Puławy, 2025-08-27

Dr hab. Krzysztof Śmietanka, prof. instytutu
Dział Wirusologii i Chorób Wirusowych Zwierząt
Państwowego Instytutu Weterynaryjnego-
Państwowego Instytutu Badawczego
Al. Partyzantów 57
24-100 Puławy

RECENZJA

rozprawy doktorskiej lek. wet. Ewy Łukaszuk pt.

„Ocena zależności pomiędzy składem wiromu przewodu pokarmowego a występowaniem enteropatii u młodych gołębi sportowych"

Recenzję wykonano w oparciu o uchwałę Rady Naukowej Dyscypliny Weterynaria Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie z dnia 4 lipca 2025 r. na podstawie art. 187 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2024 r. poz. 1571).

Wstęp

Enteropatie u gołębi stanowią istotny problem zdrowotny, zwłaszcza w przypadku hodowli ptaków sportowych, gdzie kluczowe znaczenie ma kondycja fizyczna i efektywność regeneracji po wysiłku. Zaburzenia wchłaniania składników odżywczych oraz towarzyszące im objawy kliniczne, takie jak biegunki, wpływają negatywnie na wzrost, rozwój i ogólny stan zdrowia ptaków. Szczególnie narażone są młode osobniki, których układ immunologiczny nie jest w pełni rozwinięty, a stres związany z treningami, transportem czy lotami konkursowymi dodatkowo zwiększa podatność na zakażenia. Dotychczasowe badania wykazały obecność licznych wirusów w przewodzie pokarmowym gołębi, w tym należących do rodzin *Astroviridae*, *Picornaviridae*, *Parvoviridae*, *Adenoviridae*, *Coronaviridae* oraz rodzaju *Rotavirus*, jednak wciąż odkrywane są nowe. Choć ich potencjalny udział w etiologii enteropatii jest podejrzewany, a w przypadku rotawirusów A potwierdzony, mechanizmy patogenności i bezpośredni wpływ na organizm ptaka pozostają nie do końca poznane. Problem wynika głównie z trudności w namnażaniu wielu tych wirusów *in vitro*, co uniemożliwia jednoznaczne potwierdzenie ich chorobotwórczości poprzez spełnienie postulatów Kocha. Zastosowanie nowoczesnych metod biologii molekularnej, takich jak sekwencjonowanie wysokoprzepustowe (WGS) i metagenomika, stworzyło nowe możliwości badania mikrobiomu jelitowego oraz identyfikacji nieznanych dotąd patogenów. Umożliwia to nie tylko opisanie składu wirusowego jelit ptaków, ale także ocenę korelacji między obecnością materiału genetycznego wirusów a występowaniem objawów chorobowych. Wiedza ta jest kluczowa dla opracowania skutecznych strategii profilaktycznych oraz wczesnego rozpoznawania zagrożeń zdrowotnych w populacjach gołębi.

Ocena formalna

Przedstawiony do oceny dorobek p. lek. wet. Ewy Łukaszuk obejmuje imponującą liczbę sześciu publikacji, ogłoszonych drukiem w latach 2024–2025 w prestiżowych czasopismach międzynarodowych. Sumaryczny wskaźnik wpływu (IF) oraz łączna punktacja Ministerstwa Edukacji i Nauki również są bardzo wysokie i wynoszą odpowiednio 19,6 oraz 820 punktów. Warto podkreślić, że czasopisma, w których opublikowano wyniki badań, reprezentują zróżnicowane kategorie tematyczne – od wirusologii, przez epidemiologię, po awiopatologię (np. *Virology, Transboundary and Emerging Diseases, Poultry Science*). Świadczy to o elastycznym podejściu do uzyskanych wyników oraz umiejętności ich intepretacji w różnorodnych kontekstach. Aż pięć z sześciu czasopism znajduje się w pierwszym lub drugim kwartylu w swoich kategoriach tematycznych. Wszystkie prace są wieloautorskie, a doktorantka dołączyła oświadczenia o swoim indywidualnym wkładzie, a także oświadczenia współautorów wszystkich publikacji. Ponadto dołączono oświadczenie promotora, prof. dr hab. Tomasza Stenzla, że praca doktorska została przygotowana pod jego kierunkiem i że spełnia warunki do przedstawienia jej w postępowaniu o nadanie stopnia naukowego. Z kolei doktorantka pisemnie zadeklarowała, że praca została napisana samodzielnie i nie zawiera treści uzyskanych w sposób niezgodny z obowiązującymi przepisami. Główne osiągnięcia publikacji stanowiących przedmiot recenzji zostały również przedstawione w sposób skrótowy w liczącym 61 stron autoreferacie.

Ocena merytoryczna

Materiał do badań stanowiły wymazy z kloaki pobrane w okresie od maja do września 2023 roku od gołębi w wieku 4–6 miesięcy, pochodzących z 37 stad zlokalizowanych w różnych częściach kraju. Badane stada podzielono na dwie grupy. Do pierwszej grupy (90 osobników) zaliczono ptaki z 24 stad, u których obserwowano objawy enteropatii, natomiast do drugiej – kontrolnej – włączono 63 klinicznie zdrowe gołębie pochodzące z 13 stad.

Do wykrywania oraz ilościowego określania RNA lub DNA zastosowano odpowiednio metodę real time PCR z sondami TaqMan oraz metodę digital droplet PCR (ddPCR). Na podkreślenie zasługuje fakt, że z wyjątkiem megriwirusa B i rotawirusa gołębi A, do detekcji pozostałych 5 patogenów wykorzystano startery i sondy, których sekwencje zostały zaprojektowane we własnym zakresie, co w znaczący sposób zwiększyło oryginalność tego etapu pracy. Celem uzyskania jak największej liczby pełnych sekwencji genomowych Doktorantka zastosowała dwie metody sekwencjonowania nowej generacji: sekwencjonowanie przez syntezę z użyciem platformy Illumina oraz sekwencjonowanie nanoporowe. Pierwsza z tych technik jest bardziej pracochłonna, ale zapewnia wyniki o wysokiej wiarygodności, natomiast druga charakteryzuje się prostszą procedurą i możliwością uzyskiwania bardzo długich odczytów, choć obarczonych błędem sięgającym nawet 15%. Połączenie obu metod pozwoliło uzyskać wiarygodne i kompletne sekwencje genomowe, łączące zalety wysokiej dokładności Illuminy oraz zdolności do odczytu długich fragmentów charakterystycznej dla technologii nanoporowej. Analiza bioinformatyczna objęła składanie i adnotowanie genomów, analizę filogenetyczną oraz analizę rekombinacji. Korelacja prewalencji poszczególnych

wirusów oraz liczby ich kopii ze stanem zdrowia gołębi została oceniona przy użyciu metod statystycznych.

Szczegółowa ocena publikacji wchodzących w skład cyklu:

1. **Łukaszuk E., Dziewulska D., Stenzel T.: "Recombinant Viruses from the Picornaviridae Family Occurring in Racing Pigeons".** ***Viruses*****, 2024, 16(6):917.**

Pikornawirusy swoje główne cechy mają wpisane w nazwie – są wirusami małymi (łac. „pico" – „mały") i posiadają jako materiał genetyczny RNA. Najbardziej znanym przedstawicielem tej rodziny jest niesławny wirus polio, odpowiedzialny za epidemie choroby Heinego-Medina u ludzi, dziś już na świecie prawie całkowicie wykorzenionej. Pikornawirusy są dość powszechne u ptaków i były wykrywane w kale dzikich oraz hodowlanych gołębi, jednak brakuje dowodów na związek tych wirusów z enteropatiami. Obecność materiału genetycznego megriwirusów B stwierdzono, odpowiednio u ptaków chorych i zdrowych, w 7,8 i 19% próbek, a w odniesieniu do pikornawirusów B w 32,2 i 39,7% próbek. W przypadku megriwirusów uzyskano interesujący i paradoksalny wynik polegający na tym, że częstość występowania tych patogenów była wyższa u ptaków zdrowych, choć ilość wirusa była już istotnie wyższa u gołębi z biegunką. W przypadku pikornawirusów nie wykazano jednoznacznego związku pomiędzy ich występowaniem pikornawirusów a wywoływaniem stanu enteropatii.

Badania metagenomowe umożliwiły odzyskanie 5 częściowych sekwencji wirusów z rodzaju Megrivirus oraz dwie niekompletne sekwencje zbliżone genetycznie do pikornawirusa gołębi B. Doktorantka wykazała ponadto, że część z nich było najprawdopodobniej rekombinantami, co zostało wykazane w stosunku do ptasich pikornawirusów po raz pierwszy i uważam to za najbardziej oryginalne osiągnięcie tego etapu badań.

2. Łukaszuk E., Dziewulska D., Custer J.M., Kraberger S., Varsani A., Stenzel T.: Occurrence of astrovirus in young racing pigeons and genome characterization of 2 new astrovirus genomes representing 2 new species. ***Poultry Science,*** **2024, 103(9):104028.**

Astrowirusy to wirusy RNA występujące u ludzi i zwierząt stałocieplnych, gdzie odpowiadają za stany biegunkowe. Doktorantka wraz ze współautorami zidentyfikowała dwa kompletne genomy astrowirusów, które zostały zaklasyfikowane jako dwa nowe gatunki w obrębie rodzaju Avastrovirus. Jest to zdecydowanie najbardziej oryginalny aspekt tej części pracy. Do równie istotnych osiągnięć należy opracowanie nowej metody TaqMan qPCR oraz reakcji ddPCR umożliwiających precyzyjne oznaczanie liczby kopii genomu. Choć wykazano, że ilość wirusa była zdecydowanie wyższa u osobników chorych, to odsetek wyników dodatnich w grupie badanej i kontrolnej był zbliżony i wynosił odpowiednio 13.3% i 12.7%, a zatem rola astrowirusów w samoistnym wywoływaniu enteropatii pozostaje w dalszym ciągu niejednoznaczna. Podobnie jak w przypadku pikornawirusów, brak możliwości izolacji astrowirusów na obecnym etapie uniemożliwia wykazanie związku przyczynowo-skutkowego w badaniach eksperymentalnych. Ograniczeniem pracy jest również bardzo mała liczba pełnych genomów astrowirusów od gołębi w GenBank, co zawęża rozdzielczość analiz

i utrudnia precyzyjne określenie pokrewieństwa badanych izolatów, z drugiej strony potwierdzając pionierski charakter przeprowadzonych badań.

3. Łukaszuk E., Dziewulska D., Stenzel T.: Rotaviruses in Pigeons With Diarrhea: Recovery of Three Complete Pigeon Rotavirus A Genomes and the First Case of Pigeon Rotavirus G in Europe. *Transboundary & Emerging Diseases*, 2024:4684235.

Rotawirusy są znanymi od lat patogenami wywołującymi choroby u ssaków i ptaków, którym towarzyszą objawy biegunki. Charakteryzują się segmentowanym genomem RNA, co warunkuje ich dużą zmienność i znajduje odzwierciedlenie w złożonej klasyfikacji. Obecnie wyróżnia się 10 gatunków rotawirusów, w obrębie których definiuje się genotypy na podstawie konstelacji segmentów genomowych. U ptaków stwierdzono występowanie gatunków RVA, RVD, RVF i RVG, spośród których najczęściej izolowanym i najlepiej poznanym jest gatunek A, odgrywający kluczową rolę w zespole chorobowym określanym jako „choroba młodych gołębi" (ang. Young Pigeon Disease, YPD). Publikacja Łukaszuk i wsp. dotycząca rotawirusów u gołębi stanowi kolejną z cyklu prac wyróżniających się oryginalnymi osiągnięciami. Do najważniejszych należy pierwsze w Europie wykrycie gatunku RVG u gołębi oraz uzyskanie pełnych sekwencji 10 spośród 11 segmentów jego genomu, a także uzyskanie trzech kompletnych genomów RVA. Wykazano ponadto istotny związek statystyczny między wykrywaniem RVA u gołębi z biegunką a jego obecnością u ptaków zdrowych, jak również silną zależność między nasileniem objawów klinicznych a ilością wykrytego patogenu. Choć związek przyczynowo-skutkowy między RVA a chorobą został potwierdzony doświadczalnie już wcześniej, Doktorantka podkreśla, że jej badania jako pierwsze wykazały tego rodzaju zależność u ptaków manifestujących jedynie objawy biegunki, bez typowego dla choroby młodych gołębi regurgitacji i zastoju treści w wolu czy przypadków śmiertelnych. Podsumowując, uzyskane wyniki istotnie poszerzają wiedzę na temat występowania i różnorodności rotawirusów u gołębi.

4. Łukaszuk E., Dziewulska D., Prątnicka A., Custer J.M., Kraberger S., Varsani A., Stenzel T.: Characterization, phylogeny and prevalence of the coding-complete genomes of aviadenoviruses and siadenoviruses in young racing pigeons. *Virology*, 2025, 603

Adenowirusy występują u ptaków bardzo powszechnie i gołębie nie są tu wyjątkiem. Aktualnie wyróżnia się 5 adenowirusów (PiAdV-1 – PiAdV-5), reprezentujących co najmniej 2 różne rodzaje (*Aviadenovirus* i znacznie rzadziej *Siadenovirus*). Pomimo faktu, że adenowirusy gołębie znane są od wielu lat, nie zostały wystarczająco dobrze poznane, o czym świadczy nie do końca znana rola w wywoływaniu określonych stanów chorobowych oraz uboga w sekwencje adenowirusowe baza danych genomowych. Badania podjęte przez Doktorantkę i współpracowników znacząco uzupełniły luki w wiedzy, o czym świadczy przede wszystkim wykrycie nowego gatunku Siadenowirusa, któremu zaproponowano nazwę *Siadenovirus columbae*, jak również uzyskanie jego pełnej sekwencji kodującej. Ponadto uzyskano dwie pełne sekwencje kodujące wirusów należących do rodzaju *Aviadenovirus*. Bardzo ważnym aspektem badań było opracowanie we własnym zakresie metod real time RT-PCR i ddPCR, które wstępnie zwalidowano i określono ich przydatność do czułej i specyficznej

detekcji adenowirusów, których prewalencja w grupie badanej i kontrolnej wynosiła odpowiednio 10 i 11%, a róznica nie była istotna statystycznie.

5. Łukaszuk E., Dziewulska D., Khalifeh K., Custer J.M., Kraberger S., Varsani A., Stenzel T.: Known and novel parvoviruses identified in domestic pigeons. *BMC Veterinary Research*, 2025, 21:47

Parwowirusy to najmniejsze z analizowanych w ramach niniejszej pracy doktorskiej wirusów. Średnica ich kapsydu to 23-28 nm, a długość jednoniciowego DNA rzadko przekracza 5 000 nukleotydów. Awiopatolog kojarzy te drobnoustroje przede wszystkim z rozpowszechnioną u gęsi chorobą Derzsy'ego, natomiast parwowirusy u gołębi stanowią temat bardzo słabo poznany. Podobnie jak w przypadku megriwirusów, nieoczekiwanym wynikiem było stwierdzenie przy użyciu metody real time PCR, że obecność parwowirusów w asymptomatycznej grupie kontrolnej była zauważalnie wyższa niż w grupie ptaków z biegunką, a choć wyniki nie były statystycznie istotne, to wartość p=0,0542 była tylko trochę wyższa od przyjętego poziomu istotności α=0,05. Możliwe wyjaśnienia dla uzyskania tak paradoksalnych wyników podane są zarówno w publikacji jak i w monografii na stronie 46, jednak nasuwa mi się konkluzja, równie paradoksalna jak sam wynik, że dziś o roli parwowirusów w wywoływaniu patologicznych stanów u gołębi wiemy jeszcze mniej niż wcześniej. Pokazuje to, że proces poznawania zjawisk biologicznych jest często bardziej złożony, niż się wydaje, i wymaga dalszej, pogłębionej eksploracji. Z kolei badania metagenomowe dostarczyły i w tym przypadku ciekawych i oryginalnych wyników, gdyż umożliwiły złożenie dwóch kompletnych pod względem sekwencji kodujących genomów parwowirusów gołębi – jeden reprezentujący znany gatunek *Aveparvovirus columbid 1* oraz drugi, należący do nowego gatunku, który wstępnie określono jako parwowirus gołębi 2.

6. Łukaszuk E., Dziewulska D., Varsani A., Stenzel T.: Coronaviruses in diarrheic pigeons and the first determination of the complete genome of a new pigeon gammacoronavirus. Scientific Reports, 2025, 15(1):19108.

Ostatnia publikacja w cyklu dotyczy koronawirusów, które jako jedyne z całego panelu analizowanych patogenów znane są nawet laikom. Koronawirusy ptaków różnią się jednak dość istotnie od występującego u ludzi betakoronawirusa SARS-Cov-2 i należą do odrębnych grup, określanych jako gamma- i deltakoronawirusy. Ich rola w wywoływaniu chorób nie została dotąd u gołębi jednoznacznie potwierdzona. Badania podjęte przez Doktorantkę i wsp. były w pewnym sensie kontynuacją jej wcześniejszych badań, gdyż warto podkreślić, że nie wchodząca w skład ocenianego cyklu publikacja Łukaszuk i wsp. *Occurrence and Phylogenetic Analysis of Avian Coronaviruses in Domestic Pigeons (Columba livia domestica) in Poland between 2016 and 2020*, wykazała obecność gammakoronawirusów u ok. 25% badanych gołębi pocztowych. Publikacja stanowiąca część cyklu opierała się na analogicznym schemacie doświadczalnym jak poprzednie. Jej głównym oryginalnym osiągnięciem jest zidentyfikowanie kompletnej sekwencji genomowej gammakoronawirusa, który na podstawie analiz filogenetycznych i przyjętych kryteriów zostanie najprawdopodobniej zaklasyfikowany do nowego gatunku rodzaju *Gammacoronavirus*. Co warte podkreślenia po raz kolejny, do oceny występowania materiału genetycznego koronawirusa Doktorantka wykorzystała

metody molekularne, w których startery i sonda zostały zaprojektowane we własnym zakresie, a metoda została wstępnie zwalidowana. Podobnie jak w przypadku większości omówionych wcześniej wirusów, nie udało się znaleźć dowodów na korelację między obecnością docelowego patogenu a występowaniem objawów enteropatii, gdyż różnica w prewalencji między grupą badaną i kontrolną, wynosząca odpowiednio 12,2% i 11,1%, nie była statystycznie istotna.

Dokonując końcowej oceny przedstawionej do recenzji rozprawy doktorskiej w odniesieniu do trzech podstawowych wymagań ustawowych stawianych kandydatom ubiegającym się o nadanie stopnia doktora, stwierdzam, że lek. wet. Ewa Łukaszuk spełnia wszystkie te kryteria.

Po pierwsze, rozprawa doktorska potwierdza posiadanie przez Doktorantkę rozległej wiedzy teoretycznej z zakresu nauk weterynaryjnych. Autorka wykazała się bardzo dobrą orientacją w tematyce chorób gołębi, ze szczególnym uwzględnieniem enteropatii, zarówno w ujęciu klinicznym, jak i wirusologiczno-molekularnym. Na szczególne podkreślenie zasługuje ten drugi aspekt, gdyż badania, w których analizie poddaje się wirusy należące aż do sześciu różnych rodzin, należą do rzadkości i wymagają gruntownej wiedzy teoretycznej z zakresu budowy genomu wirusowego oraz struktury i funkcji białek wirusowych.

Po drugie, rozprawa dowodzi, że Doktorantka posiada umiejętność samodzielnego prowadzenia pracy naukowej na wszystkich etapach procesu badawczego:

a) problem badawczy został precyzyjnie zidentyfikowany na podstawie wnikliwego przeglądu aktualnej literatury przedmiotu i jego oryginalność nie budzi wątpliwości;

b) została precyzyjnie sformułowana hipoteza badawcza, a następnie wyznaczone dwa jasno określone cele pracy;

c) badania zaplanowano w sposób spójny i logiczny, a zastosowana metodologia opiera się na najnowocześniejszych aktualnie dostępnych narzędziach naukowych;

d) analiza danych została przeprowadzona rzetelnie i poprawnie, z wykorzystaniem metod statystycznych

e) wyciągnięte wnioski są prawidłowe i wynikają bezpośrednio z uzyskanych danych;

f) wyniki badań zostały opublikowane w recenzowanych czasopismach naukowych o zasięgu międzynarodowym, znajdujących się na liście JCR.

Po trzecie, rozprawa doktorska p. lek. wet. Ewy Łukaszuk stanowi oryginalne i twórcze rozwiązanie istotnego problemu naukowego. Skala nowatorskich wyników jest tak duża, że nawet opracowanie nowych metod molekularnej detekcji oraz ocena występowania wirusów — które samo w sobie mogłoby stanowić, i nierzadko stanowi, pełnowartościowy temat dysertacji doktorskich — tu schodzi na dalszy plan, ustępując miejsca najważniejszym odkryciom, do których należy identyfikacja kilku wirusów prawdopodobnie reprezentujących nowe gatunki oraz pierwsze w świecie opisanie zjawiska rekombinacji u pikornawirusów ptaków. Rezultaty tej rangi wykraczają poza standardowe ramy prac doktorskich, sytuując rozprawę w gronie szczególnie wartościowych opracowań naukowych, w istotny sposób

poszerzających wiedzę w dziedzinie wirusologii gołębi i otwierających nowe perspektywy badawcze.

Na zakończenie chciałbym odnotować jedną uwagę, która nie podważa mojej bardzo wysokiej oceny pracy, jednocześnie sugerując rozwiązania, z których – mam nadzieję – Doktorantka kiedyś skorzysta. Sześć publikacji to dorobek, który robi wrażenie, jednak należy obiektywnie stwierdzić, że łączy je wspólny materiał wyjściowy do badań i bardzo zbliżona metodologia badawcza. Faktyczną zmienną stanowi jedynie badany wirus i specyficzne dla niego parametry opracowywanych metod diagnostycznych. Potraktowanie każdego z tych wirusów jako obiektu odrębnej publikacji, choć w mojej ocenie nie jest niewłaściwe, to jednak w odniesieniu do enteropatii w większości przypadków nieuchronnie musiało prowadzić do dość oczywistego wniosku o braku związku przyczynowo-skutkowego między zakażeniem danym wirusem, a stanem klinicznym ptaków. Zabrakło mi zatem bardziej holistycznego podejścia polegającego na swoistym „spięciu klamrą" uzyskanych wyników i kompleksowej analizie statystycznej przy użyciu analizy regresji logistycznej. Zamieszczona w autoreferacie tabela podsumowująca odsetek stad w których odnotowywano określoną liczbę badanych wirusów stanowi punkt wyjścia i wskazuje słuszny kierunek. Pragnę podkreślić, że tego rodzaju analizy, oparte na wysokiej jakości danych jakimi dysponuje Doktorantka, mogą być w przyszłości niezwykle cennym dla nauki i praktyki weterynaryjnej epilogiem do ocenianego cyklu publikacji. Uwaga ta nie podważa wartości ani skali przedsięwzięcia, ale dla pełnej rzetelności recenzji chciałbym ją odnotować.

Zgodnie z jednoznaczną wytyczną Przewodniczącego Rady Naukowej Dyscypliny Weterynaria, przedmiotem recenzji jest cykl publikacji, a nie sam autoreferat. Mam jednak do tej części kilka uwag językowych o charakterze uzupełniającym. Nie uwzględniam ich w końcowej ocenie, lecz z obowiązku recenzenta uważam za stosowne o nich wspomnieć:

- „wykrywanie materiału genetycznego i jego zliczanie" – lepszym sformułowaniem byłoby „i jego analiza ilościowa"

- terminy „zawrotne ceny", „zawrotne tempo ewolucji" czy „swoisty bój o zdrowie ludzi i zwierząt" są nacechowane emocjonalnie i charakterystyczne bardziej dla tekstów literackich czy prasowych niż publikacji naukowych

- „instynkt powrotnolotny" zastąpiłbym „instynktem powrotu do gołębnika" albo po prostu „instynktem powrotu"

Wniosek końcowy

Podsumowując, przedstawiona do recenzji rozprawa doktorska stanowi oryginalne rozwiązanie problemu naukowego, potwierdza ogólną wiedzę teoretyczną Doktorantki w dyscyplinie Weterynaria oraz jej umiejętność samodzielnego prowadzenia pracy naukowej, a tym samym spełnia wymogi art. 187 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2024 r. poz. 1571). Przedkładam zatem Radzie Naukowej Dyscypliny Weterynaria Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie wniosek o dopuszczenie lek. wet. Ewy Łukaszuk do dalszych etapów postępowania w sprawie nadania

stopnia naukowego doktora. Jednocześnie, ze względu na wysoką wartość merytoryczną przedstawionych osiągnięć, obejmujących przede wszystkim odkrycie nowych gatunków wirusów z rodzin *Astroviridae*, *Coronaviridae*, *Adenoviridae* i *Parvoviridae*, pierwszy opis zjawiska rekombinacji u pikornawirusów ptaków oraz opracowanie metod diagnostyki molekularnej enteropatii u gołębi, rekomenduję uhonorowanie Autorki rozprawy doktorskiej stosowną nagrodą.

Puławy, 2025-08-27

dr hab. Krzysztof Śmietanka, prof. instytutu