



Katowice, dn. 10 września 2024 r.

Dr hab. Agata Daszkowska-Golec, prof. UŚ
Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska
Wydział Nauk Przyrodniczych
Uniwersytet Śląski w Katowicach
Jagiellońska 28
40-032 Katowice
Tel. 0322009360
agata.daszkowska@us.edu.pl

**Recenzja rozprawy doktorskiej
mgr Eweliny Stolarskiej**

pt. "Identyfikacja i charakterystyka genów warunkujących komórkową homeostazę poliamin w starzeniu liści jęczmienia"

przygotowanej pod kierunkiem promotora Prof. UAM dr hab. Ewy Sobieszczuk-Nowickiej oraz promotora pomocniczego dr. Umesha Kumara Tanwara w Zakładzie Fizjologii Roślin w Instytucie Biologii Eksperymentalnej, Wydziału Biologii, Uniwersytetu Adama Mickiewicza w Poznaniu.

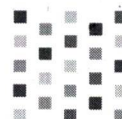
Podstawą formalno-prawną przygotowania recenzji rozprawy doktorskiej mgr Eweliny Stolarskiej pt. „Identyfikacja i charakterystyka genów warunkujących komórkową homeostazę poliamin w starzeniu liści jęczmienia” jest uchwała Rady Naukowej Instytutu Biologii Eksperymentalnej, Wydziału Biologii, Uniwersytetu Adama Mickiewicza w Poznaniu podjęta zgodnie z art. 190 ust. 3 Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. – Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (tekst jednolity Dz. U. z 2023 r. poz. 742, ze zm.).

Przedmiot rozprawy i jego naukowe znaczenie

Rozprawa doktorska Pani mgr Eweliny Stolarskiej dotyczy identyfikacji i szczegółowej charakterystyki genów jęczmienia zwyczajnego (*Hordeum vulgare*), kodujących enzymy zaangażowane w procesy metabolizmu i transportu poliamin oraz określenia ich roli w regulacji procesu starzenia się liści. Praca jest istotna, ponieważ przyczynia się do zrozumienia, jak zmiany w homeostazie poliamin mogą wpłynąć m.in. na wydajność roślin oraz ich adaptację do stresów środowiskowych

Przedstawiona mi do recenzji rozprawa doktorska Pani mgr Eweliny Stolarskiej zatytułowana "Identyfikacja i charakterystyka genów warunkujących komórkową homeostazę poliamin w starzeniu liści jęczmienia", składa się z cyklu trzech powiązanych tematycznie prac opublikowanych w latach 2022-2023, w czasopiśmie znajdujących się w bazie Journal Citation Reports (JCR), posiadających wskaźnik oddziaływania Impact Factor (IF). *Sumarycznie IF wynosi 20.525, a liczba punktów ministerialnych wynosi 340.*

[1] Tanwar, U.K., Stolarska, E., Paluch-Lubawa, E., Mattoo, A.K., Arasimowicz-Jelonek, M., Sobieszczuk-Nowicka, E., 2022. Unraveling the genetics of polyamine metabolism in barley for senescence-related crop improvement. *International Journal of Biological Macromolecules* 221, 585–603. IF=8.025, MNiSW=100 pkt





[2] Stolarska, E., Tanwar, U.K., Guan, Y., Grabsztunowicz, M., Arasimowicz-Jelonek, M., Phanstiel, O., Sobieszczuk-Nowicka, E., 2023a. Genetic portrait of polyamine transporters in barley: insights in the regulation of leaf senescence. *Front. Plant Sci.* 14, 1194737. IF=5.600, MNiSW=100 pkt

Szeroka analiza poliamin i ich roli w rozwoju zarówno roślin, jak i zwierząt, została przedstawiona w trzeciej pracy, składającej się na cykl publikacji, mającej charakter przeglądu:

[3] Stolarska, E., Paluch-Lubawa, E., Grabsztunowicz, M., Kumar Tanwar, U., Arasimowicz-Jelonek, M., Phanstiel, O., Mattoo, A.K., Sobieszczuk-Nowicka, E., 2023b. Polyamines as Universal Bioregulators across Kingdoms and Their role in Cellular Longevity and Death. *Critical Reviews in Plant Sciences* 42, 364–384. IF=6.900, MNiSW=140 pkt

W każdej z tych prac Doktorantka jest pierwszą autorką i miała wiodący udział w powstaniu tychże publikacji. Prace są ze sobą powiązane i stanowią logiczną całość.

Badania finansowane były w ramach projektu OPUS (2018/29/B/NZ9/00734) Narodowego Centrum Nauki. Warto podkreślić, że Doktorantka otrzymywała również stypendium motywacyjne w ramach programu Paszport do przyszłości – Interdyscyplinarne studia doktoranckie na Wydziale Biologii UAM (POWR.03.02.00-00-I006/17) współfinansowanego ze środków Europejskiego Funduszu Społecznego w ramach Programu Operacyjnego Wiedza Edukacja Rozwój (POWER).

Formalna i merytoryczna ocena rozprawy

Praca doktorska Pani mgr Eweliny Stolarskiej stanowi ważny wkład w badania nad molekularnymi mechanizmami metabolizmu i transportu poliamin u roślin uprawnych, oraz ich rolą w starzeniu się liści jęczmienia, a także odpowiedzią na stresy abiotyczne. Kandydatka do stopnia doktora skupiła się na szczegółowej analizie genów kodujących enzymy zaangażowane w metabolizm (*PGM – Poliamine metabolism genes*) i transport poliamin (*PAT – Poliamine transporters*). Mgr Stolarska przeprowadziła analizy, wykorzystujące zarówno techniki bioinformatyczne, jak i eksperymentalne, co umożliwiło uzyskanie bogatego zestawu danych. Praca ta wnosi istotne odkrycia, które mogą mieć realne zastosowanie w hodowli roślin, zwłaszcza w kontekście poprawy efektywności wykorzystania azotu i adaptacji roślin do niekorzystnych warunków środowiskowych.

Dysertacja Pani Mgr. Eweliny Stolarskiej przedstawiona została w formie Autoreferatu i cyklu trzech prac oryginalnych, w tym dwóch doświadczalnych oraz jednej pracy przeglądowej. Autoreferat został przygotowany bardzo starannie z dbałością o szczegóły. Autoreferat został poprzedzony wykazem prac naukowych wchodzących w skład cyklu stanowiącego podstawę rozprawy doktorskiej, Streszczenie w języku polskim i angielskim, wykaz stosowanych skrótów. Z kolei właściwy Autoreferat podzielono na rozdziały, tj. *Wprowadzenie, Cel i założenia pracy doktorskiej, Wyniki i ich omówienie, Podsumowanie, Perspektywy i Spis literatury*. Kolejno znajdujemy cykl trzech prac oryginalnych, oświadczenia autorki i współautorów oraz, co niezwykle pomocne w poznaniu Kandydatki do stopnia doktora jako młodej badaczki, opis sylwetki oraz dorobek naukowy poza cyklem prac będących podstawą ubiegania się o stopień doktora.

Każda z wyżej przytoczonych części jest przygotowana starannie, merytorycznie poprawnie i wyczerpująco. „**Wprowadzenie**” pozwala szczegółowo zorientować się w najnowszych badaniach dotyczących poliamin, a także **dowodzi dogłębnej znajomości przez Autorkę poruszanej w doktoracie tematyki**. Ta część Autoreferatu jest również bogato ilustrowana, co powoduje, że odbiór treści jest znacznie ułatwiony i umożliwia odniesienie się do procesu zilustrowanego na dobrze





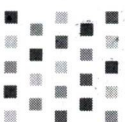
przygotowanych rycinach. W dalszej części zatytułowanej „**Cel i założenia pracy doktorskiej**” Autorka klarownie wyjaśnia cele nadrzędne przyświecające Zespołowi Prof. Sobieszczuk-Nowickiej, które bezpośrednio stanowiły przesłanki do podjęcia badań ukierunkowanych na kompleksową identyfikację genów zaangażowanych w homeostazę poliamin w genomie jęczmienia oraz wstępną ocenę ich udziału w przemianach metabolicznych towarzyszącym procesom starzenia liści, co stanowiło główny cel dysertacji. *Z obowiązku recenzenta nadmienię tylko, że edytorskie pominięcie „w genomie” pozwoliłoby uniknąć niefortunnego skojarzenia, jakoby chodziło o „homeostazę poliamin w genomie jęczmienia” (cel mógłby brzmieć „kompleksowa identyfikacja genów jęczmienia zwyczajnego zaangażowanych w homeostazę poliamin oraz wstępna ocena ich udziału w przemianach metabolicznych towarzyszącym procesom starzenia liści”).* Celem realizacji zamierzonych badań Autorka podzieliła plan badawczy na trzy główne zadania, wyodrębniając tym samym klarowną strukturę pracy. **W mojej ocenie, tak przedstawiony plan pracy dowodzi o umiejętności planowania eksperymentów i świadczy o samodzielności w prowadzeniu badań przez Kandydatkę do stopnia naukowego doktora.** Autorka na końcu tego podrozdziału definiuje również hipotezę badawczą o tym, że w obrębie rodzin genów zaangażowanych w homeostazę PA są geny, których ekspresja jest organospecyficzna (liść) i starzeniowo-zależna.

Kolejno w części „**Wyniki i ich omówienie**” Doktorantka opisała przeprowadzone badania i uzyskane wyniki. Doktorantka łącznie zidentyfikowała 36 genów jęczmienia zwyczajnego, zaangażowanych w metabolizm i transport poliamin. W badaniach wykorzystano serię dobrze zaplanowanych analiz *in silico*, umożliwiających bardzo szczegółową charakterystykę zidentyfikowanych genów oraz ich produktów białkowych. Przeprowadzono również m.in. analizy filogenetyczne. Ponadto przeprowadzono analizy poziomu ekspresji badanych genów w różnych tkankach jęczmienia. Na podstawie uzyskanych wyników wyselekcjonowano 13 genów do analiz szczegółowych w systemie DILS (Dark-induced leaf senescence), wykorzystanym jako układ do oceny ekspresji genów metabolizmu za pomocą metody RT-qPCR, oraz genów kodujących transportery poliamin z wykorzystaniem metody RNA-seq.

Szczególnie cenne jest zamieszczenie przez Autorkę rozdziału „**Podsumowanie**” oraz „**Perspektywy**”, bowiem w sposób klarowny dowodzi o dojrzałości naukowej młodej badaczki, która umożliwia interpretację wyników oraz wytyczenie dalszych kierunków badań, które stanowią będą kontynuację przeprowadzonych dotąd analiz.

Rdzeniem dysertacji jest cykl publikacji, wchodzących w skład rozprawy wraz z oświadczeniami Autorki i współautorów. Ze względu na fakt, że prace zostały opublikowane w czasopiśmie o międzynarodowym zasięgu, po uprzednim poddaniu ich rygorystycznej ocenie przez panel ekspertów – recenzentów i edytorów – krótko podsumuję tylko najważniejsze wyniki raportowane w każdej z prac. Zawartość każdej z nich wzbudziła oczywiście moją naukową ciekawość, czego efektem są pytania, które zamieszczam w dalszej części niniejszej recenzji w sekcji ‘Uwagi i pytania’.

W **publikacji 1 (Tanwar et al. 2022)**, autorzy przeprowadzili kompleksową analizę genów związanych z metabolizmem poliamin (PMG) u jęczmienia (*Hordeum vulgare*) i ich rolę w rozwoju roślin oraz adaptacji do stresu, ze szczególnym uwzględnieniem procesu starzenia się liści. Dzięki zastosowaniu narzędzi bioinformatycznych i genomiki funkcjonalnej, zidentyfikowano i scharakteryzowano 23 geny związane z metabolizmem poliamin, w tym geny kodujące takie enzymy jak dekarboksylaza S-adenozylometioniny (SAMDC), dekarboksylaza ornityny (ODC), dekarboksylaza argininy (ADC), syntaza sperminy (SPMS) i spermidyny (SPDS) oraz oksydazy poliamin (PAO) i dioksydazy zawierające miedź (CuAO). Badania wykazały, że te geny mają zróżnicowaną strukturę i są rozmieszczone na wszystkich chromosomach



jęczmienia, a ich ekspresja jest zróżnicowana w zależności od etapu rozwoju roślin oraz w odpowiedzi na stres abiotyczny.

Analiza filogenetyczna wykazała, że geny metabolizmu poliamin są wysoce konserwowane u roślin, co sugeruje wspólną ewolucję szlaków metabolicznych poliamin. Geny zaangażowane w biosyntezę poliamin, takie jak *HvSPMS1* i *HvSPDS1*, wykazywały najwyższą aktywność transkrypcyjną w procesie starzenia się liści, co wskazuje na kluczową rolę tych enzymów w procesach metabolicznych związanych z senescencją. Zidentyfikowano 961 elementów cis-regulacyjnych w regionach promotorowych tych genów, które są zaangażowane w odpowiedź na hormony, stres i światło, a także 9 miRNA, które potencjalnie regulują ekspresję genów metabolizmu poliamin.

Wyniki eksperymentów pokazują, że geny metabolizmu poliamin mają istotny wpływ na rozwój roślin, ich reakcje na stres i procesy starzenia się. W szczególności geny takie jak *HvSAMDC3*, *HvCuAO7* i *HvPAO4* były aktywne na każdym etapie rozwoju, a geny *HvSPMS1* i *HvSPDS1* silnie reagowały na senescencję liści indukowaną ciemnością. Badania te stanowią solidną podstawę do dalszych badań z zakresu genomiki funkcjonalnej nad metabolizmem poliamin w roślinach oraz ich potencjalnym wykorzystaniem w poprawie plonów poprzez manipulację genetyczną.

W **publikacji 2 (Stolarska et al. 2023a)**, autorzy przeprowadzili szczegółową analizę genów kodujących transportery poliamin w jęczmieniu, koncentrując się na ich roli w regulacji procesu starzenia się liści. Zastosowano niemalże bliźniacze podejście analityczne w kontekście genów kodujących transportery, jak w poprzedniej pracy, gdzie skupiono się na genach metabolizmu poliamin. Zidentyfikowano siedem genów *HvPUT* i sześć *HvBAT*, które kodują odpowiednio importery poliamin (PUT) i eksportery poliamin (BAT), odpowiedzialne za transport poliamin takich jak putrescyna, spermidyna i spermina. Modele homologiczne białek kodowanych przez zidentyfikowane geny dostarczyły przewidywań struktur 3D z wysoką dokładnością, a badania dokowania molekularnego ujawniły miejsca wiązania poliamin, co pozwoliło na lepsze zrozumienie mechanizmów wiązania i transportu tych związków.

Badania filogenetyczne wykazały, że transportery PUT i BAT są wysoce konserwatywne u roślin. Ekspresja genów *HvPUT* i *HvBAT* została zbadana w różnych etapach rozwoju rośliny oraz w odpowiedzi na stres abiotyczny, w tym suszę, chłód i zranienie, co dostarczyło informacji o potencjalnej roli tych transporterów w adaptacji rośliny do stresu. Szczególnie interesujące były wyniki dotyczące senescencji liści indukowanej ciemnością (DILS), gdzie niektóre z genów kodujących transportery, takie jak *HvBAT3*, *HvBAT5* i *HvBAT6*, wykazywały podniesiony poziom ekspresji w odpowiedzi na DILS, ale także starzenie liści w procesie rozwojowym, co podkreśla ich znaczenie w badanych procesach. Co ciekawe, *HvBAT3* i *HvBAT6* wykazywały obniżony poziom ekspresji w odpowiedzi na kombinację stresów wysokiej temperatury i suszy.

W **publikacji 3 (Stolarska et al. 2023b)** Autorzy dokonali systematycznego przeglądu i kompleksowej analizy roli poliamin jako uniwersalnych bioregulatorów procesów komórkowych w różnych organizmach. Omówiono szlaki biosyntezy poliamin, obejmujące głównie argininę, ornitynę oraz metioninę, które są kluczowymi prekursorami w procesach metabolicznych. Podkreślono, że poliaminy, takie jak spermina, spermidyna i putrescyna, pełnią istotną rolę w regulacji długości życia komórek, chroniąc je przed stresem oksydacyjnym oraz wspierając procesy proliferacji. Autorzy wskazali również na obecność szlaków katabolizmu poliamin, gdzie produkty ich degradacji, takie jak akroleina i hypuzyna, odgrywają kluczową rolę w starzeniu się komórek oraz inicjacji śmierci programowanej (PCD). Szczególną uwagę poświęcono mechanizmom regulacji metabolizmu poliamin na poziomie transkrypcyjnym i translacyjnym. Autorzy





zwrócili uwagę na obecność elementów cis-regulacyjnych oraz czynników transkrypcyjnych, które modulują ekspresję genów związanych z metabolizmem poliamin w sposób specyficzny dla tkanek, etapu rozwojowego czy odpowiedzi na stres. Ponadto, miRNA odgrywają istotną rolę w regulacji translacyjnej, celując w mRNA dla enzymów odpowiedzialnych za biosyntezę i katabolizm poliamin. Badanie to dostarczyło szczegółowych informacji o sposobach, w jakie poliaminy wpływają na różne aspekty homeostazy komórkowej, od stabilizacji chromatyny po modulowanie acetylacji histonów oraz inne epigenetyczne procesy

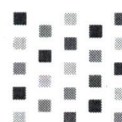
Publikacje, które składają się na rozprawę, stanowią spójną całość, i w znaczący sposób poszerzają dotychczasową wiedzę na temat roli poliamin w fizjologii roślin oraz ich potencjalnych zastosowań np. w rolnictwie. Pani mgr Stolarska z powodzeniem wykorzystwała nowoczesne techniki badawcze, takie jak analiza ekspresji genów na poziomie genów kandydackich z wykorzystaniem metody RT-qPCR oraz analiza globalnego profilu ekspresji w oparciu o dane pochodzące z RNA-seq, wykazała się biegłością w stosowaniu metod bioinformatycznych, umożliwiającymi szczegółowe scharakteryzowanie zidentyfikowanych genów i ich produktów białkowych, co pozwoliło na uzyskanie oryginalnych i istotnych wyników badawczych.

Najważniejsze uzyskane wyniki

Podsumowując, za najważniejsze odkrycia naukowe pracy doktorskiej Pani mgr Eweliny Stolarskiej uważam:

1. Identyfikację siedmiu genów jęczmienia zwyczajnego, kodujących transportery poliamin PUT (HvPUT1-7) oraz sześciu transporterów BAT (HvBAT1-6), kluczowych dla regulacji remobilizacji azotu i procesu starzenia się liści.
2. Identyfikację dwudziestu trzech genów jęczmienia zwyczajnego, kodujących enzymy zaangażowane w metabolizm poliamin (PGM).
3. Przeprowadzenie szczegółowej analizy molekularnej zidentyfikowanych genów oraz ich produktów białkowych, w tym modelowanie ich struktur 3D i zidentyfikowanie miejsc wiązania poliamin, co pozwoliło na określenie mechanizmów oddziaływania poliamin z białkami transportowymi.
4. Wykazanie, że ekspresja transporterów poliamin jest regulowana w odpowiedzi na stresy abiotyczne, takie jak susza i zasolenie, co sugeruje potencjalne wykorzystanie tych mechanizmów do zwiększenia tolerancji roślin na stresy środowiskowe.
5. Odkrycie, że wybrane transportery poliamin odgrywają kluczową rolę w remobilizacji azotu podczas starzenia się liści, co ma znaczenie dla efektywnego wykorzystania tego pierwiastka w rolnictwie.
6. Przeprowadzenie analizy ekspresji genów w różnych etapach rozwoju roślin oraz w odpowiedzi na czynniki stresowe, co pozwoliło na lepsze zrozumienie regulacji procesów związanych z poliaminami w jęczmieniu.
7. Odkrycie, że ekspresja genów dekarboksylazy ornityny (*HvODC1*, *HvODC2*) jest organospecyficzna i dotyczy tylko korzenia jęczmienia zwyczajnego.
8. Wykazanie, że geny biosyntezy (*HvSPDS1*, *HvSPMS1* i *HvSAMDC2*) oraz katabolizmu (*HvPAO8*) poliamin charakteryzują się wysoką aktywnością w czasie starzenia i śmierci komórek.

Przedstawiona rozprawa wnosi znaczący wkład do nauki, a uzyskane wyniki otwierają nowe możliwości badawcze. **Dlatego z całym przekonaniem mogę stwierdzić, że przedstawiona mi do oceny**





dysertacja ma znamiona odkrycia naukowego. Wyniki pracy mgr Stolarskiej są oryginalne i mają duże znaczenie dla badań nad fizjologią roślin. Ponadto, Doktorantka udowodniła, że potrafi samodzielnie prowadzić badania naukowe, rozwiązując jednocześnie oryginalny problem naukowy.

Uwagi i pytania

Po zapoznaniu się z rozprawą doktorską Pani mgr Eweliny Stolarskiej, moje zainteresowanie wzbudziło kilka zagadnień, które chciałabym omówić podczas obrony.

1. W obu pracach oryginalnych przedstawiono kompleksową charakterystykę odpowiednio enzymów zaangażowanych w syntezę/katabolizm poliamin oraz transporterów poliamin w jęczmieniu, w tym analizę filogenetyczną. **Proszę o wyjaśnienie, z czego wynikało wykorzystanie w tych zestawieniach sekwencji pochodzących z innych gatunków (np. dla transporterów: jęczmień, rzodkiewnik, brachypodium, ryż, topola, kukurydza, winorośl, ogórek, pomidor, melon, a dla enzymów metabolizmu tylko cztery gatunki: jęczmień, ryż, arabidopsis, kukurydza). Czy, zdaniem Doktorantki, można hipotetycznie założyć, że włączenie większej liczby gatunków zmieniałoby wnioskowanie o pokrewieństwie? Dlaczego do analiz filogenetycznych nie włączono sekwencji pochodzących z genomów zwierzęcych?**
2. Czy podobne mechanizmy regulacji (transkrypcyjne, miRNA, i inne opisane w dysertacji) genów kodujących enzymy metabolizmu lub transportery poliamin, jak w jęczmieniu, zostały opisane w innych istotnych gatunkach uprawnych, takich jak pszenica czy ryż?
3. W badaniach nad ekspresją transporterów podczas starzenia się liści zauważono wyraźne różnice w ekspresji między poszczególnymi transporterami. **Czy można przypuszczać, że różne transportery poliamin odgrywają różne role w różnych fazach rozwoju liścia, lub że ich rola jest bardziej specyficzna dla określonych warunków środowiskowych? Czy istnieją inne badania, które wskazywałyby na specyficzne funkcje poszczególnych transporterów w kontekście ich roli w fizjologii i rozwoju roślin?**
4. W obu pracach eksperymentalnych w oparciu o narzędzia bioinformatyczne przewidywano interakcję z miRNA. **Jakie podejścia eksperymentalne zaproponowałaby Pani w celu zweryfikowania przewidywanych interakcji miRNA-cel u jęczmienia? Interesuje mnie również na ile zachowane są te relacje miRNA-enzym metabolizmu/transporter poliamin w innych gatunkach roślin, szczególnie u zbóż?**
5. W wyniku przeprowadzonych analiz zidentyfikowano 23 geny szlaku metabolicznego poliamin u jęczmienia. Jednak nie wykryto genów kodujących syntazę termosperminy. **Biorąc pod uwagę znaczenie termosperminy w rozwoju roślin, szczególnie w kontekście tkanek naczyniowych, proszę o rozwinięcie potencjalnych implikacji braku tych genów u jęczmienia. Czy rozważano alternatywne podejścia w celu potwierdzenia braku genów tSPMS i jaki może to mieć wpływ na metabolizm poliamin u jęczmienia w porównaniu z innymi gatunkami roślin?**





Wniosek końcowy

W podsumowaniu stwierdzam, że przedstawiona mi do oceny rozprawa doktorska mgr Eweliny Stolarskiej stanowi oryginalne i znaczące rozwiązanie problemu naukowego dotyczącego: (i) poznania i szczegółowego scharakteryzowania genów kodujących kluczowe enzymy dla szlaku metabolizmu poliamin oraz ich transporterów, a przez to (ii) określeniu roli poliamin w regulacji procesów starzenia się roślin oraz odpowiedzi na stresy abiotyczne. Po wnikliwym zapoznaniu się z Autoreferatem oraz załączonymi publikacjami naukowymi stwierdzam, że **Kandydatka do stopnia naukowego doktora wykazuje szeroką wiedzę teoretyczną w obszarze badań nad metabolizmem i transportem poliamin, a także udowodniła swoje umiejętności w zakresie samodzielnego prowadzenia skomplikowanych badań naukowych.**

Stwierdzam zatem, że **rozprawa doktorska Pani mgr. Eweliny Stolarskiej pt. „Identyfikacja i charakterystyka genów warunkujących komórkową homeostazę poliamin w starzeniu liści jęczmienia” spełnia wszystkie wymogi określone w art. 187 ust. 1-2 Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o Szkolnictwie Wyższym i Nauce (Dz.U. 2023 poz. 742).**

W związku z powyższym zwracam się do Wysokiej Rady Naukowej Instytutu Biologii Molekularnej, Wydziału Biologii, Uniwersytetu Adama Mickiewicza w Poznaniu o dopuszczenie Pani mgr Eweliny Stolarskiej do dalszych etapów postępowania w sprawie nadania stopnia naukowego doktora nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauk biologicznych.

Jednocześnie, biorąc pod uwagę wysoki poziom naukowy rozprawy, wartość przeprowadzonych badań oraz ich znaczenie dla dalszych prac badawczych w dziedzinie biologii roślin, wnioskuję o wyróżnienie rozprawy doktorskiej Pani mgr Eweliny Stolarskiej odpowiednią nagrodą.

Dankowka-Gier

