



Warszawa, dnia 13 kwietnia 2026 r.

Prof. dr hab. Tadeusz Malewski
Pracownia Technik Molekularnych i Biometrycznych

akceptacja
B. Fronca

RECENZJA

rozprawy doktorskiej mgr inż. Krzysztof Żaka

pt. „Optymalizacja procesu identyfikacji genetycznej NN zwłok i szczątków ludzkich“

Przedmiotem rozprawy doktorskiej mgr inż. Krzysztofa Żaka jest optymalizacja metod identyfikacji genetycznej szczątków ludzkich pochodzących z materiału archiwalnego. Tematyka ta jest niezwykle aktualna i ważna zarówno z punktu widzenia nauki, jak i praktyki medycyny sądowej oraz historii. Doktorant podejmuje wyzwanie opracowania optymalizacji procesu identyfikacji genetycznej zwłok oraz identyfikacji ofiar Wielkiego Terroru w Gruzji (Adzaria), gdzie od zdarzeń minęło blisko 90 lat. Praca wpisuje się w nurt nowoczesnej genetyki sądowej, poszukującej skutecznych rozwiązań w sytuacjach, gdy materiał biologiczny jest silnie zdegradowany, a dostępni krewni reprezentują jedynie dalekie linie pokrewieństwa.

Celem rozprawy było opracowanie oraz weryfikacja zintegrowanego schematu analitycznego umożliwiającego skuteczną identyfikację genetyczną NN szczątków ludzkich, zwłaszcza w sytuacjach ograniczonej jakości materiału biologicznego oraz dostępności jedynie dalszych krewnych. Doktorant postawił sobie za zadanie wykazanie, że połączenie klasycznych markerów STR z markerami Y-STR, panelami SNP oraz zaawansowaną biostatystyką pozwala na uzyskanie wiarygodnych wyników nawet przy niskiej jakości DNA.

Cel pracy został jasno sformułowany i konsekwentnie realizowany. Doktorant przeprowadził kompleksowe badania obejmujące analizę materiału kostnego oraz próbek referencyjnych, a także zastosował zaawansowane metody statystyczne i symulacyjne.

Materiał badawczy był unikalny i wymagający – obejmował 28 szkieletów z masowej mogiły oraz 58 próbek referencyjnych od członków 20 rodzin, co stanowi solidną podstawę analityczną. Do analizy Doktorant zastosował do badań szeroki wachlarz metod:

- analizę markerów STR autosomalnych i Y-STR;
- analizę SNP z wykorzystaniem technologii NGS;
- narzędzia bioinformatyczne i statystyczne (Familias, FamLink, KinBN, pedbuildr);
- symulacje pokrewieństw oraz analizę biostatystyczną.

Dobór metod należy uznać za trafny i adekwatny do postawionego problemu badawczego. Na szczególne uznanie zasługuje integracja różnych typów markerów genetycznych oraz zastosowanie symulacji genealogicznych, co znacząco zwiększa wiarygodność analiz.

Uzyskane wyniki pozwoliły na osiągnięcie założonych celów badawczych. Wyniki badań zostały przedstawione w sposób szczegółowy i uporządkowany. Najważniejszym osiągnięciem pracy jest opracowanie i przetestowanie **schematu decyzyjnego doboru paneli markerów genetycznych**. Doktorant wykazał, że:

- zastosowany model pozwolił na jednoznaczną identyfikację we wszystkich 17 rodzinach, których bliscy znajdowali się na liście egzekucyjnej;
- markery Y-STR były kluczowe dla podniesienia wartości dowodowej i weryfikacji linii ojcowskiej;
- skuteczność integracji markerów STR, Y-STR i SNP;
- zastosowanie zaawansowanych symulacji pozwoliło na wykrycie błędnych założeń genealogicznych w rodzinach, co w standardowej analizie mogłoby prowadzić do fałszywych wykluczeń;
- udowodnił, że klasyczne zestawy STR pozostają fundamentem identyfikacji ze względu na koszty i dostępność baz populacyjnych, a ich skuteczność wzrasta przy integracji z innymi typami markerów.

Interpretacja wyników jest poprawna, logiczna i poparta odpowiednią analizą statystyczną.

Na szczególne podkreślenie zasługuje interdyscyplinarny charakter pracy, łączący elementy genetyki molekularnej, biostatystyki, genealogii oraz nauk sądowych.

Interpretacja wyników jest poprawna, logiczna i poparta odpowiednią analizą statystyczną. Na szczególne podkreślenie zasługuje interdyscyplinarny charakter pracy, łączący elementy genetyki molekularnej, biostatystyki, genealogii oraz nauk sądowych.

Doktorant osadza swoje badania w kontekście rzeczywistego projektu identyfikacyjnego dotyczącego ofiar represji okresu Wielkiego Terroru w Adżarii, co dodatkowo podnosi rangę pracy.

Dyskusja została przeprowadzona w sposób dojrzały i krytyczny. Doktorant odnosi swoje wyniki do aktualnej literatury oraz wskazuje ograniczenia zastosowanych metod, w tym:

- ograniczoną skuteczność panelu KinFinder przy silnej degradacji DNA ze względu na wysoki odsetek zjawisk typu drop-out;
- względnie niską wartość dowodową panelu Precision ID Identity. Wskazuje przy tym, że szersze panele SNP mogłyby dostarczyć bardziej wiarygodnych wyników w takich przypadkach;
- ryzyko wystąpienia błędów interpretacyjnych przy sprzężeniach genetycznych;
- problemy z jakością materiału referencyjnego. Wyzwanie stanowiła nie tylko degradacja DNA w szczątkach, ale również ograniczona dostępność próbek od krewnych, co w niektórych rodzinach wymuszało analizę bardzo dalekich i skomplikowanych linii pokrewieństwa.

Na szczególne uznanie zasługuje omówienie aspektów praktycznych oraz możliwości implementacji zaproponowanego modelu w rzeczywistych procedurach identyfikacyjnych.

Wnioski są zgodne z przedstawionymi wynikami i stanowią logiczne podsumowanie pracy. Doktorant wykazał, że zastosowanie zintegrowanego podejścia analitycznego znacząco zwiększa skuteczność identyfikacji genetycznej w trudnych przypadkach.

Praca ma przejrzystą strukturę, jest napisana poprawnym językiem naukowym, zawiera obszerny wstęp historyczny i teoretyczny, szczegółowy opis 20 przypadków rodzinnych oraz wnikliwą dyskusję. Materiał ilustracyjny jest bogaty i adekwatny do prezentowanych treści. Na szczególną uwagę zasługuje fakt, że doktorant nie ograniczył się do suchej analizy danych, ale odniósł się również do etycznego i socjologicznego wymiaru badań ofiar zbrodni. Nieliczne uchybienia mają charakter redakcyjny i nie wpływają na wartość merytoryczną pracy.

Przedstawiona rozprawa doktorska mgr inż. Krzysztofa Żaka spełnia warunki określone w art. 187 Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. 2018 poz. 1668). W związku z tym wnoszę o dopuszczenie mgr inż. Krzysztofa Żaka do dalszych etapów przewodu doktorskiego oraz o nadanie mu stopnia doktora nauk medycznych i nauk o zdrowiu w dyscyplinie nauki medyczne.

Biorąc pod uwagę, że Doktorant opracował i przetestował schemat decyzyjny doboru paneli markerów genetycznych do analizy materiału biologicznego o ograniczonej jakości, jak również interdyscyplinarny charakter pracy rekomenduję Radzie Naukowej wyróżnienie tej pracy.



**MUZEUM I INSTYTUT
ZOOLOGII, PAN**
prof. dr hab. Tadeusz Małowski
00-818 Warszawa, ul. Twarda 51/55
Tel/fax. (48 22) 629 32 21, (48) 533 755 260