

**Ocena rozprawy doktorskiej magister inż. Agaty Drywa
pt: „Polimorfizm pojedynczych nukleotydów w dzikich i hodowlanych
populacjach troci wędrownej (*Salmo trutta m. trutta*) w Polsce:
zróżnicowanie w czasie i przestrzeni”**

Single nucleotide polymorphism in Polish wild and hatchery populations of sea trout
(*Salmo trutta m. trutta*): differentiation in space and time

Oceniana rozprawa składa się z sześciu rozdziałów (Wstęp, Cele pracy, Materiały i metody, Wyniki, Dyskusja, Wnioski); całość poprzedzają: Wykaz stosowanych skrótów, Streszczenie oraz Abstract; po właściwych częściach pracy następują: „Literatura” (264 pozycje, większość w języku angielskim) oraz trzy Załączniki. Cała rozprawa liczy 148 stron maszynopisu.

Wykaz stosowanych terminów

Potrzebna, pożyteczna część pracy; Autorka prawidłowo przytacza skrót i pełną nazwę terminu w języku angielskim przy okazji pierwszego przywołania danego terminu w tekście.

Streszczenie

Zawiera mało faktów zreferowanych w samej pracy. Pierwsza część jest słabo lub wcale niezwiązana z główną tematyką pracy, a pozbawione konkretnych danych ostatnie zdanie jest właściwie niezrozumiałe.

Abstract

Jest to Streszczenie przetłumaczone na język angielski. Tymczasem streszczenie jest inną formą przedstawiania zawartości pracy niż abstrakt. Abstrakt, jedyna część pracy często publikowana oddzielnie w wydawnictwach pochodnych (takich jak bazy danych i podobne) powinien być zredagowany jako jeden akapit tekstu, powinien zawierać określenie celu pracy i wybranej metody rozwiązywania postawionego problemu oraz przytaczać główne wyniki pracy i najważniejszy (-e) wniosek (-ki). Streszczenie i Abstract ocenianej rozprawy są czymś pośrednim i nie spełniają poprawnie ani roli streszczenia ani abstraktu pracy.

Wstęp

Zbyt obszerny (29 stron), przede wszystkim w tym sensie iż szereg poruszanych w nim zagadnień nie wiąże się bezpośrednio z przedmiotem rozprawy. Zaliczam do nich na przykład większość podrozdziału „3.1 Wprowadzenie”, na pewno podrozdziały 3.1.1, 3.1.2 i 3.1.3, a także znakomitą większość tekstu podrozdziałów „3.4.1 Rzeki” i „3.4.2 Hodowle”, które zawierają informacje podręcznikowe albo niezwiązane z tematem badań albo po prostu zbędne. Czasem Autorka niepotrzebnie zajmuje się tu sprawami których nie zgłębiała. Na przykład na stronie 10. w jednym akapicie komentuje dwa różne problemy w taki sposób, jak gdyby chodziło o postępy badań jednego aspektu ewolucji łososiowatych. „Wcześniej zakładano, iż łososiowate oddzieliły się od tetraploidalnego przodka 25-100 milionów lat temu (Allendorf i Thorgaard, 1984). Obecnie uważa się, iż rodzaj *Salmo* i *Oncorhynchus* rozdzieliły się między 13,9 a 20 milionów lat temu (Wilson i Turner, 2009).” Otóż poglądy Allendorfa (i wielu innych) dotyczą powstania wspólnego przodka dzisiejszych Salmonidae na drodze aktu autotetraploidyzacji; jak dotąd na ogół zgadzamy się że stało się to właśnie 25-100 milionów lat temu. Natomiast drugie zacytowane zdanie Autorki dotyczy późniejszej ewolucji i „wewnętrznego” różnicowania się Salmonidae. Jest to osobna sprawa, nie będąca w konflikcie z poglądem na temat samego powstania Salmonidae. Całość Autorka zilustrowała Rysunkami 1. i 2. o tak złej jakości, że w przypadku Rysunku 1. niemal niemożliwe jest jego odczytanie (złej jakości są też: Rysunek na stronie 27. i 28. (dolny rysunek), Rysunek 19., 22. i szereg innych, natomiast Rysunek 16., 20. i 24. zawierają nieprawdziwe obrazy troci. Wszystko to trzeba złożyć na karb niestarannej pracy edytorskiej Autorki.

Podrozdział „3.2 Markery SNP”, choć oczywiście potrzebny, jest zbyt długi i nieudolnie zredagowany. Na przykład właściwie cała strona 25. to jeden akapit tekstu, w którym znajduje się (rekordowe) zdanie zajmujące 9 wierszy i przywołujące 10 pozycji literatury (podobny akapit znajduje się na stronach 29.+30. Taki styl pisarski bardzo utrudnia czytanie i zrozumienie pracy oraz obniża jej jakość (ze szkodą dla Autorki rozprawy).

Podrozdział „3.3 Metody genotypowania” jest dla mnie jako recenzenta rozprawy trudny. Nigdy nie poznałem metody SNP ani w sensie koncepcyjnym ani podczas pracy laboratoryjnej. Nie znam też procedury matematycznego opracowywania wyników badań SNP. Wszystko co dotyczy samej metody, uzyskanych wyników badań oraz ich interpretacji rozumiem raczej intuicyjnie, odnosząc

przytoczone w rozprawie informacje do mojej („wcześniejszej”) wiedzy na temat populacyjnej genetyki ryb. Nie można więc wykluczyć, że niektóre ważne fragmenty rozprawy mogłem ocenić ze znaczną dozą ogólności.

Podrozdział „3.3 Metody genotypowania” powinien, moim zdaniem, znaleźć się raczej w rozdziale „Materiały i metody”. Ogólnie układ części pracy jest chyba trochę niedopracowany, skoro Autorka odwołuje się nieraz do wcześniejszych stronic rozprawy (na stronach: 40., 41., 42., 46., 50., 55.) a nawet do stronic mających dopiero nastąpić (na stronach 71. i 74.). Może to wynik jakiegoś pośpiechu, ale na pewno nie ułatwia zrozumienia rozprawy.

Także polszczyzna naukowa rozprawy pozostawia wiele do życzenia. Praca zawiera, niestety, wiele lapsusów językowych. Na przykład na stronie 12. „Morfologicznie pstrąg tęczowy zbliżony jest do troci (kształt ciała, tempo wzrostu, habitat)”. Są też niefortunne wyrażenia, na przykład na stronie 34. „...działalność antropogeniczna...”. Zdarza się chropawy żargon laboratoryjny (legenda Rysunku 20. „Selekcja outlierowych loci” – nawet nie wiem jak to po polsku wymówić, a jest ładny termin „locus (-i) odstający (-e)”). W całej rozprawie Autorka wielokrotnie używa słowa „natywny”, zazwyczaj w niewłaściwy sposób. To raczej nieużywane w języku polskim słowo razi i utrudnia czytanie pracy. Zapożyczone z języka angielskiego w znaczeniu, na przykład, „a native German” (Collins 2009), czyli osoba urodzona jako Niemiec, osoba urodzona w Niemczech. W tym sensie można, sądzę, pisać „natywna troć Wisły”, ale że Wisła jest natywną rzeką troci to już chyba nie. Najpierw była rzeka (Wisła), a później zasiedliły ją ryby (trocie). O ileż łatwiej i ładniej byłoby pisać i czytać o rodzimych trociach Wisły (czasem Autorka stosuje w rozprawie to sformułowanie).

Są też sprawy nieco poważniejsze. Okazuje się, że my, genetycy, nie utworzyliśmy powszechnie akceptowanego polskiego słowa, określającego fotografię (ilustrację) żelu elektroforetycznego. Różne źródła proponują: w języku polskim elektroforetogram, elektroforegram (jak elektrokardiogram), w języku angielskim electrophoregram, electropherogram. Rozumiem, że to sprawy drobne, kwestie estetyki wypowiedzi, ale jednak te drobiazgi zajmują uwagę, rozpraszają i męczą czytelnika, a w rezultacie szkodzą komunikacji naukowej i obniżają ocenę dzieła. Dlatego warto pracować nad doskonaleniem stylu pisarstwa naukowego. Te ostatnie uwagi kieruję przede wszystkim nie do Autorki rozprawy ale do nas, profesorów. Nie uczymy profesjonalnego pisarstwa naukowego prawie nigdzie i prawie wcale. Za mało też

pracujemy nad tworzeniem poprawnej, polskojęzycznej nomenklatury naukowej. Naukowy język polski po prostu nie nadąża za postępami nauki światowej, która obecnie uniwersalnie posługuje się językiem angielskim. W rezultacie młodzież naukowa często nie ma wyboru, i starając się uczestniczyć w rozwoju nauki jest skazana na zapożyczenia z języka angielskiego.

Wreszcie trochę o poważnych sprawach językowych. W bardzo wielu miejscach rozprawy (między innymi już w Streszczeniu/Abstrakcie) Autorka przywołuje wskaźnik F_{ST} , który nie został umieszczony w „Wykazie stosowanych skrótów”, a po raz pierwszy znalazłem jego słowne określenie na 74. stronie rozprawy. Nierzadko w ocenianej rozprawie wskaźnik F_{ST} występuje w kontekście, którego nie rozumiem (prawdopodobnie częściowo ze względów nomenklaturowych). Istnieje szereg zastosowań wskaźników oznaczanych jako F_{ST} , trzeba więc w każdym przypadku starannie opisywać, o którym z tych zastosowań mowa.

Zauważyłem też, iż Autorka dość swobodnie używa terminu „populacja”, czasem nazywając tak nawet niewielką próbkę ryb wziętych ze stada czy populacji. Na stronie 16. przywołuje Autorka (bardzo ładnie napisaną) publikację Roberta D. Ward (2006). To znakomity przykład prawidłowego informowania czytelnika o rodzaju badania i znaczeniu jego wyniku: „Wielkość zróżnicowania genetycznego pomiędzy próbkami albo populacjami może zostać oszacowana ilościowo dzięki użyciu F_{ST} Na przykład wartość F_{ST} równa 0,06 oznacza, że 6% stwierdzonej zmienności wynika z różnic między-populacyjnych a 94% wynika ze zróżnicowania wewnątrz-populacyjnego.” [tłumaczenie: MŁ].

Zamieszczona w publikacji Warda (2006) Tabela 1 zawiera zestawienie grup badanych gatunków zwierząt, oznaczoną dla nich H_T (heterozygotyczność całkowita), H_S (heterozygotyczność subpopulacji albo próby) oraz F_{ST} . Nawet prowizoryczne (zgrubne) obliczenie F_{ST} [$F_{ST}=(H_T-H_S):H_T$] (Hartl 1980) pomaga zrozumieć sens wskaźnika F_{ST} jako miary genetycznego zróżnicowania populacji rozmaitych gatunków zwierząt oraz jego związek ze wskaźnikami heterozygotyczności. Myślę że podobne opisy sytuacji, w których Autorka posłużyła się wskaźnikiem F_{ST} , bardzo wzmocniłyby dowodową część rozprawy. Proszę Autorkę by podczas odpowiedzi na recenzje zechciała zdefiniować używane w rozprawie pojęcia: populacja, subpopulacja, próba, osobniki; proszę też opisać znaczenie (sens) i sposób obliczania wskaźników F_{ST} występujących w różnych częściach rozprawy (Pytanie nr 1).

Cele pracy

Są wyraźnie wyodrębnione i zdefiniowane, chociaż trochę zabrakło Autorce precyzji; można było wymienić badane gatunki ryb (Cel 1.), zaznaczyć że badane będą różnice genetyczne między stadami troci zaliczanymi do troci pomorskiej i wiślanej (Cel 2.) i napisać jakie zmiany struktury genetycznej populacji troci będą badane (Cel 3.).

Materiały i metody

Rozdział napisany szczegółowo i kompetentnie, składa się z trzech części, odpowiadających trzem zadaniom badawczym: „5.1 Różnicowanie trzech gatunków ryb łososiowatych...”, „5.2 Opracowanie markerów różnicujących populacje ... troci wędrownej...” oraz „5.5 Analiza struktury genetycznej populacji troci wędrownej...”. Rysunki 11. i 13. są moim zdaniem zbędne (i właściwie takie same). Podrozdziały „Analizy statystyczne” są przedstawione szczegółowo, chociaż tutaj moja ocena jest w znacznej mierze intuicyjna z powodu braku osobistego doświadczenia w badaniu SNP.

W tym miejscu, właśnie licząc się z moimi ograniczonymi kompetencjami w ocenie badań SNP, poruszę sprawę powszechnego ostatnio przywoływania nazw oprogramowania, którego autorzy używają do matematycznego opracowania wyników badań. Zaznaczam przy tym z całą mocą, że poniższego nie kieruję w stronę Autorki rozprawy, której umiejętności w zakresie posługiwania się „aparatem matematycznym” są nieporównanie większe od moich. Chodzi mi o zwrócenie naszej uwagi na potencjalnie nieprzyjemne zjawisko „powierzania” obliczeń komputerowi i akceptacji wyników tych obliczeń. Nierzadko towarzyszy temu ograniczone rozumienie zarówno algorytmów jak i biologicznego sensu uzyskanych wskaźników. Autorka ocenianej rozprawy cierpliwie i wyczerpująco opisuje wszystkie elementy procedury statystycznej, na przykład akapit na stronie 42: „Identyfikację hipotetycznych gatunków oraz przyporządkowanie do nich osobników przeprowadzono metodą Evanno (Evanno i in., 2005) używając oprogramowania STRUCTURE 2.3.3. (Pritchard i in., 2000). Osobniki przypisywano do predefiniowanych grup K (klastrów) (od $K = 1$ do $K = 6$) stosując 10 niezależnych przebiegów...” i tak dalej aż do „Prawdziwą wartość K oszacowano zgodnie z metodą opisaną przez Evanno i in. (2005) przy użyciu programu HARVESTER (Earl i von Holdt, 2012).” Nawet nie znając szczegółów wymienionych procedur recenzent odczuwa ulgę i satysfakcję, zapoznając się z najwyraźniej kompetentnym opisem niełatwych procedur badawczych. Autorka nie popełniła błędu dość często obserwowanego w innych pracach, polegającego na ograniczeniu się do

przytoczenia nazwy wykorzystanego oprogramowania i ewentualnie zacytowania publikacji autorów danej metody statystycznej. Jestem pełen uznania.

Wyniki

Prawidłowo podzielony na trzy podrozdziały, odpowiadające trzem zadaniom badawczym wymienionym w „Materiałach i metodach”. Podrozdział „6.1 Identyfikacja diagnostycznych loci SNP różnicujących trzy gatunki rodziny łososiowatych...” kończy mocne stwierdzenie: „... wybrany zestaw 566 loci umożliwił poprawne przypisanie osobników do ich oryginalnych gatunków ze 100% pewnością...” Podrozdział „6.2 Identyfikacja polimorficznych loci SNP w dwóch populacjach troci wędrownej: wiślanej i pomorskiej ...” kończy się stwierdzeniem, na które polska ichtiologia czekała wiele lat: „... wybrane 39 loci umożliwiło poprawne przypisanie osobników do populacji z pewnością na poziomie 98,3% dla populacji z Wisły oraz 86,8% dla populacji ze Słupi ...” Trzeci podrozdział „6.3 Zmiany struktury genetycznej populacji troci wędrownej ... z sześciu rzek w Polsce ...” jest już nieco bardziej „akademicki” i w zasadzie z punktu widzenia gospodarowania zasobami populacji troci wędrownej w Polsce sprowadza się do stwierdzenia podobnego do poprzedniego podrozdziału: „Po utworzeniu dwóch grup (rozumiem: troć wiślana vs troć pomorska (Rysunek 28.) MŁ) ... odsetek prawidłowo przyporządkowanych osobników wzrósł do 82%.”

Rozdział „Wyniki” stwarza wrażenie przytłaczającego ogromem liczb i stwierdzeń. Niezależnie od stopnia trudności tego rozdziału trzeba się pogodzić z tym, że nie ma tu miejsca na wyjaśnianie znaczenia szeregu stwierdzeń; zgodnie z regułą pisarstwa naukowego omówienie oraz interpretacje przedstawionych danych powinny znaleźć się w „Dyskusji”. Trzeba się z tym pogodzić.

Sprawą utrudniającą zapoznanie się z treścią „Wyników” jest edytorska niedoskonałość tego rozdziału, przy czym dotyczy to głównie zamieszczonych tu rysunków i tabel. Czytelnik wciąż „potyka się” o te niedoskonałości i doprawdy nie ułatwia to zrozumienia pracy, która już ze swej natury jest wystarczająco trudna. Legenda Rysunku 16. zawiera błędnie napisane słowo „Pobrór”, błąd ten został powtórzony na Rysunku 20. i 24. Dziwi Rysunek 17., którego sens można było zawrzeć w jednym krótkim zdaniu. W Tabeli 3. i 5. są liczne „puste komórki”, których obecność i sens powinny zostać wytłumaczone w przypisie pod tabelą. W Tabeli 4. nagłówek nie oddziela od siebie grup kolumn: 1996 (dzikie) od 2009 (dzikie) i od 2005 (hodowlane), a w samej tabeli prawie wszystkie miejsca dziesiętne są zaznaczone

kropką zamiast przecinkiem (tak jest też w Tabeli 3., 5. i 6.). W tytule Tabeli 5. jest „rs – numer SNP w bazie dbSNP”, a nie ma tak oznaczonej kolumny, natomiast jest niepotrzebna kolumna „Region”, wypełniona stwierdzeniem „Kodujący” – należało umieścić tę informację w tytule tabeli. Podpis pod Rysunkiem 26. zawiera szereg nieznanych symboli, tymczasem każdy rysunek i każda tabela łącznie z ich tytułami i opisami powinny się „samo-objasniać”, to znaczy że kompetentny czytelnik powinien móc zrozumieć przesłanie naukowe rysunku czy tabeli bez konieczności odszukiwania ich sensu w treści rozprawy. Rysunkowi 27. brakuje opisów osi; niektóre opisy Rysunku 28. są w języku angielskim a inne w języku polskim. Boli mnie to, że z obowiązku recenzenta tej bardzo ciekawej rozprawy muszę wytknąć potknięcia edytorskie; są one drobne, oczywiście, ale jest ich zbyt wiele by można je było zignorować.

Dyskusja

Mało obszerna, zawiera omówienie otrzymanych wyników, często jest to omówienie raczej ogólne, nie wyjaśniające istoty zagadnienia. Uważam że treść i forma rozdziału „Dyskusja” powinny wynikać z naukowego temperamentu autora oraz że są tu na miejscu zarówno ściśle naukowe interpretacje odnotowanych procesów jak i pewne projekcje, spekulacje a nawet marzenia autora. Dlatego zazwyczaj nie komentuję szczegółowo treści tego rozdziału.

W wielu miejscach ocenianej rozprawy (na przykład na stronie 45., 51., 55., 58., 65. (w Tabeli 5. i 6.)), Autorka stwierdza iż frekwencje genotypów rozmaitych loci wykazywały istotne odchylenia od równowagi Hardy’ego-Weinberga. Oczekiwałem prób wyjaśnienia przyczyn tych sytuacji i znalazłem w rozprawie tylko jeden krótki komentarz na stronie 76: „Większość loci była w stanie równowagi Hardy’ego-Winberga. Najwięcej odstępstw od HWE wykryto w populacji hodowlanej. Może to być spowodowane niekorzystnym efektem występującym w hodowli – efektem założyciela, polegającym na nielosowym krzyżowaniu osobników podczas tarła oraz ograniczonej puli genów.” Takie omówienie jednego z najważniejszych zagadnień genetyki populacji nie wystarczy. Proszę Autorkę by podczas odpowiedzi na recenzję zechciała przedstawić ideę „modelowej populacji idealnej” w kontekście prawa Hardy’ego-Weinberga oraz by zaproponowała wyjaśnienie potencjalnych przyczyn stwierdzonych licznych odstępstw frekwencji genotypów od HWE (Pytanie nr 2).

W wielu miejscach „Dyskusji” Autorka posługuje się językiem „hermetycznym”, na przykład na stronie 70. czytamy: „Analizowany materiał pochodził od 18 osobników reprezentujących trzy gatunki łososiowatych. Wyniki badań wskazały, iż około 60% loci zdefiniowanych dla łososia jako SNP i MONO spełniało warunki kontroli jakości genotypowania a 20% spośród nich okazało się polimorficznych dla wszystkich trzech genotypowanych gatunków ($MAF > 0,01$) z których wybrano panel 566 polimorficznych markerów, stanowiących 9,2% spośród loci które spełniły kryteria jakości analizy. Uzyskane dane umożliwiły klasteryzację osobników do poszczególnych gatunków.” Zestawiam to z głównym adresatem zrealizowanych badań: ichtiologami, których dążeniem jest odtworzenie troci wiślanej oraz uporządkowanie gospodarki populacjami troci wędrownej w Polsce i krajach bałtyckich. Tak naprawdę to oni „zamówili” badania Autorki, a otrzymują tekst który wymaga „przetłumaczenia na język polski”. Nie dlatego że ichtiolodzy nie rozumieją genetyki (bo zazwyczaj rozumieją w stopniu wystarczającym w ich pracy), ale dlatego że takiego tekstu nie rozumie prawie nikt.

Pisząc (cokolwiek) autor musi nieustannie myśleć o adresacie dzieła. Musimy pisać tak, żeby nas rozumiano. Nie ma innego sposobu na skuteczną wymianę myśli w nauce.

Wnioski

Prawidłowo sformułowane, zrozumiałe, stanowią jednocześnie bardzo udany „przeгляд” dokonań przedstawionych w rozprawie. Dają nadzieję na możliwość zastosowania osiągnięć Autorki w praktyce gospodarowania populacjami troci w Polsce i sąsiednich krajach bałtyckich. Odczytywałem „Wnioski” z prawdziwą ulgą, gdyż przez szereg lat poszukiwaliśmy rozwiązania tego problemu, stosując kolejno pojawiające się metody badań genetycznych. Autorka rozprawy ładnie zreferowała te wysiłki w podrozdziale „3.1.4 Badania genetyczne populacji troci wędrownej w Polsce”. Nie udawało się nam rozwiązać tego problemu wskutek wciąż niewystarczającej „rozdzielczości” pojawiających się metod badawczych. Teraz osiągnięcia Autorki i sukces zespołu w którym pracuje dają wreszcie podstawy do opracowania programu metodycznego odtwarzania pul genowych populacji troci wiślanej i rzek pomorskich. Ale to już nie jest domena pracownika nauki lecz zadanie dla krajowych gospodarzy wód i zasobów populacji ryb. Tu naukowiec może i

oczywiście powinien służyć radą. Z wielką przyjemnością uświadomiłem sobie, że po wielu latach prób, teraz genetycy nareszcie dysponują umiejętnościami i wiedzą, które umożliwiają tworzenie zintegrowanego programu gospodarowania zasobami łososiowatych.

Literatura

Bardzo liczne pozycje literatury zostały prawidłowo przytoczone w rozprawie i bezbłędnie zestawione w jej ostatnim rozdziale. Jestem pełen podziwu dla skrupulatności Autorki (znalazłem tylko dwie usterki, tak drobne że niewarte wzmianki). O ile pamiętam, oceniana rozprawa jest pod tym względem najlepsza ze wszystkich, które dotychczas oceniałem.

Załączniki

Rozumiem i podzielam intencje Autorki, która udostępnia uzyskane wyniki środowisku naukowemu; mógłbym jedynie doradzać zamieszczenie „Załączników” także jako plików komputerowych na CD.

KONKLUZJA

Sumując wszystkie powyższe rozważania stwierdzam, iż oceniana rozprawa doktorska jest skonstruowana w sposób przyjęty w tego rodzaju opracowaniach. Zastosowane metody są dowodem bardzo dobrego opanowania przez doktorantkę trudnego warsztatu badawczego. Uzyskane wyniki wnoszą szereg nowych informacji o charakterze poznawczym, a jednocześnie są od wielu lat oczekiwane i bardzo ważne dla polskiej gospodarki rybackiej.

Wymienione przez mnie w recenzji usterki są błahe, są jednak stosunkowo liczne i utrudniają czytanie pracy. Jako recenzent informuję o nich Autorkę, gdyż tak właśnie pojmuję życzliwość recenzenta wobec doktoranta. Wszystko co piszemy można napisać jeszcze lepiej, ale warunkiem dokonania postępu jest uprzednie wskazanie niedoskonałości. Te drobiazgi w żadnym razie nie wpływają na ocenę merytorycznej wartości rozprawy.

Stwierdzam z całkowitym przekonaniem i satysfakcją, że oceniana praca jest bardzo dobrym, merytorycznie prawidłowym, ważnym i oczekiwanym przez polską ichtiologię dziełem naukowym. Praca spełnia wymogi stawiane rozprawom doktorskim i stawiam wniosek o dopuszczenie Pani magister inżynier Agaty Drywa do dalszych etapów przewodu doktorskiego.

Mirosław Łuczyński

prof. dr hab. Mirosław Łuczyński, prof. zw.

2015-08-31

Literatura

Collins English Dictionary. 2009. Harper Collins Publishers. 1899 p.

Hartl, D.L. 1980. Principles of Population Genetics. Sinauer Associates, Inc. Sunderland. 488 p.

Ward, R.D. 2006. The importance of identifying spatial population structure in restocking and stock enhancement programmes. Fisheries Research 80: 9-18.

ME