilitowanego. Liczba cytowań według bazy *Web of Science* wynosi 299 (bez autocytowań 271), a Indeks Hirscha = 10. Habilitant jest współautorem 43 doniesień konferencyjnych.

Reasumując, osiągnięcia naukowo-badawcze i dane naukometryczne Kandydata świadczą o Jego dojrzałości naukowej, aktualności prowadzonych badań, uznaniu w środowisku krajowym i zagranicznym oraz znaczącym wpływie prowadzonych badań na rozwój wiedzy w dyscyplinie zootechnika i rybactwo.

Istotną aktywnością dr. inż. Sebastiana Knagi, którą oceniam wysoko, jest udział w badaniach finansowanych ze środków zewnętrznych (m.in. EU, NCN, NCBiR MNiSW, MRiRW). W swoim dorobku Habilitant wykazuje również wielokrotną współpracę z podmiotami gospodarczymi, wykonując badania zlecone. Ponadto był kierownikiem czterech projektów badawczych finansowych ze środków macierzystej Uczelni, a w dwóch był wykonawcą.

Kandydat wykonał 38 recenzji artykułów dla czasopism o szerokim zasięgu międzynarodowym (m.in. Poultry Science, Scientific Reports, British Poultry Science, Animals), co świadczy o rozpoznawalności Jego dotychczasowych działań badawczych.

Wysoką aktywność naukową Kandydata potwierdza również współpraca z krajowymi i zagranicznymi ośrodkami badawczymi. Uczestniczył w projekcie pt.: „Identyfikacja *loci* wybranych cech ilościowych o wartości użytkowej u przepiórki japońskiej”, realizowanym z naukowcami z Uniwersytetu Technologiczno-Przyrodniczego w Bydgoszczy, Uniwersytetu Przyrodniczo-Humanistycznego w Siedlcach oraz Uniwersytetem Molise (Włochy), a efektem tej współpracy były publikacje w renomowanych czasopismach drobiarskich. Dr inż. Sebastian Knaga posiada również udokumentowaną publikacjami współpracę międzynarodową i krajową, m.in. z naukowcami z Research Institute for Animal Breeding and Nutrition, Meheszet, Gogollo, Węgry; Uniwersytetu im. Jana Kochanowskiego w Kielcach oraz Uniwersytetu Medycznego w Lublinie. Kandydat poszerzył współpracę z naukowcami z Uniwersytetu Molise (Włochy), odbywając czteromiesięczny staż naukowy, a w Politechnice Bydgoskiej im. Jana i Jędrzeja Śniadeckich odbył pięcioletniowy staż. Zrealizował trzy wizyty studyjne w polskim, litewskim i tureckim ośrodku badawczym.

Od 2021 r. do chwili obecnej jest członkiem Polskiego Oddziału Światowego Stowarzyszenia Wiedzy Drobiarskiej, a od 2022 r. - członkiem Polskiego Towarzystwa Zootechnicznego oraz Lubelskiego Towarzystwa Naukowego. Od 2024 roku pełni rolę redaktora naczelnego czasopisma *Life Sciences Reports*.

Dr inż. Sebastian Knaga prowadzi/ł zajęcia dydaktyczne które można podzielić na trzy grypy tematyczne:

- genetyka ogólna i populacyjna, biologia molekularna oraz biotechnologia,
- chów i hodowla zwierząt ze szczególnym uwzględnieniem drobiu,
- technologia informacyjna i bioinformatyka.

Poza zajęciami w języku polskim, opracował i prowadził moduły zajęć w języku angielskim (*Biotechnology, Poultry breeding and management*) w ramach programu Erasmus+. W 2012 roku uzyskał tytuł „Wykładowca Roku 2011/2012, przyznany przez Studencką Radę Wydziału Biologii i Hodowli Zwierząt Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie.

Był dotychczas opiekunem łącznie 27 prac inżynierskich, licencjackich i magisterskich. Był opiekunem I roku studiów stacjonarnych pierwszego stopnia kierunku biologia. Dwukrotnie pełnił funkcję promotora pomocniczego dwóch zakończonych przewodów doktorskich. Pełnił funkcję recenzenta w postępowaniu o nadanie stopnia doktora mgr Meng Peng na Uniwersytecie Molise (Włochy).

Popularyzacja wiedzy jest również istotnym elementem dorobku dr. inż. Sebastiana Knagi. Wygłosił wykład pt.: „Wykorzystanie genetyki w doskonaleniu strusi”, dla członków Polskiego Związku Hodowców Strusi. Pełnił funkcję opiekuna Sekcji Biotechnologów Zwierząt Studenckiego Koła Naukowego „Biom” na Wydziale Nauk o Zwierzętach i Biogospodarki Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie. W ramach działań popularyzujących naukę Kandydat wykazał się wysoką aktywnością publikacyjną, będąc autorem lub współautorem 10 artykułów w czasopismach popularno-naukowych zajmujących się tematyką drobiarską i weterynaryjną.

Habilitant był/jest zaangażowany w działalność wielu gremiów byłej i macierzystej Uczelni, jako członek: Rady Wydziału Biologii, Nauk o Zwierzętach i Biogospodarki, Rady Naukowej Dyscypliny Zootechnika i Rybactwo Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie, a obecnie jest członkiem tego samego gremium na Politechnice Bydgoskiej, Wydziałowej Komisji ds. Jakości Kształcenia Wydziału Biologii, Nauk o Zwierzętach i Biogospodarki, uczestniczy w pracach „Rady Projektowej” działającej w ramach badań finansowanych przez Ministerstwo Edukacji i Nauki w ramach programu „Regionalna Inicjatywa Doskonałości”. Pełni funkcję Wydziałowego Koordynatora Międzynarodowych Projektów Badawczych na Wydziale Hodowli i Biologii Zwierząt Politechniki Bydgoskiej. Brał wielokrotnie czynny udział w krajowych i międzynarodowych wystawach zwierząt hodowlanych prezentując z sukcesami utrzymywane przez macierzystą Uczelnię rasy przepiórek japońskich.

4. Wniosek końcowy

Na podstawie dokonanej oceny osiągnięcia naukowego, przedstawionego jako cykl czterech monotematycznych publikacji, znaczącego i ściśle ukierunkowanego dorobku naukowego, aktywności organizacyjnej, dydaktycznej i popularyzatorskiej, a także istotnej aktywności naukowej, realizowanej w więcej niż jednej uczelni i instytucji naukowej stwierdzam, że Pan dr inż. Sebastian Jakub Knaga w pełni spełnia wymagania określone w art. 219 ust. 1 Ustawy Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce z dnia 20 lipca 2018 r., co stanowi podstawę do nadania stopnia naukowego doktora habilitowanego w dziedzinie nauk rolniczych w dyscyplinie zootechnika i rybactwo.

