

Załącznik Nr 3

do wniosku z dnia 28.04.2022 o przeprowadzenie postępowania w sprawie nadania
stopnia doktora habilitowanego

Dr inż. Ewa Pecka-Kielb

Katedra Biostruktury i Fizjologii Zwierząt,
Zakład Fizjologii Zwierząt, Wydział Medycyny Weterynaryjnej
Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu

AUTOREFERAT

Wrocław, 2022

SPIS TREŚCI

1. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe – z podaniem podmiotu nadającego stopień, roku ich uzyskania oraz tytułu rozprawy doktorskiej	3
2. Informacje o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych	4
3. 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.).....	5
3.1 Tytuł osiągnięcia naukowego	5
3.2 Prace wskazane jako szczególne osiągnięcie naukowe	5
3.3 Omówienie osiągnięcia naukowego	7
4. Informacja o wykazywaniu się istotną aktywnością naukową albo artystyczną realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej	18
5. Informacja o osiągnięciach dydaktycznych, organizacyjnych oraz popularyzujących naukę	24
5.1 Osiągnięcia dydaktyczne.....	24
5.2 Osiągnięcia organizacyjne.....	26
5.3 Osiągnięcia popularyzujące naukę.....	29
6. Podsumowanie oraz informacja bibliometryczna	30
7. Literatura.....	32

1. POSIADANE DYPLOMY, STOPNIE NAUKOWE – Z PODANIEM PODMIOTU NADAJĄCEGO STOPIEŃ, ROKU ICH UZYSKANIA ORAZ TYTUŁU ROZPRAWY DOKTORSKIEJ

2002- 2006

- Studia licencjackie - Państwowa Wyższa Szkoła Zawodowa w Tarnowie, tytuł pracy licencjackiej: „Porównanie dokładności i precyzji w oznaczaniu jonów chlorkowych metodą Mohra i chromatografii jonowej HPIC”, pod opieką dr. Marka Meusa.

2002 -2007

- Studia inżynierskie – Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt, kierunek zootechnika.

2006

- Kurs pedagogiczny. Państwowa Wyższa Szkoła Zawodowa w Tarnowie.

2006 – 2007

- Studia magisterskie - Uniwersytet Jagielloński w Krakowie, Wydział Chemii, specjalność chemia środowiska. **Magister chemii**, tytuł pracy magisterskiej: „Stabilność chemiczna kompozytowych materiałów katodowych otrzymanych na bazie spinelu litowo-manganowego podstawionego siarką”, pod kierunkiem dr. Marcina Molendy.

2008-2009

- Studia II stopnia kierunek zootechnika- Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt, specjalność produkcja pasz przemysłowych i premiksów. **Magister inżynier**, praca magisterska pt.: „Wpływ zastosowania w żywieniu krów suszonego wywaru z kukurydzy na ich wydajność i cechy fizyko-chemiczne mleka”, promotor prof. dr hab. Andrzej Zachwieja.

2007 - 2012

- Studia doktoranckie – Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt, Zakład Hodowli Bydła i Produkcji Mleka. **Doktor nauk rolniczych w dyscyplinie zootechnika**, 2012, praca

doktorską pt.: „Zmiany właściwości fizyko-chemicznych siary i mleka w stanach zapalnych gruczołu mlekowego krów w zależności od genetycznego polimorfizmu κ -kazeiny”. Promotor prof. dr hab. Andrzej Zachwieja.

2. INFORMACJE O DOTYCHCZASOWYM ZATRUDNIENIU W JEDNOSTKACH NAUKOWYCH

9.11.2009 - 31.09.2014

- Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Wydział Medycyny Weterynaryjnej, Katedra Biostruktury i Fizjologii Zwierząt, Zakład Fizjologii Zwierząt - ½ etatu, stanowisko: specjalista inżynieryjno-techniczny.

1.10.2013 - 31.09.2014

- Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Wydział Medycyny Weterynaryjnej, Katedra Biostruktury i Fizjologii Zwierząt, Zakład Fizjologii Zwierząt - ½ etatu asystenta oraz ½ etatu stanowisko: specjalista inżynieryjno-techniczny.

1.10.2014- 31.09.2015

- Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Wydział Medycyny Weterynaryjnej, Katedra Biostruktury i Fizjologii Zwierząt, Zakład Fizjologii Zwierząt – asystent.

1.10.2015 – do chwili obecnej

- Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Wydział Medycyny Weterynaryjnej, Katedra Biostruktury i Fizjologii Zwierząt, Zakład Fizjologii Zwierząt – adiunkt.

3. 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.).

3.1 TYTUŁ OSIĄGNIĘCIA NAUKOWEGO

Wpływ polimorfizmów pojedynczego nukleotydu (SNP) w wybranych genach na jakość biologiczną mleka owiec rasy Zošľachtená valaška..

3.2. PRACE WSKAZANE JAKO SZCZEGÓLNE OSIĄGNIĘCIE NAUKOWE

	Publikacje	IF	Punkty MNiSW/MEiN	Liczba cytowań
1	<p>Kowalewsk-Łuczak I., Czerniawska-Piątkowska E., Pecka-Kielb E. (2017). Investigation on relationships of the FABP3 and SLC27A3 genes with milk production traits in sheep. Journal of Elementology. 22(4): 1485-1493. DOI: 10.5601/jelem.2017.22.1.1406.</p> <p><i>Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na:</i></p> <ul style="list-style-type: none"> a) opracowaniu koncepcji badawczej, b) pobraniu materiału biologicznego, c) wykonaniu analiz mleka, d) interpretacji uzyskanych wyników, e) współautorstwie całości tekstu, f) redakcji manuskryptu po recenzjach. 	0,684	15	7
2	<p>Pecka-Kielb E., Czerniawska-Piątkowska E., Kowalewska-Łuczak I., Vasil M. (2018). Polymorphism in ovine ANXA9 gene and the physio-chemical properties and the fraction of protein in milk. Journal of the Science of Food and Agriculture. 98(14):5396-5400. DOI: 10.1002/jsfa.9081.</p> <p><i>Mój wkład w powstanie tego manuskryptu polegał na:</i></p> <ul style="list-style-type: none"> a) opracowaniu hipotez badawczych, 	2,422	35	4

	<ul style="list-style-type: none"> b) zaplanowaniu metodyki badawczej, c) wykonaniu analiz laboratoryjnych składu fizyko-chemicznego mleka oraz udziału frakcji białkowych w mleka, d) interpretacji wyników, e) zebraniu dostępnej literatury oraz przygotowaniu manuskryptu do druku, f) redakcji manuskryptu po recenzjach. 			
3	<p>Pecka-Kiełb E., Kowalewska-Łuczak I., Czerniawska-Piątkowska E., Zielak-Steciwo A.E. (2020). Effects of Single Nucleotide Polymorphisms in the SLC27A3 Gene on the Nutritional Value of Sheep Milk. Animals. 10, 562. DOI: 10.3390/ani10040562.</p> <p><i>Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na:</i></p> <ul style="list-style-type: none"> a) udziale w planowaniu koncepcji badań, b) zaplanowaniu metodyki badań, c) pobraniu materiału biologicznego, d) wykonaniu analiz laboratoryjnych i statystycznych, e) interpretacji wyników, f) napisaniu pracy, g) korespondencji z redakcją czasopisma. 	2,752	100	3
4	<p>Pecka-Kiełb E., Kowalewska-Łuczak I., Czerniawska-Piątkowska E., Króliczewska B. (2021). FASN, SCD1 and ANXA9 gene polymorphism as genetic predictors of the fatty acid profile of sheep milk. Scientific Reports. 11:23761. DOI.org/10.1038/s41598-021-03186-y.</p> <p><i>Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na:</i></p> <ul style="list-style-type: none"> a) współudziale w zaplanowaniu doświadczenia, b) pobraniu materiału biologicznego, c) wykonaniu analiz laboratoryjnych, d) opracowaniu części statystyki (korelacji), 	4,380	140	0

	e) interpretacji wyników, f) napisaniu manuskrypt, g) korespondencji z redakcją czasopisma, h) wykonaniu korekty artykułu wynikającej z przedstawionych recenzji.			
	Razem	10,238	290	14

Wartości punktowe MNiSW/MEiN oraz wartości wskaźników IF poszczególnych prac podano zgodnie z rokiem wydania publikacji. Liczbę cytowań podano według bazy Web of Science (z dnia 7 marca 2022 roku). Oświadczenia współautorów znajdują się w załączniku nr 5.

3.3. OMÓWIENIE OSIĄGNIĘCIA NAUKOWEGO

WSTĘP

Mleko jest podstawowym składnikiem diety człowieka. Charakteryzuje się bogatym składem i wartością odżywczą (Dixit i wsp. 2015). Produkcja mleka owczego stanowi 1,9% światowej produkcji mleka, jednak mleko owiec z uwagi na wysoki poziom tłuszczu i białka oraz właściwości organoleptyczne, jest doskonałym surowcem do produkcji serów (Mazinani i Rude 2020). W porównaniu z mlekiem krowim, w mleku owczym stwierdza się wyższą zawartość suchej masy, białka ogólnego, tłuszczu surowego, kazeiny i składników mineralnych. Mleko owcze zawiera więcej witamin rozpuszczalnych w wodzie, z uwagi na wyższy udział tłuszczu charakteryzuje się wyższą wartością energetyczną w porównaniu do mleka krowiego (Balthazar i wsp. 2017). Micele kazeinowe mleka owczego posiadają więcej wapnia w porównaniu do miceli mleka krowiego, są ponadto mniej uwodnione i bardziej stabilne cieplnie (Wendorff 2001). Zawartość białka, a zwłaszcza kazein w mleku warunkuje wydajność serowarską. Dodatkowo skład podstawowy mleka stanowi czynnik wpływający na cenę mleka (Oravcová i wsp. 2007). Profil kwasów tłuszczowych w wydzielinie gruczołu mlekowego owiec, charakteryzuje się nie tylko najwyższym poziomem sprzężonego kwasu linolowego wśród przeżuwaczy, ale także dużą ilością kwasu wakcenenowego, fizjologicznego prekursora CLA. Uważa się, że izomery CLA posiadają właściwości przeciwnowotworowe i lipolityczne (efekt utraty masy ciała). Ponadto w mleku owiec nie występują aglutyniny, co zapewnia lepszą jego strawność dla człowieka w porównaniu do mleka krowiego (Park i Pariza 2007; Olmedilla-Alonso i wsp. 2017). Jednak skład podstawowy mleka, udział frakcji białkowych, profil kwasów tłuszczowych jest zmienny

i determinowany zarówno przez czynniki środowiskowe jak i genetyczne (Dixit i wsp. 2015, Cividini i wsp. 2019).

Wzrost wydajności mlecznej oraz poprawa jakości produkowanego przez przeżuwacze mleka, jest efektem konsekwentnie prowadzonych prac hodowlanych. Skupienie nurtu hodowlanego na doskonaleniu cech funkcjonalnych przeżuwaczy użytkowanych w kierunku mlecznym, było możliwe dzięki zastosowaniu technik molekularnych, które umożliwiają identyfikowanie i mapowanie genów o znaczeniu ekonomicznym u zwierząt gospodarskich. Rozwój tych technik zapewnił nowe możliwości wykorzystania markerów w selekcji wspomaganej markerami, lub w selekcji wspomaganej genami w kierunku poprawy jakości cech ilościowych (Barillet i wsp. 2005, Barillet 2007).

Poza badaniami własnymi, analizę zależności pomiędzy polimorfizmem typu SNP w genach *ANXA9*, *SLC27A3* i *FABP3*, a cechami użytkowości mlecznej owiec, przedstawiono w jednej pracy Calvo i wsp. (2006), jednak prezentowane rezultaty dotyczą tylko wpływ genu *ANXA9*. W dostępnym piśmiennictwie opisane są głównie relacje między wieloma genami i polimorfizmami a cechami użytkowości mlecznej w odniesieniu do bydła mlecznego. U bydła stwierdzono zależność pomiędzy polimorfizmem w genie *ANXA9* a poziomem tłuszczu w mleku (Martinez-Royo i wsp. 2010, Kulig i wsp. 2013). Podobny trend odnotowano dla genu *FABP3*, odnotowano zmiany w zawartości tłuszczu oraz białka w mleku krów rasy Jersey (Kulik i wsp. 2010).

Owce rasy Zošľachtená valaška w Republice Słowackiej hodowane są głównie na obszarach podgórskich i górskich powyżej 750-800 m tj. w rejonach Orava, Liptov, Spiš i Gemer. Rasa ta powstała poprzez krzyżowanie lokalnych ras owiec włoskich z trykami ras Texel, Hampshire, Cheviot, Leicester i Lincoln. Prace hodowlane nad tą rasą trwały w latach 1950-1982, w celu poprawy zarówno cech użytkowości mlecznej, jak i mięsnej. Obecnie 128 930 zwierząt tej rasy jest hodowanych na Słowacji i stanowią największe źródło mleka owczego do produkcji serów regionalnych (Mačuhová i wsp. 2010; Kubovičová i wsp. 2020). Dla owiec rasy Zošľachtená valaška został opracowany program hodowlany oraz są one efektem celowego krzyżowania, dlatego są interesujące genetycznie w zakresie badań nad polimorfizmami genów determinujących produkcję mleka.

Prowadzenie badań genetycznych, w oparciu o wykorzystanie technik molekularnych, pozwoli na ustalenie zależności pomiędzy genotypem a jakością pozyskiwanego mleka, wzbogacając bazę informacji o tej rasie. Połączenie metod genetyki

molekularnej, których efektem jest określenie polimorfizmu genów oraz technik analitycznych, pozwoli na pełne wykorzystanie potencjału genetycznego zwierząt w celu uzyskania produktów o pożądanej, wysokiej wartości biologicznej.

CEL

Celem prezentowanego w procedurze postępowania habilitacyjnego osiągnięcia naukowego, było określenie wpływu polimorfizmu typu SNP w genach *ANXA9*, *SLC27A3* i *FABP3* na jakość biologiczną mleka w stadzie owiec rasy Zośłachtená valaška.

1. Kowalewska-Łuczak I, Czerniawska-Piątkowska E ✉, Pecka-Kiełb E. (2017). *Investigation on relationships of the FABP3 and SLC27A3 genes with milk production traits in sheep. Journal of Elementology.* 22(4), 1485-1493. DOI:10.5601/jelem.2017.22.1.1406
IF₂₀₁₇=0,684; Pkt. MNiSW₂₀₁₇ = 15; liczba cytowań = 7

Wewnątrzkomórkowe białka wiążące kwasy tłuszczowe (FABP), to białka cytoplazmatyczne, które są niezbędne do transportu i metabolizmu kwasów tłuszczowych w komórce (Lanier, Corl 2015). FABP może determinować wewnątrzkomórkowy poziom kwasów tłuszczowych, a tym samym wpływać na różne procesy komórkowe, w tym metabolizm lipidów (Calvo i wsp. 2002, Lanier, Corl 2015). Transport kwasów tłuszczowych wspomagany jest również przez grupę białek transportujących kwasy tłuszczowe (FATP), które są kodowane przez geny *SLC27A* (Anderson, Stahl 2013). Gen *FABP3* u owiec został zmapowany w chromosomie 2. i składa się z czterech eksonów rozdzielonych intronami. Gen *SLC27A3* zlokalizowany jest u owiec w chromosomie 1., składa się z 10 eksonów kodujących, rozdzielonych intronami i koduje białko liczące 680 aminokwasów (Calvo i wsp. 2002, 2006).

Podjęte badania miały na celu określenie częstości występowania alleli i genotypów w odniesieniu do polimorfizmów SNP genów SLC27A3 i FABP3, w stadzie owiec rasy Zośłachtená valaška oraz ustalenie możliwych związków między genotypami a cechami jakościowymi mleka owiec.

Badania przeprowadzono w stadzie owiec rasy Zośłachtená valaška będących w 2. i 3. laktacji. Próby mleka pobrano do sterylnych pojemników i przetransportowano do

laboratorium w temperaturze 4°C. W uzyskanych próbach określono skład podstawowy mleka, poziom mocznika oraz udział frakcji białkowych. W celu wykonania analizy DNA od zwierząt pobrano próby krwi obwodowej, z żyły szyjnej zewnętrznej, do probówek zawierających antykoagulant. Izolację DNA przeprowadzono przy użyciu komercyjnego zestawu MasterPure™.

Ustalono frekwencję najczęściej występujących alleli były następujące: *FABP3* SNP13 0,82; *SLC27A3* C/T 0,64; *SCL27A3* A/G 0,74. Relacje pomiędzy genotypami dla polimorfizmu *SLC27A3* C/T wykazały, że mleko owiec o heterozygotycznym genotypie, charakteryzowały się najniższą zawartością albuminy surowiczej, najwyższą zaś zawartością α i β – kazeiny. Analiza uzyskanych rezultatów dla polimorfizmu *SLC27A3* C/T pozwoliła na stwierdzenie, że w mleku zwierząt o homozygotycznym genotypie *TT* wykazano najniższą ($P \leq 0,05$) zawartość tłuszczu, białka i suchej masy oraz najwyższy udział laktozy.

Zawartość białka, tłuszczu, węglowodanów, udział frakcji białkowych, określa biologiczne i technologiczne właściwości mleka. W mleku ze względu na wydajność serowarską, pożądanym jest zwiększony udział κ -kazeiny przy jednocześnie niskim poziomie białek serwatkowych (Brophy i wsp. 2003). Dlatego można stwierdzić, że mleko pozyskiwane od owiec o polimorfizmie *SLC27A3* C/T w intronie 4 charakteryzuje się dobrymi parametrami technologicznymi i najwyższą przydatnością do produkcji serów.

2. **Pecka-Kiełb E**, Czerniawska-Piątkowska E ✉, Kowalewska-Łuczak I, Vasil M. (2018). *Polymorphism in ovine ANXA9 gene and the physio-chemical properties and the fraction of protein in milk*. **Journal of the Science of Food and Agriculture**. 98(14):5396-5400. DOI: 10.1002/jsfa.9081.

IF₂₀₁₈=2,422; Pkt. MNiSW₂₀₁₈ = 35; liczba cytowań = 4

Aneksyna 9 (ANXA9) należy do rodziny strukturalnie pokrewnych, wrażliwych na jony Ca^{2+} białek, które wiążą się z ujemnie naładowanymi fosfolipidami i tworzą specyficzne oddziaływania z innymi lipidami oraz mikrodomenami lipidowymi. Aneksyny obecne są we wszystkich komórkach eukariotycznych oraz posiadają wspólny element budowy tzw. „rdzeń aneksyny”, który zawiera miejsca wiązania dla jonów Ca^{2+} i dla błony cytoplazmatycznej (Monastyrskaya i wsp. 2009). Aneksyny biorą udział w przekazywaniu sygnałów, proliferacji komórki oraz regulacji transportu komórkowego (Gerke i Moss, 2002). ANXA9 uznana jest za szczególne białko w tej rodzinie, którego

aktywność nie jest regulowana przez jony Ca^{2+} (Goebeler i wsp. 2003). Gen kodujący aneksynę 9 zmapowano u owiec w chromosomie 1. (OAR1) między markerami mikrosatelitarnymi INRA006 i AE57 (Calvo i wsp. 2006). W regionie tym zmapowano *QTL* dla zawartości białka w mleku oraz wydajności mleka (Barillet i wsp. 2005; Calvo i wsp. 2004). Ekspresję genu *ANXA9* wykazano w różnych tkankach, między innymi w gruczole mlekowym (Calvo i wsp. 2006).

Podjęte badania miały na celu określenie frekwencji występowania alleli i genotypów w odniesieniu do SNP genu ANXA9 w stadzie owiec rasy Zośłachtená valaška oraz ustalenie zależności między genotypami a składem mleka owiec (skład podstawowy mleka, poziom mocznika oraz udział frakcji białkowych).

Badania przeprowadzono w stadzie owiec rasy Zośłachtená valaška. Od 50. owiec w zbliżonym przedziale wiekowym (1. i 2. laktacja), pod koniec pierwszego miesiąca laktacji (między 25. 30. dniem) pobrane zostały próby mleka. Od wszystkich zwierząt pobrano z żyły szyjnej zewnętrznej próby krwi obwodowej, w celu izolacji DNA. Analizę genotypów poszczególnych osobników przeprowadzono z wykorzystaniem metody PCR-RFLP. W próbach mleka określona została zawartość: tłuszczu, białka ogólnego, laktozy, suchej masy, mocznika. Ponadto dokonano analizy udziału poszczególnych frakcji białkowych mleka: serum albuminy, α + β - i κ -kazeiny, α -laktoalbuminy, wykorzystując metodę elektroforezy Laemmli'ego (1970) na żelu poliakrylamidowym w obecności siarczanu dodecylu sodu (SDS-PAGE) wg metodyki Pecka i wsp. (2012).

Analiza fragmentów restrykcyjnych produktów PCR o długości 675 par zasad trawionych endonukleazą *NlaIII* wykazała obecność wszystkich trzech możliwych genotypów: *GG* (252, 177,175,71 pz), *GA* (252, 248, 177,175,71 pz) i *AA* (252, 248, 175 pz). Analiza restrykcyjna po zastosowaniu enzymu *HinfI* pozwoliła na zidentyfikowanie również wszystkich trzech możliwych genotypów: *GG* (366, 162,147pz), *GC* (366, 227, 162,147,139 pz) i *CC* (227, 162, 147, 139). W przypadku zastosowania restryktazy *TruII* zidentyfikowano także wszystkie trzy możliwe genotypy: *CC* (450, 225 pz), *CA* (450, 389, 225, 61 pz) i *AA* (389, 225, 61 pz). Frekwencja najczęściej występujących alleli (MAF) dla poszczególnych badanych polimorfizmów *ANXA9* kształtowała się następująco: rs405239526 (c.172 + 181G > A): allel *G* 0,66; rs403938441 (c.173-27C > G): allel *G* 0,54; rs420293151 (c.267 + 103C > A): allel *C* 0,57. Analiza polimorfizmu rs405239526 (c.172 + 181G > A) pozwoliła na stwierdzenie, że w mleku zwierząt o genotypie heterozygotycznym *GA* wykazano najwyższą zawartość tłuszczu i suchej masy. Obserwowano wyższy ($P < 0,05$) udział κ – kazeiny w mleku w przypadku osobników o

genotypie homozygotycznym *AA*, w porównaniu do osobników o genotypach *AG* i *GG*. Dla polimorfizmu rs420293151 (c.267 + 103C > A) stwierdzono, że zwierzęta o genotypie *AA* odznaczały się niższym udziałem $\alpha + \beta$ – kazeiny w mleku niż owce o genotypie *CC* ($P < 0,05$) i *CA* ($P < 0,01$). Analiza udziału κ – kazeiny w mleku owiec pokazała, że mleko zwierząt o genotypie *AA* cechowało się wyższym ($P < 0,05$) udziałem tej frakcji niż mleku osobników o genotypie *CC*.

Mleko owcze było przedmiotem wielu badań określających właściwości fizykochemiczne oraz udział frakcji białkowych w mleku, w zależności od polimorfizmu α s1-, α s2-, β -, κ -kazeiny, *BLG*, *DGAT1*, *SBD1*, *SBD2* (Clément i wsp., 2006; Selvaggi i wsp., 2014; Nanekarani i wsp., 2016; Tolone i wsp., 2016). Calvo i wsp. (2006) odnotowali wpływ genu *ANXA9* na wydajność mleczną oraz poziom białka i tłuszczu w mleku owiec. Jednak w dostępnym piśmiennictwie nie napotkano wyników badań opisujących wpływu polimorfizmu w genie *ANXA9* na zawartość laktozy i mocznika oraz udział frakcji białkowych w mleku owiec. Przeprowadzone badania własne mogą być ważnym elementem selekcji do wykorzystania w programach hodowlanych owiec zapewniającym uzyskanie mleka o wysokiej jakości biologicznej mleka. Stwierdzono, że polimorfizm rs405239526 (c.172 + 181G > A) oraz rs420293151 (c.267 + 103C > A) genu *ANXA9* może być włączony do programów hodowlanych w celu uzyskaniu wyższego poziomu κ -kazeiny w mleku.

3. **Pecka-Kielb E.** ✉, Kowalewska-Łuczak I., Czerniawska-Piątkowska E., Zielak-Steciwo A.E. (2020). *Effects of Single Nucleotide Polymorphisms in the SLC27A3 Gene on the Nutritional Value of Sheep Milk*. **Animals**. 10, 562. DOI: 10.3390/ani10040562. IF₂₀₂₀=2,752; Pkt. MNiSW₂₀₂₀ = 100; liczba cytowań = 3

Rodzina genów - nośników substancji rozpuszczonych 27A (*SLC27A*) koduje białka (FATP), które wspomagają transport kwasów tłuszczowych. W komórce białka te mogą łączyć się z błonami plazmatycznymi i peroksysomalnymi. FATP 1-4 i -6 transportują średnio- i długołańcuchowe kwasy tłuszczowe, podczas gdy FATP5 transportuje długołańcuchowe kwasy tłuszczowe oraz kwasy żółciowe. FATP mogą znajdować się zarówno w błonie plazmatycznej, jak i w przestrzeni wewnątrzkomórkowej, pełniąc m.in. rolę aktywacji kwasów tłuszczowych (Anderson i Stahl 2013).

W piśmiennictwie dotyczącym zagadnień związanych z polimorfizmem w genie *SLC27A3* owiec nie ma doniesień na temat związków tego genu z profilem kwasów

tłuszczowych w mleku. Niewiele jest też badań odnoszących się do zależności pomiędzy jakością mleka owiec a SNPs w genie *SLC27A3*.

Dlatego też podjęto badania mające na celu identyfikację SNPs w genie SLC27A3 owiec rasy Zośłachtená valaška przy użyciu metody PCR-RFLP oraz przeprowadzono analizę zależności pomiędzy poszczególnymi genotypami wybranych substytucji a jakością technologiczną mleka.

Badania przeprowadzono w stadzie maciorek rasy Zośłachtená valaška będących w 1. i 2 laktacji oraz w zbliżonej fazie doju (25-30 dzień laktacji). Od owiec pobrano próby krwi obwodowej z żyły szyjnej zewnętrznej w celu izolacji DNA. Dodatkowo od zwierząt pobrano próby mleka do sterylnych pojemników. W pozyskanym mleku określona została zawartość: tłuszczu, białka ogólnego, laktozy, suchej masy, mocznika, udział frakcji białkowych oraz profil kwasów tłuszczowych.

Dla genu *SLC27A3* w przypadku polimorfizmu rs593410192 (c.1517T > A) wykazano, że mleko owiec homozygotycznych *TT* cechowało się wyższym ($P < 0,01$) poziomem tłuszczu, suchej masy oraz obniżonym poziomem laktozy w odniesieniu do mleka osobników o genotypach *AA* i *TA*. Stwierdzono, że polimorfizmy rs1090402056 (c.754G > T), rs600742549 (c.958G > C), rs593410192 (c.1517T > A) nie są związane z profilem frakcji białkowych w mleku u owiec.

LDL-C to cholesterol o niekorzystnym działaniu na układ sercowo-naczyniowy człowieka. Poziom kwasów SFA w diecie ludzi wpływa na wzrost tej frakcji cholesterolu we krwi. Nasycone kwasy tłuszczowe najsilniej wpływające na wzrost LDL-C to C12: 0> C14: 0> C16: 0) (Mensink i wsp. 2003, Siri-Tarino i wsp. 2015). Dla polimorfizmu rs1090402056 (c.754G > T) ogólny poziom nasyconych kwasów tłuszczowych w mleku owczym był wyższy ($P < 0,01$) w przypadku owiec o genotypie *TT*, niż u zwierząt z genotypem *GG*. Dodatkowo suma nasyconych kwasów tłuszczowych była mniejsza ($P < 0,05$) w mleku owiec z homozygotycznych *GG* niż u heterozygotycznych.

Mleko owiec bogate jest nie tylko w CLA, ale i w nienasycone kwasy tłuszczowe (UFA). Kwasy te w diecie człowieka mogą zapobiegać nowotworom, działać przeciwmiażdżycowo, przeciwcukrzycowo i przeciwpadaczkowo (Khanal i Dhiman 2004). Wraz ze wzrostem poziomu UFA obniża się poziom SFA w mleku (Correddu i wsp. 2016). Analiza polimorfizmu rs1090402056 (c.754G > T) wykazała, że mleko owiec o genotypie *GG* charakteryzowało się wyższym poziomem C18:1n9c, C18:1n7t i CLA niż mleko produkowane przez zwierzęta homozygotyczne *TT*. W przypadku polimorfizmu rs412479503 (c.1096A > C) w mleku owiec homozygotycznych *AA* stwierdzono wyższą

($P < 0,01$) zawartość kwasu C14:1 i niższy ($P < 0,01$) poziom CLA, w porównaniu ze zwierzętami o genotypie CC. Podobną zależność zaobserwowano dla kwasów C17:1 i C18:1n9c, w próbach mleka pobranych od zwierząt o genotypie AA stwierdzono wyższą ($P < 0,05$) zawartość tych kwasów tłuszczowych niż w mleku zwierząt o genotypie CC. Poziom CLA w mleku owiec homozygotycznych CC był wyższy ($P < 0,05$) w porównaniu do osobników heterozygotycznych. Sumaryczny udział nienasyconych kwasów tłuszczowych był znacznie wyższy ($P < 0,01$) w mleku zwierząt o genotypie CC niż w próbach mleka owiec o genotypach AA i AC. W mleku zwierząt heterozygotycznych zawartość UFA była wyższa ($P < 0,05$) w porównaniu do genotypu AA.

Przeprowadzona analiza pozwala na stwierdzenie, że mleko owiec homozygotycznych TT w przypadku polimorfizmu rs593410192 (c.1517T > A) charakteryzuje się pożądanym poziomem tłuszczu, białka i suchej masy. Wykazano, że mleko maciorek homozygotycznych GG dla polimorfizmu rs1090402056 (c.754G > T) oraz zwierząt homozygotycznych CC (rs412479503 c.1096A > C) charakteryzuje się najwyższym poziomem kwasów nienasyconych. W wydzielinie gruczołu mlekowego osobników homozygotycznych AA (rs412479503 c.1096A > C) odnotowano zwiększony poziom nasyconych kwasów tłuszczowych, przez co uzyskany produkt może mieć ograniczone wykorzystanie w diecie człowieka.

4. **Pecka-Kiełb E** ✉, Kowalewska-Łuczak I, Czerniawska-Piątkowska E, Króliczewska B. (2021). *FASN, SCD1 and ANXA9 gene polymorphism as genetic predictors of the fatty acid profile of sheep milk*. **Scientific Reports**. 11:23761. DOI.org/10.1038/s41598-021-03186-y.

IF₂₀₂₁=4,380; Pkt. MNiSW₂₀₂₁ = 140; liczba cytowań = 0

FASN jest wielofunkcyjnym białkiem warunkującym homeostazę energetyczną organizmu (Chirala i wsp. 2003). Aneksyna 9 (ANXA9) należy do białek wiążących fosfolipidy oraz Ca^{2+} , zaangażowana jest również w transporcie przez błonę cytoplazmatyczną (Calvo i wsp. 2006). Natomiast desaturaza stearoilo-CoA 1 (SCD1) jest kluczowym enzymem biorącym udział w metabolizmie lipidów gruczołu mlekowego i odpowiada za syntezę kwasów jednonienasyconych (Mele i wsp. 2007).

We wcześniejszych badaniach własnych analizowano wpływy różnych polimorfizmów typu SNP na skład podstawowy oraz udział frakcji białkowych w mleku owiec, jednak każdy wariant polimorfizmu rozpatrywany był rozdzielnie dla każdego z

genotypów *FASN*, *ANXA9* i *SCD1* (Kowalewsk-Łuczak i wsp. 2017, Pecka-Kiełb i wsp. 2018, Czerniawska-Piątkowska i wsp. 2021). Dlatego podjęto próbę określenia, który z badanych polimorfizmów ma bardziej znaczący wpływ na zmiany udziału kwasów tłuszczowych w mleku owiec. Dodatkowo owce rasy Zošľachtená valaška zaliczane są do rasy rodzimej lokalnej słowackiej, co otwiera perspektywy dla przyszłych programów selekcji i strategii ochrony zasobów genetycznych zwierząt.

W przeprowadzonych badaniach analizowano polimorfizmy SNP w genach ANXA9, FASN i SCD1, jako czynnik wpływający na profil kwasów tłuszczowych w mleku owiec rasy Zošľachtená valaška.

Badania przeprowadzono w stadzie owiec rasy Zošľachtená valaška będących w 1. i 2 laktacji (25-30 dzień laktacji). Od owiec pobrano próby krwi obwodowej z żyły szyjnej zewnętrznej w celu izolacji DNA. Pomiędzy 25. a 30 dniem laktacji od zwierząt pobrano próby mleka do sterylnych pojemników i określono w nim profil kwasów tłuszczowych.

Analiza statystyczna dla polimorfizmu *SCD1/Cfr13I* wykazała, że mleko osobników o genotypie homozygotycznym *AA* cechowało się niższym ($P < 0,05$) udziałem kwasów nasyconych: C4:0, C6:0, C8:0, C10:0, C12:0, C14:0 w porównaniu do prób mleka owiec o genotypach homozygotycznych *CC*. Natomiast mleko owiec o genotypie heterozygotycznym charakteryzowało się wyższym ($P < 0,05$) udziałem kwasu C13:0 w porównaniu do mleka owiec o genotypie *AA*. Stwierdzono wyższy ($P < 0,05$) całkowity poziom nasyconych kwasów tłuszczowych w mleku owiec homozygotycznych *CC* w porównaniu do osobników o genotypie homozygotycznym *AA*. Analiza polimorfizmu *SCD1/Cfr13I* pozwoliła na stwierdzenie, że udział kwasu C20:1 był niższy ($P < 0,05$) w mleku owiec o genotypach homozygotycznych *AA* w odniesieniu do osobników heterozygotycznych i homozygotycznych *CC*. Odnotowano wyższy ($P < 0,05$) poziom MUFA w mleku osobników homozygotycznych *AA* w porównaniu do homozygotycznych *CC*. Odwrotnie natomiast kształtowała się ta zależność dla kwasu C20:5n3. W mleku owiec homozygotycznych *AA* poziom tego kwasu okazał się niższy ($P < 0,05$) w porównaniu do mleka osobników o genotypie *CC*. Badany polimorfizm w genie *FASN* nie wpływał statystycznie na profil kwasów tłuszczowych w mleku owiec. Dla pozostałych nasyconych i nienasyconych kwasów tłuszczowych w mleku nie odnotowano statystycznego wpływu polimorfizmów genu *SCD1*.

Analiza polimorfizmu *ANXA9/NlaIII* pozwoliła na stwierdzenie, że udział kwasu 20:4n6 w mleku był niższy ($P < 0,01$) w mleku owiec o homozygotycznym genotypie *AA*

w odniesieniu do osobników o genotypach heterozygotycznych i homozygotycznych *GG*. W przypadku polimorfizmu *ANXA9/HinfI* wykazano, że mleko owiec o genotypie homozygotycznym *GG* cechowało się wyższym udziałem kwas C18:1n9t w porównaniu do prób mleka pozyskanego od zwierząt homozygotycznych *CC* ($P < 0,01$) i heterozygotycznych ($P < 0,05$). Podobnie, wyższy ($P < 0,05$) udział CLA stwierdzono w mleku osobników homozygotycznych *GG*, niż w mleku zwierząt heterozygotycznych. Dla polimorfizmu *ANXA9/Tru1I* stwierdzono, że mleko zwierząt o genotypie homozygotycznym *AA* charakteryzował niższy ($P < 0,05$) udział kwasu C18:1n9t w niż w mleku owiec heterozygotycznych oraz wyższy ($P < 0,05$) w porównaniu do mleka zwierząt homozygotycznych *CC*.

W przypadku polimorfizmu *SCD1/Cfr13I* zaobserwowano wzrost zawartości kwasu C20:5n3 w mleku owiec o genotypie homozygotycznym *CC*, przy niezmiennym poziomie kwasów n-6, co może powodować wzrost wartości stosunku kwasów (n-3) / (n-6), a w konsekwencji korzystne zjawisko. Analiza polimorfizmu *ANXA9/NlaIII* wykazała obniżenie poziomu kwasu C20:4n6 w mleku zwierząt homozygotycznych *AA*, co również można uznać za zjawisko korzystne. Suplementacja CLA w diecie zwierząt oraz człowieka wpływa na poprawę metabolizmu glukozy oraz lipidów w organizmie (Martín-González i wsp. 2020). W badaniach własnych zaobserwowano wzrost poziomu CLA w mleku owiec o genotypie *GG ANXA9/HinfI*.

Podsumowując uzyskane rezultaty można stwierdzić, że największe zmiany w profilu kwasów tłuszczowych uzyskano analizując polimorfizm *SCD1/Cfr13I*, a najmniej znaczące dla polimorfizmu *FASN/AciI*. Mleko pozyskane od owiec o genotypach homozygotycznych *AA (SCD1/Cfr13I)* charakteryzowało się pożądanym profilem kwasów tłuszczowych. Niewielkie zmiany w mleku owiec stwierdzono dla polimorfizmów w genie *ANXA9*. Dla polimorfizmu *ANXA9/NlaIII* (zwierzęta o genotypie *AA*) odnotowano obniżenie poziomu kwasu C20:4n6 w mleku, co jest korzystne. Stwierdzono również zmiany profilu kwasów tłuszczowych w mleku dla polimorfizmu *ANXA9/HinfI* (osobniki homozygotyczne *GG*). Mleko pozyskane od tych zwierząt charakteryzował wzrost poziomu kwasów C18:1n9t oraz CLA co jest zjawiskiem korzystnym, jednak równocześnie stwierdzono niepożądane zwiększenie udziału kwasu C18:0.

PODSUMOWANIE NAJWAŻNIEJSZYCH OSIĄGNIĘĆ WCHODZĄCYCH W SKŁAD CYKLU HABILITACYJNEGO

Parametry ilościowe oraz jakościowe mleka kontrolowane są przez szereg genów. Włączenie molekularnych markerów genetycznych w hodowli owiec może wpłynąć na poprawę jakości biologicznej pozyskiwanego surowca. Dlatego celem badań przedstawionych w ramach cyklu prac, wskazanych jako szczególne osiągnięcie w procedurze postępowania habilitacyjnego, było określenie wpływu polimorfizmów typu SNP w genach *ANXA9*, *SLC27A3* i *FABP3*, na jakość biologiczną mleka w stadzie owiec rasy Zošľachtená valaška.

Do najważniejszych osiągnięć przedstawionego cyklu habilitacyjnego, powiązanego tematycznie, należy zaliczyć:

- wykazanie, że mleko owiec o polimorfizmie *SLC27A3* C/T w intronie 4 charakteryzuje się dobrymi parametrami technologicznymi;
- stwierdzenie, że polimorfizm rs405239526 (c.172 + 181G > A) oraz rs420293151 (c.267 + 103C > A) genu *ANXA9* warunkuje wzrost poziomu κ-kazeiny w mleku owiec;
- propozycję uwzględnienia w programie hodowlanym owiec polimorfizm rs405239526 (c.172 + 181G > A) genu *ANXA9* w celu uzyskaniu mleka o zwiększonej wartości technologicznej;
- zaobserwowanie dla genu *SLC27A3* u owiec o genotypie homozygotycznym GG dla polimorfizmu rs1090402056 (c.754G > T) oraz u zwierząt homozygotycznych CC dla polimorfizmu rs412479503 (c.1096A > C) wzrostu poziomu nienasyconych kwasów tłuszczowych w mleku;
- stwierdzenie, że polimorfizmy rs1090402056 (c.754G > T); rs600742549 (c.958G > C), rs412479503 (c.1096A > C), rs593410192 (c.1517T >) A genu *SLC27A3* nie są związane z udziałem frakcji białkowych w mleku owiec;
- określenie wpływu polimorfizmu w genie *SLC27A3* na profil kwasów tłuszczowych w mleku owiec, które było jednym z pierwszych doniesień dotyczących tego zagadnienia;

- propozycja włączenia genotypu AA dla polimorfizmu *SCD1/Cfr13I* do programów hodowlanych i wykorzystania jako elementu selekcji w celu pozyskania mleka w o pożądanym profilu kwasu tłuszczowych i wysokiej wartości biologicznej.

W dostępnej literaturze niewiele jest badań opisujących zależności między wybranymi genotypami oraz wartość odżywczą mleka owczego. Prezentowane osiągnięcie może stanowić istotny wkład w rozwój programu hodowlanego owiec, ukierunkowanego na uzyskanie produktu mlecznego o zwiększonym poziomie κ -kazeiny oraz nienasyconych kwasów tłuszczowych.

4. INFORMACJA O WYKAZYWANIU SIĘ ISTOTNĄ AKTYWNOŚCIĄ NAUKOWĄ ALBO ARTYSTYCZNĄ REALIZOWANĄ W WIĘCEJ NIŻ JEDNEJ UCZELNI, INSTYTUCJI NAUKOWEJ LUB INSTYTUCJI KULTURY W SZCZEGÓLNOŚCI ZAGRANICZNEJ

W okresie od 6 października 2014 do 6 kwietnia 2015 odbyłam sześciomiesięczny staż na Uniwersytecie Medycyny Weterynaryjnej i Farmacji w Koszycach w Republice Słowackiej (*The University of Veterinary Medicine and pharmacy in Košice Department of Animal Husbandry, Institute of nutrition, dietetics and feed production*), w ramach projektu „Ustawiczne all inclusive”, współfinansowanego ze środków Unii Europejskiej w ramach Europejskiego Funduszu Społecznego - Kapitał Ludzki Narodowa Strategia Spójności. Moje kolejne wyjazdy na Uniwersytet w Koszycach odbyłam jeszcze trzykrotnie, w terminach: od 20.06. do 3.07.2019 (14 dni) oraz 4.02-23.02.2020 (14 dni) i 6.11-14.11.2021 (9 dni). Powyższe wyjazdy finansowane były z projektu wymiany bilateralnej Narodowej Agencji Wymiany Akademickiej (NAWA). Planowane są kolejne wyjazdy w ramach projektu Visegrad obejmującego pobyt w Republice Słowackiej oraz w Czechach (*University of Veterinary and Pharmaceutical Sciences Brno*) i na Węgrzech (*University of Veterinary Medicine*), jednak ze względu na sytuację epidemiologiczną zostały one przełożone na wiosnę 2022 roku.

W ramach współpracy z Uniwersytetem w Koszycach, trwającej już siedem lat, zajmowałam się głównie wpływem wybranych patogenów na zmiany właściwości fizykochemicznych mleka krów. Zebrałam również materiał do prac stanowiących szczególne

osiągnięcie w procedurze postępowania habilitacyjnego. Podczas stażu uczestniczyłam w badaniach obejmujących analizę wpływu drobnoustrojów z rodzajów *Streptococcus* oraz *Staphylococcus*, na zmiany składu i cech fizyko-chemicznych mleka krów. Stany zapalne gruczołu mlekowego (mastitis) to najczęściej występujące schorzenie krów mlecznych, które niesie ze sobą ogromne skutki ekonomiczne. Mastitis może być wynikiem infekcji różnymi gatunkami drobnoustrojów, głównie szczepów *Streptococcus* i *Staphylococcus* (Lidiane i wsp. 2012). Gronkowce kolagulazo-ujemne (CNS) takie jak: *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus chromogenes*, *Staphylococcus xylosus* i *Staphylococcus warneri* są najbardziej rozpowszechnioną grupą bakterii wywołujących subkliniczne stany zapalne gruczołu mlekowego krów (Rayala-Schultz i wsp. 2009, Sawant i wsp. 2009, Awale i wsp. 2012). Wraz z wzrostem liczby bakterii patogennych w mleku wzrasta liczba komórek somatycznych, zmieniają się również jego właściwości fizyko-chemiczne.

Zainfekowane bakteriami z rodzaju *Streptococcus* wymię może skutkować wydłużonym czasem koagulacji białek mleka oraz wyższym udziałem białek serwatkowych (Leitner i wsp. 2006). Wzrasta również wartość stosunku białek serwatkowych do kazein. Obserwowany wzrost przepuszczalności bariery krew-mleko w trakcie trwającego stanu zapalnego, skutkuje zwiększonym przepływem białek surowicy i enzymów krwi, co może prowadzić do proteolizy białek mleka (Forsbäck i wsp. 2004). Wiele szczepów bakterii posiada cechy psychrotrofów odpowiedzialnych za psucie produktów żywnościowych. Fermentują one laktozę i mogą wywołać fermentację pseudomlekową, niepożądaną w przemyśle serowarskim. Istnieje również liniowa zależność pomiędzy zawartością tłuszczu i białka w mleku a wydajnością produkowanego sera. Znaczący wpływ na ilość wytworzonego sera ma także poziom kwasowości (pH) oraz zawartość κ -kazeiny. Obecność patogenów, obniżony poziom kazein i pH, niska termostabilność, wysoki poziom mocznika w mleku, mogą skutkować wydłużeniem czasu tworzenia skrzepu, jego podwyższoną wilgotnością, obniżoną wydajnością serowarską, co w konsekwencji wiąże się z większymi stratami produkcyjnymi, wzrostem jej kosztów i ceny produktu końcowego.

Uzyskane w ramach prowadzonych wspólnie badań rezultaty opublikowano w postaci: sześciu prac w czasopismach znajdujących się w bazie JCR (Załącznik nr 4, pkt.II.4A :18; 19; 27; 28; 30; 33), czterech prac w czasopismach nie będących w bazie JCR, ale znajdujących się na liście Ministerstwa (Załącznik nr 4, pkt. II.4.B: 12; 15 -17), trzech rozdziałów w monografiach (Załącznik nr 4, pkt. II.2. 10-12), 14 doniesień konferencyjnych (Załącznik nr 4, pkt II. 5.2.: 56, 59, 62-65, 78, 84-86, 90-93), a obecnie

kolejne dwie prace są na etapie recenzji. Dodatkowo w ramach pobytu na Słowacji zebrałam materiał do badań określających zależność pomiędzy polimorfizmem typu SNP w wybranych genach a jakością biologiczną mleka owiec rasy Zošľachtená valaška. Wyniki zostały opublikowane w pięciu pracach, w czasopiśmie znajdujących się w bazie JCR (Załącznik nr 4, pkt I.1.1-4, II.4A 29) przy współpracy z Zachodniopomorskim Uniwersytetem Technologicznym w Szczecinie Wydziałem Biotechnologii i Hodowli Zwierząt oraz Zakładem Hodowli Bydła i Produkcji Mleka, Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu.

W 2019 roku nawiązałam współpracę z dr Alina Pikhtirova z Ukrainy (Department of Public Health, Sumy State University, Sumy), która odbywała w Zakładzie Fizjologii Zwierząt 4. tygodniowy staż naukowy. Dr Alina Pikhtirova kontynuowała wspólnie ze mną badania rozpoczęte na Słowacji. W wyniku współpracy została przygotowana jedna praca opublikowana w czasopiśmie znajdującym się w bazie JCR (Załącznik nr 4, pkt. 4A 28), jeden rozdział w monografii (Załącznik nr 4, pkt.II.2.9.) oraz dwa doniesienia konferencyjne (Załącznik nr 4, pkt. II.5.5.1.93-94), ponadto jedna praca jest obecnie w recenzji. Aktualnie przygotowaliśmy wniosek o projekt Narodowej Agencji Wymiany Akademickiej, w ramach wymiany bilateralnej.

Kolejny nurt badań realizowanych we współpracy z innymi jednostkami naukowymi dotyczy procesów fermentacji w żwaczu przeżuwaczy oraz jelicie ślepych zwierząt monogastrycznych.

Poznanie procesów fermentacji mikrobiologicznej zachodzącej w przewodzie pokarmowym zwierząt jest od lat przedmiotem wielu badań. Najważniejszą komorą fermentacyjną zwierząt monogastrycznych, do których zaliczamy również dziki, drób, króliki i zające to jelito ślepe. Stężenie końcowych produktów fermentacji bakteryjnej w jelicie grubym: lotnych kwasów tłuszczowych (LKT) oraz zawartość gazów, a szczególnie metanu, odzwierciedla aktywność mikroflory jelitowej, która warunkuje prawidłowy przebieg procesów zachodzących w tym odcinku przewodu pokarmowego (Fortun-Lamothe i Boullier, 2004).

Bez obecności rozwiniętej flory jelitowej o odpowiedniej strukturze poszczególnych drobnoustrojów, procesy trawienia, przemiany materii oraz aktywność układu odpornościowego nie mogłyby kształtować się i przebiegać właściwie. Enzymy trawienne produkowane przez mikroorganizmy pozwalają na usprawnienie trawienia składników pokarmowych, które bez ich udziału nie zostałyby wykorzystane (Barowicz, 2011). W badaniach własnych analizowano procesy fermentacji mikrobiologicznej zachodzącej w

jelicie ślepym i okrężnicy dzików żyjących w stanie wolnym, aktywność mikrobiologiczną w jelicie ślepym zajęcia szaraka (*Lepus europaeus*) w porównaniu do aktywności bakterii u królika (*Oryctolagus cuniculus*), oceniano także aktywność mikrobiologiczną w jelitach gęsi, kur oraz świadźników. Przy współpracy m.in. z Institute of Animal Science, Prague, Czech Republic, Katedrą i Kliniką Chirurgii, Wydział Medycyny Weterynaryjnej Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu, Zakładem Hodowli Drobiu, Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu oraz Katedrą Technologii Surowców Zwierzęcych i Zarządzania Jakością, Wydział Nauk o Żywności, Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu opublikowano prace przedstawione w załączniku nr 4, pkt. II 4A 14, 16,17, 20, 21.

Jakość technologiczna siary i mleka przeżuwaczy determinowana jest również przez produkty powstałe w procesach fermentacji treści pokarmowej przez mikroorganizmy w żwaczu. Najważniejszymi produktami fermentacji są: lotne kwasy tłuszczowe (LKT), amoniak i metan. Podstawowymi LKT są kwas octowy, kwas propionowy oraz kwas masłowy. LKT pokrywają ok. 80% potrzeb energetycznych przeżuwaczy (Heinhrisch i Varga 1996). Wraz z większą produkcją LKT, wydajność mleczna krów wzrasta. Poziom LKT skorelowany jest z poziomem długołańcuchowych rozgałęzionych kwasów tłuszczowych w mleku (Vlaeminck i wsp. 2006). Kwas propionowy powstający w żwaczu, transportowany jest do krwiobiegu, a następnie do wątroby, gdzie stanowi prekursor glukozy. Kwas propionowy wpływa również na ograniczenie rezerw tłuszczowych, zwiększa koncentrację trójglicerydów i insuliny, a także zmniejsza zagrożenie wystąpienia stłuszczenia wątroby. Kwas masłowy jest prekursorem energii i ciał ketonowych (Heinhrisch i Varga 1996). Amoniak produkowany w żwaczu, ze względu na toksyczność dla przeżuwacza, transportowany jest do wątroby i tam przekształcany w mocznik, którego część przedostaje się do mleka. Poziom mocznika w mleku determinuje jego jakość, a co za tym idzie przydatność technologiczną (Henao-Velásquez i wsp. 2014). Proces zwiększonej metanogenezy w żwaczu jest zjawiskiem niekorzystnym. Wysoka ilość emitowanego metanu powoduje straty energii, co skutkuje obniżeniem poziomu produkcji. Zmniejszone proporcje udziału kwasu octowego do propionowego wpływają na obniżenie produkcji metanu. Obecnie w rolnictwie panuje trend na wprowadzanie dodatków paszowych oraz pasz obniżających emisję metanu przy jednoczesnym zachowaniu fizjologicznego poziomu LKT (Yan i wsp. 2006, McGinn i wsp. 2009, Mišta i wsp. 2014, Pecka i wsp. 2015). Kolejnym wyzwaniem dla rolnictwa, przy obserwowanych zmianach klimatycznych, jest stosowanie w żywieniu krów pasz

produkowanych z roślin, które mają stosunkowo niskie wymagania klimatyczne i dobrze znoszą okresy suszy. Badania z tego zakresu realizowałam we współpracy z m.in.: Zakładem Hodowli Bydła i Produkcji Mleka, Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu, Katedrą Żywienia Zwierząt i Paszoznawstwa, Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu, Katedrą Upraw Roślin, Wydział Przyrodniczo-Technologiczny Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu (Załącznik nr 4, pkt. II4A: 12, 13, 23, 26, 31)

Łącznie podjęłam współpracę naukową z dwudziestoma dwoma jednostkami naukowymi w kraju i zagranicą, z którymi współpraca zaowocowała publikacjami w czasopismach znajdujących się w bazie JCR:

- Zakład Hodowli Bydła i Produkcji Mleka, Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu (Załącznik nr 4, pkt. II4A: 2-5, 8-10, 12-13, 18-19, 23-26);
- Katedra Żywienia Zwierząt i Paszoznawstwa, Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu (Załącznik nr 4, pkt. II4A: 9, 31, 32);
- Zakład Anatomii Zwierząt, Wydział Medycyny Weterynaryjnej Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu (Załącznik nr 4, pkt. II4A: 6-7, 15);
- Zakład Hydrobiologii i Akwakultury, Instytut Biologii, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu (Załącznik nr 4, pkt. II4A 4);
- Katedra Higieny Środowiska i Dobrostanu Zwierząt, Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt, Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu (Załącznik nr 4, pkt. II4A: 9, 12);
- Zakład Hodowli Drobiu, Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu (Załącznik nr 4, pkt. II4A 20);
- Institute of Animal Science, Prague, Czech Republic (Załącznik nr 4, pkt. II4A 14, 21);
- Katedra i Klinika Chirurgii, Wydział Medycyny Weterynaryjnej Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu (Załącznik nr 4, pkt. II4A 14);
- Katedra Żywienia Zwierząt i Gospodarki Paszowej, Wydział Hodowli i Biologii Zwierząt, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu (Załącznik nr 4, pkt. II4A 2,5);
- Wojewódzki Szpital Specjalistyczny we Wrocławiu, Ośrodek Badawczo Rozwojowy (Załącznik nr 4, pkt. II4A 11);

- Katedra Technologii Surowców Zwierzęcych i Zarządzania Jakością, Wydział Nauk o Żywności, Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu (Załącznik nr 4, pkt. II4A 16-17);
- Katedra Upraw Roślin, Wydział Przyrodniczo-Technologiczny Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu (Załącznik nr 4, pkt. II4A 31-32);
- Katedra Nauk o Zwierzętach Przeżuwających, Wydział Biotechnologii i Hodowli Zwierząt, Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie (Załącznik nr 4, pkt. I.2.2.1-4, II4A 29);
- Zakład Zaawansowanych Technologii Materiałowych, Wydział Chemiczny Politechniki Wrocławskiej (Załącznik nr 4, pkt. II4A 6-7,15);
- Department of Animal Breeding, University of Veterinary Medicine and Pharmacy, Slovak Republic (Załącznik nr 4, pkt. II.4A :18; 19; 27; 28; 30; 33);
- Clinical Laboratory for Large Animals, Faculty of Veterinary Medicine, University of Veterinary and Pharmaceutical Sciences, Brno, Czech Republic (Załącznik nr 4, pkt.II4A 18-19);
- Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie, Wydział Biotechnologii i Hodowli Zwierząt (Załącznik nr 4, pkt. I.2.2.1-4, II4A 29);
- Department of Public Health, Sumy State University, Sumy, Ukraine (Załącznik nr 4, pkt. II4A 28);
- Instytut Zootechniki i Rybactwa, Uniwersytet Przyrodniczo-Humanistyczny w Siedlcach (Załącznik nr 4, pkt. II4A 29);
- Zakład Biochemii Genetycznej Wydział Biotechnologii Uniwersytet Wrocławski (Załącznik nr 4, pkt.II4A 1,22);
- İstanbul University-Cerrahpaşa, Istanbul, Turkey (Załącznik nr 4, pkt.II4A 6-7,15);
- Katedra i Zakład Biologii i Botaniki Farmaceutycznej, Wydział Farmaceutyczny Gdański Uniwersytet Medyczny (Załącznik nr 4, pkt. II4A 22).

5. INFORMACJA O OSIĄGNIĘCIACH DYDAKTYCZNYCH, ORGANIZACYJNYCH ORAZ POPULARYZUJĄCYCH NAUKĘ

5.1. OSIĄGNIĘCIA DYDAKTYCZNE

Oprócz pracy naukowo-badawczej realizuję również działalność dydaktyczną. Prowadziłam jako doktorantka od 1.10.2008 do 31.09.2011 zajęcia ze studentami Wydziału Biologii i Hodowli Zwierząt, na kierunku zootechnika z następujących przedmiotów:

- Chów i Hodowla Bydła,
- Ocena surowców pochodzenia zwierzęcego,
- Towaroznawstwo surowców pochodzenia zwierzęcego,
- Podstawy analityki laboratoryjnej.

Obecnie realizuję zajęcia dydaktyczne na Wydziale Medycyny Weterynaryjnej z zakresu „Fizjologii zwierząt” na kierunkach:

- weterynaria,
- biologia,
- zootechnika,
- ochrona środowiska
- rolnictwo.

oraz na studiach podyplomowych „Pielęgniarstwo i chów zwierząt towarzyszących” na Wydziale Biologii i Hodowli Zwierząt.

Proces dydaktyczny realizuję w oparciu o nowoczesne metody, które na bieżąco aktualizuję i modyfikuję w oparciu o najnowsze trendy.

W trakcie swojej pracy byłam promotorem czterech prac magisterskich oraz trzech prac licencjackich na kierunku Biologia na Wydziale Biologii i Hodowli Zwierząt Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu. Funkcję recenzenta prac dyplomowych pełniłam łącznie dwa razy.

Tytuły prac magisterskich realizowanych pod moją opieką:

- 2014 r. - „Wpływ zastosowania w dawce pokarmowej zwiększonego udziału suszonego wywaru z kukurydzy (DDGS) w mieszance treściwej owiec na produkcję gazów w żwaczu w warunkach in vitro”.
- 2019 r. - „Metanogeneza i synteza lotnych kwasów tłuszczowych w żwaczu krów oraz zmienność tych procesów pod wpływem zakiszanych dodatków roślinnych”.
- 2020 r. - „Zmiany składu mleka krów oraz jakości cytologicznej w zależności od wyniku terenowego odczynu komórkowego (TOK)”.
- 2020 r. - „Wpływ *Staphylococcus warneri* na parametry fizyko-chemiczne mleka”

Tytuły prac licencjackich realizowanych pod moją opieką:

- 2017 r. - „Procesy zachodzące w żwaczu a skład mleka krów”.
- 2018 r. - „Dynamika procesów fizjologicznych w żwaczu krów w zależności od czasu fermentacji mikrobiologicznej- badania in vitro”.
- 2018 r. - „Zmienność procesów mikrobiologicznych zachodzących w przedżołądkach pod wpływem różnych substratów roślinnych”.

W 2017 przez okres 8 tygodni byłam opiekunem praktyk dwóch praktykantek ze studiów licencjackich na kierunku biologia. W roku 2019 (8 tyg.) oraz 2021 (2 tyg.) miałam pod swoją opieką kolejne dwie studentki biologii na praktykach zawodowych.

Od 1.10.2021 roku jestem opiekunem roku na kierunku Weterynaria.

Opieka merytoryczna związana z pobytem zagranicznego pracownika naukowego:

- PhD Iryna Kolomiets: Department of Normal and Pathological Physiology named after S.V. Stoianovskiy, Stepan Gzhytskyi National University of Veterinary Medicine and Biotechnologies Lviv –2018, 4 tygodnie;
- PhD Alina Pikhtirova: Department of Public Health, Sumy State University, Sumy, Ukraine-2019, 4 tygodnie;
- PhD Zigo František i PhD Ondrašovičová Silvia: Department of Animal Breeding, University of Veterinary Medicine and Pharmacy, Slovak Republic-2020, 1 tydzień.

5.2. OSIĄGNIĘCIA ORGANIZACYJNE

Członkostwo w Krajowych towarzystwach naukowych:

- członek Polskiego Towarzystwa Fizjologicznego (PTF).

Udział w pracach komitetów organizacyjnych:

- IX Międzynarodowa Konferencja Hodowla Bydła Mięsnego w Polsce - wyzwania i perspektywy dla Zielonej Doliny : Poświęcona pamięci Profesora Aleksandra Dobickiego ; Karpacz, Radomierz 10-12 września 2017r.

Udział w międzynarodowych oraz krajowych projektach badawczych:

12.04.2010 - 30.10.2011 Grant promotorski nr N311 632838 finansowany przez Narodowe Centrum Nauki (NCN): pt. „Zmiany właściwości fizyko - chemicznych mleka i siary w stanach zapalnych gruczołu mlekowego krów w zależności od genetycznego polimorfizmu κ -kazeiny”. Projekt naukowy realizowany w Zakładzie Hodowli Bydła i Produkcji Mleka, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu – **wykonawca.**

2010 - N311 266732 Grant MNiSW: pt. „ Wpływ żywienia w okresie zasuszenia na status metaboliczny i hormonalny, płodność oraz wyniki produkcyjne krów mlecznych” Projekt naukowy realizowany w Katedrze Żywienia Zwierząt i Gospodarki Paszowej Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu – **wykonawca.**

24.06.2011 - 23.08.2014 grant własny nr N N311 537540 finansowany przez Narodowe Centrum Nauki (NCN) pt ”Wpływ suszonego wywaru z kukurydzy na bilans kationowo-anionowy dawki pokarmowej w okresie zasuszenia, stan zdrowia krów i jakość siary oraz bierną odporność cieląt” Projekt naukowy realizowany w Zakładzie Hodowli Bydła i Produkcji Mleka, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu – **wykonawca.**

2014 / 2015 projekt B040/0121/14 pt.: „Wpływ zastosowania saponin na profil fermentacji *in vitro* w jelicie ślepy m gęsi” z dotacji celowej na prowadzenie badań naukowych lub prac rozwojowych oraz zadań z nimi związanych służących rozwojowi młodych naukowców – Projekt naukowy realizowany na Wydziale Medycyny Weterynaryjnej przy

współpracy z Zakładem Hodowli Drobiu na Uniwersytecie Przyrodniczym we Wrocławiu - **kierownik**.

2015 / 2016 projekt **B030/0035/15** pt. „Wpływu wybranych drobnoustrojów z rodzajów *Staphylococcus* i *Streptococcus* na zmiany fizyko-chemiczne oraz udział frakcji białkowych w siarce i mleku krów” z dotacji celowej na prowadzenie badań naukowych lub prac rozwojowych oraz zadań z nimi związanych służących rozwojowi młodych naukowców - Wydział Medycyny Weterynaryjnej Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu. Projekt naukowy realizowany przy współpracy z Zakładem Hodowli Bydła i Produkcji Mleka, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu – **kierownik**.

2016 / 2017 projekt **B030/0047/17** pt. „Wpływ kiszzonek z wybranych odmian sorgo na parametry fermentacji w żwaczu krów w warunkach *in vitro*” z dotacji celowej na prowadzenie badań naukowych lub prac rozwojowych oraz zadań z nimi związanych służących rozwojowi młodych naukowców - Wydział Medycyny Weterynaryjnej Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu. Projekt realizowany przy współpracy z Katedrą Upraw Roślin, Wydział Przyrodniczo-Technologiczny Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu – **kierownik**.

30.03.2020- 31.10.2022- Projekt **N050/0037/20** pt „Stany zapalne gruczołu mlekowego krów a jakość siary i poziom immunoglobulin” Projekt naukowy finansowany z dotacji celowej na Wydziale Biologii i Hodowli Zwierząt, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu – **wykonawca**.

20.06 - 31.07.2012 **WROVASC – Zintegrowane Centrum Medycyny Sercowo-Naczyniowej**. Projekt współfinansowanego przez Unię Europejską w ramach programu Innowacyjna Gospodarka. Pt „Ocena kurczliwości i właściwości elektrycznych tętniaków aorty brzusznej z wykorzystaniem metod *in vitro* i *in vivo* w materiale ludzkim i zwierzęcym” - **wykonawca**

1.11. 2018- 30.08.2019 – Udział w realizacji projektu „Aktywna Platforma Informacyjna e-scienceplus.pl” POPC.02.03.01-00-0010/16-00. Finansowanie - Fundusze Europejskie Polska Cyfrowa, Unia Europejska, Europejski Fundusz Rozwoju Regionalnego. W ramach projektu uczestniczyłam w powstawaniu platformy cyfrowej, Atlasu Zasobów Otwartej Nauki 2.0 (AZONE)- **wykonawca**

1.01.2019-30.06.2021 – NAWA Narodowa Agencja Wymiany Akademickiej nr umowy PPN/BIL/2018/1/00134/U/00001 pt. „Wpływ wybranych patogenów na zmiany fizykochemiczne mleka oraz status antyoksydacyjny u krów”. Projekt naukowy realizowany przy współpracy z Department of Animal Breeding, University of Veterinary Medicine and Pharmacy, Slovak Republic- **kierownik**.

2020-2022 Visegrad Fund, projekt finansowany przez Słowackie Ministerstwo Nauki: pt. „Czynniki determinujące występowanie zapalenia wymienia u bydła w gospodarstwach mlecznych położonych w marginalnych regionach” Projekt o charakterze naukowym przy współpracy Uniwersytetów na Słowacji, w Czechach, na Węgrzech oraz w Polsce - **wykonawca**.

Członek redakcji:

- 2018-2020 Redaktor: International Journal of Dairy Processing & Research - (IJ DPR); ISSN: 1471-0307;
- 2018-2020 Redaktor pomocniczy: International Journal of Zoology and Animal Biology (IZAB), Medwin Publishers ISSN :2639-216X, IF :1,7594;
- 2019 - obecnie członek redakcji: Bulletin of Sumy National Agrarian University. The series Veterinary.

Recenzowanie publikacji w czasopismach międzynarodowych i krajowych (łącznie 49 recenzji):

Czasopismo	Liczba recenzji
Folia Pomeranae Universitatis Technologiae Stetinensis Agricultura, Alimentaria, Piscaria et Zootechnica, Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny (IF = 0,0)	3 - 2015 r. ; 2 - 2017 r.
Innovative Food Science and Emerging Technologies (IF= 3,373)	1 - 2016 r.
Journal of Agricultural Science and Technology (IF 0,813)	1 - 2017 r.
International Journal of Zoology and Animal Biology (IF = 0,0)	1 - 2018 r. 1 - 2020 r.

Journal of Agricultural Science and Practice Biology (IF 0,0)	1 - 2018 r.
Mljekarstvo (IF=0,529)	1 - 2018 r.
Pakistan Journal of Zoology (IF=0,790)	1 - 2019 r.
International Journal of Advance Agricultural Research (IF 0,412)	1 – 2019 r.
Animals (IF= 2,323)	1- 2019 r. ; 10 - 2020 r. ; 8 - 2021 r. ; 2 - 2022 r.
Microorganisms (IF= 4,167)	1 - 2020 r.
Journal of microbiology, biotechnology and food sciences (IF= 0,0)	1 - 2020 r.
Foods (IF=4,35)	1 - 2020 r. ; 2 -2021 r.
Dairy (IF= 0,0)	1 - 2020 r. ; 2 -2021 r.
Animal Feed Science and Technology (IF=2,752)	1 - 2020 r.
Journal of Fungi (IF=4,621)	1 - 2020 r.
Scientific Reports (IF= 4,379)	1 - 2021 r.
Sustainability (IF=2,576)	1 - 2021 r.
Biology (IF=5,079)	1 - 2021 r.
Small Ruminants Research (IF=1,611)	1 - 2021 r.
Fermentation (IF=3,975)	1- 2022 r.

5.3 OSIAGNIĘCIA POPULARYZUJĄCE NAUKĘ

1. Seminarium - Perspektywy rozwoju chowu ekologicznego małych przeżuwaczy, referat pt. Hodowla owiec i kóz w gospodarstwie ekologicznym. Wrocław. 5.12. 2014. Dolnośląski Ośrodek Doradztwa Rolniczego we Wrocławiu.
2. Publikacje popularnonaukowe:
 - 2.1. Pecka E., Tumanowicz J., 2010: Czynniki warunkujące wydajność krów, skład mleka i jego jakość. Bydło nr 1/2010, 68-71.
 - 2.2. Mikołajczyk K., Pecka-Kiełb E. Źwacz źródłem jakości mleka krów oraz ich zdrowia. Część I.- 2019 agrFakt.pl.

- 2.3. Mikołajczyk K., Pecka-Kiełb E. Źwacz źródłem jakości mleka krów oraz ich zdrowia. Część II.- 2019 agrFakt.pl.
3. Od 2013 roku biorę udział jako członek jury w corocznym konkursie chemicznym w Zespole Szkoły Podstawowej nr 1 i Gimnazjum w Szynwałdzie k/Tarnowa „Z Chemią na Ty”.
4. Od kilku lat w okresie wakacyjnym, prowadzę zajęcia z dziećmi opierające się na poznawaniu chemii poprzez zabawę („Chata Małolata” – Wrocław Psie Pole).

6. PODSUMOWANIE ORAZ INFORMACJA BIBLIOMETRYCZNA

Podsumowanie:

- ✓ całość mojego dorobku naukowego obejmuje 55 oryginalnych prac, w tym 37 prac w czasopismach z listy Journal Citation Reports (JCR); 18 publikacji w czasopismach nieposiadających IF; 10 rozdziałów w monografiach. Łącznie przedstawiłam 86 komunikatów i referatów na zjazdach oraz konferencjach krajowych i międzynarodowych;
- ✓ łączna liczba punktów za publikacje naukowe wg listy MNiSW (z dnia 7.03.2022) wynosi 1699; sumaryczny współczynnik wpływu Impact Factor wg bazy JCR (zgodnie z rokiem opublikowania) wynosi 47,991; Index Hirscha wg Web od Science wynosi 7; liczba cytowań wg Web od Science wynosi 191, bez autocytowań 129 (z dnia 7.03.2022);
- ✓ czterokrotnie byłam kierownikiem w projektach naukowych;
- ✓ siedmiokrotnie byłam wykonawcą w projektach realizowanych we współpracy z naukowcami z innych ośrodków polskich oraz zagranicznych;
- ✓ łącznie podjęłam współpracy naukową z dwudziestoma dwoma jednostkami naukowymi w kraju i zagranicą, z którymi współpraca zaowocowała publikacjami w czasopismach znajdujących się w bazie JCR
- ✓ odbyłam 7 miesięczny staż zagraniczny;
- ✓ wykonałam 49 recenzji publikacji w czasopismach krajowych i międzynarodowych;
- ✓ jestem członkiem Polskiego Towarzystwa Fizjologicznego (PTF)
- ✓ uczestniczyłam w czterech programach europejskich;

- ✓ za swoją działalność naukową zostałam czterokrotnie nagrodzona nagrodą zespołową I stopnia JM Rektora Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu.

Szczegółowy wykaz osiągnięć naukowych przedstawiono w „Wykazie osiągnięć naukowych, stanowiących znaczny wkład w rozwój określonej dyscypliny”



UNIwersYTET
PRZYRODnicZY
WE WROCLAWIU

BIBLIOTEKA GŁÓWNA

Wrocław, 07.03.2022 r.

NOBG.0000.0177. 10.2022

Pani
dr inż. Ewa Pecka-Kiełb
Wydział Medycyny Weterynaryjnej
Katedra Biostruktury i Fizjologii Zwierząt

w/m

W odpowiedzi na Pani prośbę w Bibliotece Głównej UPWr wykonano analizę bibliometryczną Pani dorobku naukowego zgodnie z punktacją Ministerstwa Edukacji i Nauki, obecnością w Journal Citation Reports (JCR) oraz Scopus.

- łączna liczba punktów za wszystkie oceniane publikacje wynosi 1699:
 - liczba publikacji wyróżnionych w JCR wynosi 36, suma punktów – 1335,
 - liczba publikacji w czasopismach nieposiadających współczynnika IF wynosi 18, suma punktów – 268,
 - liczba autorstwa monografii i rozdziałów w monografiach wynosi 10, suma punktów – 96,
 - liczba referatów z konferencji i komunikatów zjazdowych wynosi 86.
- Sumaryczny wskaźnik Impact Factor (IF) wynosi 47,991.
- Liczba cytowań w bazie Web of Science Core Collection na dzień 07.03.2022 r. wynosi 191, bez autocytowań – 129.
- Indeks Hirscha w bazie Web of Science Core Collection wynosi 7.
- Liczba cytowań w bazie Scopus na dzień 07.03.2022 r. wynosi 202, bez autocytowań – 139.
- Indeks Hirscha w bazie Scopus wynosi 7.

Z poważaniem,

Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu
Biblioteka Główna
50-375 Wrocław, ul. C.K. Norwida 25

Zał.
Wykaz publikacji



UNIwersYTET PRZYRODnicZY WE WROCLAWIU
BIBLIOTEKA GŁÓWNA
ul. Norwida 29, 50-375 Wrocław
tel. 71 / 320 51 56; 71 / 320 54 49; 71 / 320 54 46
e-mail: informacja.naukowa@upwr.edu.pl • www.bibl.up.wroc.pl

7. LITERATURA

1. Anderson C.M., Stahl A. 2013. SLC27 fatty acid transport proteins. *Mol. Aspects Med.*, 34: 516-528.
2. Awale M.M., Dudhatra G.B., Avinash K., Chauhan B.N., Kamani D.R., Modi C.M., Patel H.B., O’Kennedy R. (2012) Bovine mastitis: a threat to economy. *Open Access Scientific Reports* 1, 295. doi:10.4172/scientificreports.295.
3. Balthazar C.F., Pimentel T.C., Ferrão L.L., Almada C.N., Santillo A., Albenzio M., Mollakhalili N., Mortazavian A.M., Nascimento J.S., Silva M.C., Freitas M.Q., Sant’Ana A.S. Granato, D., Cruz A.G. 2017. Sheep milk: physicochemical characteristics and relevance for functional food development. *Compr. Rev. Food Sci. Food Saf.*, 16: 247-262.
4. Barillet F. 2007. Genetic improvement for dairy production in sheep and goats. *Small Ruminant Res* 70:60.
5. Barillet F., Arranz J.J., Carta A. 2005. Mapping quantitative trait loci for milk production and genetic polymorphisms of milk proteins in dairy sheep. *Genet Sel Evol* 37:S109–S123.
6. Barowicz T. 2011. Competitive displacement of unfavorable microflora. *Hodowca Trzody Chlewnej* 2:1-3.
7. Brophy B., Smolenski G., Wheeler T., Wells D., L’huillier P., Laible G. 2003. Cloned transgenic cattle produce milk with higher levels of β -casein and κ -casein. *Nat. Biotechnol.*, 21: 157-162.
8. Calvo J.H., Martinez-Royo A., Beattie A.E., Dodds K.G., Marcos-Carcavilla A., Serrano M. 2006. Fine mapping of genes on sheep chromosome 1 and their association with milk traits. *Anim. Genet.*, 37: 205-210.
9. Calvo J.H., Vaiman D., Saïdi-Mehtar N., Beattie A., Jurando J.J., Serran M. 2002. Characterization, genetic variation and chromosomal assignment to sheep chromosome 2 of the ovine 1493 heart fatty acid-binding protein gene (FABP3). *Cytogenet. Genome Res.*, 98: 270-273.
10. Chirala S.S, Chang H, Matzuk M., Abu-Elheiga L, Mao J, Mahon K., Finegold M., Wakil S.J.2003. Fatty acid synthesis is essential in embryonic development: Fatty acid synthase null mutants and most of the heterozygotes die in utero. *Proc. Natl. Acad. Sci. U S A.* 100, 6358–6363.
11. Cividini A., Simčič M., Stibilj V., Vidrih M., Potočnik K. 2019. Changes in fatty acid profile of Bovec sheep milk due to different pasture altitude. *Animal* , 13: 1111-1118.
12. Clément P., Agboola S.O., Bencini R. 2006. A study of polymorphism in milk proteins from local and imported dairy sheep in Australia by capillary electrophoresis. *LWT-Food Sci Technol* 39:63–69.
13. Correddu F., Gaspa G., Pulina G., Nudda A. 2016. Grape seed and linseed, alone and in combination, enhance unsaturated fatty acids in the milk of Sarda dairy sheep. *J. Dairy Sci.* 99, 1725–1735.
14. Czerniawska-Piątkowska E., Kowalewska-Łuczak I., Pecka-Kiełb E., Banaszewska D. 2021. Effects of FASN and SCD gene polymorphism on the composition of sheep’s milk. *JAPS.* 31, 906–912.

15. Dixit S.P., Jayakumar Sivalingam Tyagi A.K., Saroha V., Sharma A., Nagda R.K. 2015. Association of novel SNPs in the candidate genes affecting caprine milk fatty acids related to human health. *Meta Gene* 4: 45-56.
16. Forsbäck L., Lindmark-Mansson H., Andrén A., Svennersten-Sjaunja K. 2010. Evaluation of quality changes in udder quarter milk from cows with low to- moderate somatic cell counts. *Animal* 4: 617-626.
17. Fortun-Lamothe L., Boullier S. 2004. Interactions between gut microflora and digestive mucosal immunity, and strategies to improve digestive health in young rabbits. Proc. 8th World Rabbit Congress, Puebla, Mexico: World Rabbit Sci Assoc 1035-1067.
18. Gerke V., Moss S.E. 2002. Annexins: from structure to function. *Physiol Rev* 82:331–371.
19. Goebeler V., Ruhe D., Gerke V., Rescher U. 2003. Atypical properties displayed by annexin A9, a novel member of the annexin family of Ca²⁺ and lipid binding proteins. *FEBS Lett* 546:359–364.
20. Heinrich J., Varga G. 1996. From Feed to Milk: Understanding Rumen Function, PART I: BACKGROUND IN BASIC NUTRITION OF DAIRY CATTLE
21. Henao-Velásquez A. F. , Múnera-Bedoya O. D. , Herrera A.C., Agudelo-Trujillo J.H. , Cerón-Muñoz M.F. 2014. Lactose and milk urea nitrogen: fluctuations during lactation in Holstein cows. *R. Bras. Zootec.*, 43(9):479-484.
22. Khanal and Dhiman, 2004 R.C. Khanal, T.R. Dhiman. Biosynthesis of conjugated linoleic acid (CLA): A review *Pak. J. Nut.*, 3 pp. 72-81.
23. Kowalewska-Łuczak I., Czerniawska-Piątkowska E., Pecka-Kiełb E. 2017. Investigation on relationships of the FABP3 AND SLC27A3 genes with milk production traits in sheep. *J. Elementol.* 22, 1485–1493.
24. Kubovičová E., Makarevich A.V., Baláži A., Olexíková L., Bauer M., Vašíček J., Ostró A. , Dragin S., Chrenek P. 2020. Protection and sustainability of Slovak animal genetic prosources in order to ensure the self-sufficiency in quality food in Slovakia. *J Microbiol Biotech Food Sci* 5: 1029-1033.
25. Kulig H., Kowalewska-Łuczak I., Wojdak-Maksymiec K., Kmiec M. 2010. ANXA9, SLC27A3, FABP3 and FABP4 single nucleotide polymorphisms in relation to milk production traits in Jersey cows. *Czech J. Anim. Sci.*, 55: 463-467. <http://www.agriculturejournals.cz/publicFiles/30925.pdf>
26. Kulig H., Kowalewska-Łuczak I., Żukowski K., Kruszyński W. 2013. FABP3, FABP4 and ANXA9 SNP genotypes in relation to breeding values for milk production traits in Polish Holstein Friesian cows. *Russ. J. Genet.*, 49: 852-856.
27. Laemmli U.K. 1970. Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of bacteriophage T4. *Nature* 227:680–685.
28. Lanier J.S., Corl B.A. 2015. Challenges in enriching milk fat with polyunsaturated fatty acids. *J. Anim. Sci. Biotechnol.*, 6: 26.
29. Lidiane C.S., Pereira I.A., Pribul B.R., Oliva M.S., Coelho S.M., Souza M.M. 2012. Antimicrobial resistance and detection of *mecA* and *blaZ* genes in coagulase-negative *Staphylococcus* isolated from bovine mastitis. *Pesq Vet Bras* 32: 692-696.

30. Martínez-Royo A, Ordovas L, Zaragoza P, Altarriba J, Serrano M, Rodellar C. 2010. The bovine annexin 9 gene (ANXA9) is significantly associated with milk-fat yield in a Spanish Holstein–Friesian population. *Res Vet Sci* 88:452–455.
31. Martín-González M.Z, Palacios H., Rodríguez M.A., Arola L., Aragonès G., Muguerza B. 2020. Beneficial Effects of a Low-dose of Conjugated Linoleic Acid on Body Weight Gain and other Cardiometabolic Risk Factors in Cafeteria Diet-fed Rats. *Nutrients*. 12: 408.
32. Mazinani M., Rude B. 2020. Population, World Production and Quality of Sheep and Goat Products *American Journal of Animal and Veterinary Sciences*. 15, 4: 291.299.
33. McGinn S. M., Chung Y.-H., Beauchemin K. A., Iwaasa A. D., Grainger C. 2009. Use of corn distillers' dried grains to reduce enteric methane loss from beef cattle, *Can J. Anim. Sci.*, 89: 409 – 413.
34. Mele M., Conte G., Castiglioni B., Chessa S., Macciotta N.P.P., Serra A., Buccion A, Pagnacco G., Secchiari P. 2007. Stearoyl-coenzyme A desaturase gene polymorphism and milk fatty acid composition in Italian Holsteins. *J. Dairy Sci.* 90, 4458–4465.
35. Mensink R. 2016. Effects of Saturated Fatty Acids on Serum Lipids and Lipoproteins: A Systematic Review and Regression Analysis; World Health Organization: Geneva, Switzerland.
36. Mensink R.P., Zock P.L., Kester A.D., Katan M.B. 2003. Effects of dietary fatty acids and carbohydrates on the ratio of serum total to HDL cholesterol and on serum lipids and apolipoproteins: A meta-analysis of 60 controlled trials. *Am. J. Clin. Nutr.* 77, 1146–1155.
37. Mišta D., Pecka E., Zachwieja A., Zawadzki W., Bodarski R., Paczyńska K., Tumanowicz J., Kupeczyński R., Adamski M. 2014. In Vitro Ruminant Fluid Fermentation as Influenced by Corn-Derived Dried Distillers' Grains with Solubles, *Folia Biologica Krakow*, Volume 62, Number 4, pp. 345-351.
38. Monastyrskaya K., Babiychuk E.B., Draeger A. 2009. The annexins: spatial and temporal coordination of signaling events during cellular stress. *Cell Mol Life Sci* 66:2623–2642.
39. Msčuhová L., Msčuhová A., Uhirinčat M., Tančín V. 2010. Milk flow kinetics in tsigau and improved valachian ewes as in important milkability trait. *Slovak J. Anim. Sci.*, 43, 2: 100 – 104.
40. Nanekarani S., Kolivand M., Goodarzi M. 2016. Polymorphism of a mutation of DGAT1 gene in Lori sheep breed. *J Adv Agric Technol* 3:39–41.
41. Olmedilla-Alonso B., Nova-Rebato E., García-González N., Ana-Belén Martín-Diana, Fontecha J., Delgado D., Gredilla A.E, Bueno F., Asensio-Vegas C. 2017. Effect of ewe's (semi-skimmed and whole) and cow's milk yogurt consumption on the lipid profile of control subjects: a crossover study *Food Nutr Res*. 61(1): 1391669.
42. Oravcová M., Margetín M., Peškovičová D., Daňo J., Milerski M., Hetényi L., Polák P. 2007. Factors affecting ewe's milk fat and protein content and relationships between milk yield and milk components *Czech J. Anim. Sci.*, 52,7: 189–198.
43. Park YW., Pariza MW. 2007. Mechanisms of body fat modulation by conjugated linoleic acid (CLA). *Food Res Int.* ;40:311–323.
44. Pecka E, Dobrzanski Z, Zachwieja A, Szulc T., Czyż K. 2012. Studies of composition and major protein level in milk and colostrum of mares. *Anim Sci J* 83:162–168.

45. Pecka-Kiełb E., Czerniawska-Piątkowska E., Kowalewska-Łuczak I., Vasil M. 2018. Polymorphism in ovine ANXA9 gene and physico-chemical properties and the fraction of protein in milk. *J Sci Food Agric.* 14 :5396-5400.
46. Pecka-Kiełb E., Zawadzki W., Zachwieja A., Michel O., Mazur M., Miśta D. 2015. In vitro study of the effect of corn dried distillers grains with solubles on rumen fermentation in sheep. *Polish Journal of Veterinary Sciences* 18 (4), 751-758.
47. Rajala-Schultz P.J., Torres A.H., Degraives F.J., Gebreyes W.A., Patchanee P. 2009. Antimicrobial resistance and genotypic characterization of coagulase-negative staphylococci over the dry period. *Vet Microbiol* 134: 55–64.
48. Sawant A.A., Gillespie B.E., Oliver S.P. 2009. Antimicrobial susceptibility of coagulase-negative Staphylococcus species isolated from bovine milk. *Vet Microbiol* 134: 73-81.
49. Selvaggi M., Laudadio V., Dario C., Tufarelli V. 2014. Investigating the genetic polymorphism of sheep milk proteins: a useful tool for dairy production. *J Sci Food Agric* 94:3090–3099.
50. Siri-Tarino P.F., Chiu S., Bergeron N., Krauss R.M. 2015. Saturated fats versus polyunsaturated fats versus carbohydrates for cardiovascular disease prevention and treatment. *Annu. Rev. Nutr.* 2015, 35, 517–543.
51. Tolone M., Mastrangelo S., Di Gerlando R., Suter A.M., Monteleone G., Sardina M.T. 2016. Association study between β -defensin gene polymorphisms and mastitis resistance in Valle del Belice dairy sheep breed. *Small Ruminant Res* 136:18–21.
52. Vlaeminck B., Fievez V., Tamminga S., Dewhurst R.J., Vuuren A., Brabander, D. De. Demeyer D. 2006. Milk Odd- and Branched-Chain Fatty Acids in Relation to the Rumen Fermentation Pattern. *Journal of Dairy Science* Volume 89, Issue 10, 3954–3964.
53. Wendorff W.L. 2001. Freezing qualities of raw ovine milk for further processing. *J. Dairy Sci.*, 84: E74–E78.
54. Yan T, Mayne S, Porter MG. 2006. Effects of dietary and animal factors on methane production in dairy cows offered grass silage-based diets. *Int Congr Ser* 1293:123–126.

28.04.2022

Ewa Pecka-Kiełb

.....
(podpis wnioskodawcy)