



Białystok, 05.02.2025 r.

dr hab. Katarzyna A. Jadwiszczak, prof. UwB  
Katedra Zoologii i Genetyki  
Wydział Biologii  
Uniwersytet w Białymstoku

**Recenzja rozprawy doktorskiej mgr Joanny Sikory**

**pt. „Zastosowanie metody przeczesywania genomu do charakterystyki różnorodności genetycznej blisko spokrewnionych taksonów z kompleksu *Pinus mugo*”**

wykonanej na Wydziale Biologii Uniwersytetu Adama Mickiewicza w Poznaniu pod opieką naukową prof. UAM dr. hab. Konrada Celińskiego

**1. Zasadność wyboru tematyki rozprawy doktorskiej**

Definiowanie gatunków oraz określenie wzajemnych powiązań pokrewieństwa pomiędzy nimi należą do grupy najstarszych problemów naukowych. Nie sposób nie zgodzić się z wielkim biologiem ewolucyjnym, autorem biologicznej koncepcji gatunku oraz współtwórcą syntetycznej teorii ewolucji Ernstem Mayr'em, że dla każdego biologa, niezależnie od obranej ścieżki naukowej, wiedza na temat pozycji taksonomicznej analizowanego organizmu jest niezwykle ważna. Jeśli badany organizm nie jest zdefiniowany, wówczas eksperymenty nie są powtarzalne, hipotezy nie są weryfikowalne, a wyniki różnych analiz nie mogą być porównywane ze sobą. Pierwszym uczonym, który uporządkował wiedzę o organizmach żywych, zażegnując kryzys związany z nagromadzeniem informacji bez możliwości ich systematycznego opisu ze względu na brak jednolitej nomenklatury biologicznej, był osiemnastowieczny przyrodnik i lekarz, profesor Uniwersytetu w Uppsali Karol Linneusz (Zemanek i Pawłowski 2010; Prace Komisji Historii Nauki Polskiej Akademii Umiejętności). Wiele z opisów gatunków dokonanych przez Linneusza znalazło potwierdzenie w późniejszej taksonomii molekularnej. Jednak część weryfikowanych przy pomocy markerów genetycznych gatunków morfologicznych uległa zmianie, jak np. *Giraffa camelopardalis* Linnaeus 1758, która okazała się w rzeczywistości skupiać aż cztery gatunki żyraf (Fennessy i in. 2016; Current Biology), lub *Betula alba* Linnaeus 1753, która połączyła dwa gatunki brzoź o różnej ploidalności, *Betula pendula* Roth i *B. pubescens* Ehrh.

W porównaniu do systematyki zwierząt, taksonomie roślin wydają się napotykać przy wyróżnianiu gatunków na szczególne wyzwania ze względu na plastyczność fenotypową swoich obiektów badań, znacznie częstszą międzygatunkową wymianę genów, czy

zróżnicowany poziom ploidalności występujący nawet u gatunków roślin blisko ze sobą spokrewnionych. Trudności te wymagają znalezienia i opracowania zestawu markerów, które w sposób jednoznaczny pozwoliłyby ocenić przynależność taksonomiczną badanej rośliny. Ma to ogromne znaczenie w ustalaniu liczby gatunków, określeniu ich zasobów genetycznych, a w przypadku taksonów zagrożonych wyginięciem także w planowaniu zabiegów konserwatorskich. Nowe możliwości poszukiwania takich markerów pojawiły się wraz z rozwojem technologii sekwencjonowania nowej generacji (next generation sequencing; NGS), które oferują badanie różnorodności genetycznej organizmów z ultra wysoką przepustowością w niezwykle krótkim czasie, i co bardzo ważne, ze stale malejącymi kosztami takich analiz. Analizowany przez Doktorantkę mgr Joannę Sikorę kompleks *Pinus mugo*, skupiający europejskie sosny występujące w Alpach, Karpatach i Pirenejach, wydaje się być doskonałym modelem do wykorzystania zaawansowanych technologii sekwencjonowania genomowego w badaniach taksonów blisko spokrewnionych, które reprezentują wysoki zakres zmienności morfologicznej i bardzo niskie zróżnicowanie genetyczne. **Tematyka wybrana przez Doktorantkę jest niezwykle istotna i w pełni uzasadniona, gdyż analiza genomowa wybranych sosen z kompleksu *Pinus mugo* daje prawdopodobnie możliwość wglądu w początki specjacji tej grupy roślin oraz pozwala poznać i zrozumieć mechanizmy odpowiedzialne za powstawanie zróżnicowania gatunkowego. W tym miejscu chciałabym podkreślić, że zasadność wybranej przez Panią Joannę Sikorę tematyki potwierdzają 22 cytowania (w dniu 22.01.2025 r.; WoS) dwóch pierwszych prac wchodzących w skład jej rozprawy doktorskiej.**

## 2. Struktura rozprawy doktorskiej i jej ocena formalna

Na przedłożoną do recenzji rozprawę składają się trzy publikacje:

- a) Sokołowska J, Fuchs H, Celiński K. 2021. New Insight into Taxonomy of European Mountain Pines, *Pinus mugo* Complex, Based on Complete Chloroplast Genomes Sequencing. *Plants* 10(7): 1331.
- b) Sokołowska J, Fuchs H, Celiński K. 2022. Assessment of ITS2 Region Relevance for Taxa Discrimination and Phylogenetic Inference among Pinaceae. *Plants* 11(8): 1078.
- c) Sikora J, Celiński K. 2024. Exploring Taxonomic and Genetic Relationships in the *Pinus mugo* Complex Using Genome Skimming Data. *International Journal of Molecular Sciences* 25(18): 10178.

Dwie pierwsze prace ukazały się w czasopiśmie *Plants*, ostatnia zaś w czasopiśmie *International Journal of Molecular Sciences*. Oba czasopisma znajdują się w bazie *Journal Citation Reports (JCR)*, ze współczynnikami cytowań IF = 2,632 (*Plants*) i 4,9 (*IJMS*). W obowiązującym obecnie wykazie Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego, czasopismom tym przyznano 70 i 140 pkt., odpowiednio.

Każda z publikacji włączonych do rozprawy została poprzedzona komentarzem, będącym w istocie polskojęzycznym streszczeniem, ale obszerniejszym niż abstrakt danej pracy. Oprócz rozdziałów zawierających teksty trzech w. w. publikacji, w rozprawie

doktorskiej znajdują się także: streszczenie w języku polskim i angielskim, spis pozostałych publikacji z dorobku Doktorantki, wstęp wprowadzający czytelnika w złożoność problemu taksonomicznego sosen z kompleksu *Pinus mugo*, rozdziały przedstawiające cele pracy i zastosowane metody. Na końcu rozprawy w rozdziale „Podsumowanie” są najważniejsze wnioski z przeprowadzonych badań, kolejne dwa rozdziały to bibliografia oraz oświadczenia współautorów na temat wkładu, jaki wnieśli w powstanie publikacji. **Przedstawiona do oceny rozprawa doktorska jest kompletna, a jej struktura prawidłowa pod względem formalnym.**

We wszystkich publikacjach składających się na rozprawę doktorską mgr Joanna Sikora jest pierwszym autorem. Dwie pierwsze prace powstały w zespole trzyosobowym, natomiast ostatnią Doktorantka opublikowała we współpracy ze swoim Promotorem, Panem prof. Konradem Celińskim. Udział Pani J. Sikory w powstaniu każdej z tych prac jest wiodący, gdyż Doktorantka brała udział zarówno w planowaniu badań, zbieraniu materiału badawczego, przeprowadziła większość eksperymentów laboratoryjnych i analiz statystycznych, opracowała dane i współredagowała wszystkie manuskrypty, była także odpowiedzialna za korektę manuskryptów w odpowiedzi na uwagi recenzentów.

**Z powyższego wynika, że mgr Joanna Sikora była bardzo zaangażowana w prowadzone badania, a jej znacząca rola w poszczególnych etapach prac terenowych i laboratoryjnych oraz w powstawaniu publikacji świadczy o umiejętności samodzielnego prowadzenia pracy naukowej.**

### **3. Ocena merytoryczna rozprawy doktorskiej**

W swoich badaniach mgr Joanna Sikora zastosowała metodę przeczesywania genomu (genome skimming), bazującą na płytkim sekwencjonowaniu wybranych genomów przedstawicieli rodzaju *Pinus*, w celu wykrycia frakcji DNA występujących w komórce w wielu kopiach. Uzyskała dzięki tej metodzie znaczne ilości informacji genetycznej, wśród których poszukiwała i testowała zestawy sekwencji będące potencjalnymi kandydatami na markery diagnostyczne dla wybranych taksonów sosen z kompleksu *Pinus mugo*.

W pierwszej pracy wchodzącej w skład rozprawy doktorskiej zostały zsekwencjonowane kompletne genomy chloroplastowego DNA (cpDNA) trzech gatunków: *P. mugo*, *P. rotundata* i *P. uncinata*. Genomy te zostały porównane z genomem referencyjnym *P. sylvestris* pochodzącym z GenBanku, w celu sprawdzenia, czy mogłyby one służyć jako „superbarkod” do odróżniania tych taksonów. Zarówno całkowita długość genomów roślin z kompleksu *Pinus mugo*, jak i struktura genów okazały się wysoce konserwatywne. W genomach tych stwierdzono: 73 geny kodujące białka, 36 genów kodujących tRNA i cztery geny rRNA. W kompleksie *Pinus mugo* wykryto pięć wysoce zmiennych sekwencji (hotspots), dla których uśredniona różnorodność nukleotydowa wyniosła  $P_i = 0,00036$ . Z kolei, w porównaniu cpDNA gatunków z kompleksu *Pinus mugo* z *P. sylvestris* wykazano dziewięć sekwencji typu hotspots, dla których średnie  $P_i$  było równe 0,00174. Te niewysokie wartości  $P_i$ , poskutkowały brakiem możliwości odróżnienia *P. mugo*, *P. uncinata* i *P. rotundata* nawzajem od siebie. W efekcie te trzy sosny grupowały się razem w analizach

filogenetycznych przeprowadzonych w oparciu o metodę maksymalnej wiarygodności (maximum likelihood; ML) oraz wnioskowania bayesowskiego (Bayesian Inference; BI). Obiecującym wynikiem, w świetle prowadzonych poszukiwań markerów diagnostycznych, pochodzącym z pierwszej publikacji rozprawy doktorskiej Pani J. Sikory, jest stwierdzenie sekwencji mikrosatelitarnego cpDNA, które mogą potencjalnie służyć do odróżniania *P. mugo*, *P. rotundata* i *P. uncinata* nawzajem od siebie i od *P. sylvestris*. Jednak wymaga to zweryfikowania w próbie obejmującej większą liczbę osobników.

Mam dwie uwagi natury technicznej do publikacji z czasopisma *Plants* z 2021 r. Po pierwsze, w opisie metody identyfikacji sekwencji mikrosatelitarnych (rozdz. 3.5) brakuje informacji, że parametrem, na podstawie którego dokonywano tej identyfikacji była liczba powtórzeń (repetition) określonego motywu SSR. Informacja taka wydaje się co prawda oczywista i jest zawarta w tabeli 3, ale opis metody powinien być jednoznaczny. Po drugie, w rozdziale 3.6 „Phylogenetic Inference” pominięto informację, że analizy filogenetyczne z zastosowaniem metod ML i BI przeprowadzono dla 16. taksonów drzew iglastych także w oparciu o sekwencję *ycf1*, co pokazuje rycina 5. Moje pytanie do Pani Joanny Sikory jest następujące: dlaczego w tej pracy do generowania drzewa filogenetycznego w oparciu o jedną sekwencję wybrała Pani akurat fragment *ycf1*? Moje pytanie wynika z faktu, że dystans genetyczny K2p dla *sosen*, obliczony w oparciu o sekwencję *ycf1* i pokazany na rycinie 4B, jest niższy niż np. dla odcinka *psaM-trnS*, więc użyteczność sekwencji *ycf1* w definiowaniu przedstawicieli z kompleksu *Pinus mugo* była mało prawdopodobna.

W drugiej publikacji składającej się na rozprawę doktorską Doktorantka badała użyteczność regionu jądrowego cistronu rybosomalnego ITS2 w odróżnianiu taksonów należących do kompleksu *Pinus mugo* oraz generalnie do rodziny Pinaceae. W tym celu mgr J. Sikora wykorzystowała 20 sekwencji ITS2 uzyskanych metodą NGS dla taksonów z kompleksu *Pinus mugo*, tj. *P. mugo*, *P. uliginosa*, *P. rotundata*, *Pinus x rhaetica*, dwie sekwencje *P. sylvestris* oraz 346 sekwencji różnych przedstawicieli rodziny Pinaceae zdeponowanych w GenBanku. W sumie analizie poddano 71 taksonów z rodziny sosnowatych. Region ITS2 należy do szeroko stosowanych w analizach filogenetycznych roślin i zwierząt sekwencji barkodowych, ale doniesień na temat jego wykorzystania w badaniu pokrewieństwa *sosen* jest niewiele. Okazało się, że sosny z kompleksu *Pinus mugo* nie wykazują zmienności w sekwencji ITS2, a zatem nie jest możliwe ich rozróżnienie. Na poziomie rodzaju, najwięcej miejsc zmiennych odnotowano w rodzaju *Pinus* (nieco ponad 70%), a na poziomie podrodziny - Pinoideae i Abietoideae charakteryzowały się ponad dwukrotnie większą liczbą miejsc zmiennych w porównaniu do Laricoideae. Generalnie, region ITS2 wydaje się mieć zastosowanie w analizach filogenetycznych przedstawicieli sosnowatych tylko wówczas, gdy grupa obejmuje taksony mniej ze sobą spokrewnione, czyli należące do różnych rodzajów.

Mam kilka uwag i pytań dotyczących tej pracy. W tabeli S2 zostały wymienione taksony wraz z numerami dostępu do GenBanku wykorzystane w tej publikacji. Moim zdaniem, warto byłoby dodać jeszcze kolumnę zawierającą informacje o lokalizacji, z której dana próba pochodziła. Czy inne taksony, które w analizie filogenetycznej grupują się razem z *P. mugo*, *P. rotundata* i *Pinus x rhaetica* także występują w górach południowej i środkowej Europy? Dyskusyjne w mojej opinii jest zamieszczanie dwukrotnie tych samych wyników.

Chodzi o ryciny 1 i 2, które pokazują dokładnie te same dane, co tabele S4 i S5, odpowiednio. Jednak fakt, że obie tabele znajdują się w dostępnych on-line materiałach uzupełniających jest pewnym wyjaśnieniem tej sytuacji. W tabeli S5 nie dodano, że dane liczbowe są wyrażone w procentach. I trzecia najważniejsza uwaga, dlaczego ani w tabeli S2, ani na drzewie filogenetycznym nie ma czterech osobników *P. uliginosa* pochodzących z polskich rezerwatów przyrody „Torfowisko pod Węgleńcem” i „Wielkie Torfowisko Batorowskie”? Osobniki te zostały wymienione w tabeli S3 obejmującej osobniki z kompleksu *Pinus mugo* zsekwencjonowane na potrzeby obecnej pracy.

Czytając i analizując tę publikację nasunęło mi się pytanie, dlaczego Doktorantka ograniczyła analizę jedynie do regionu ITS2? Już w roku 1996 Marocco i in. (DNA Sequence 6: 175-177) wykazali u *Pinus pinea*, że ITS2 jest znacznie krótszy i ewoluuje znacznie wolniej niż ITS1. Pani Joanna Sikora wyjaśniła, co prawda, że region ITS1 u nagozależkowych zawiera podjednostki tandemowo powtarzające się, co znacznie wydłuża ten odcinek DNA i sprawia trudności w jego sekwencjonowaniu. Z pewnością tak jest, ale prace z końca lat 90-tych XX w. (oprócz Marocco i in. 1996, także Quijada i in. 1998, Theoretical and Applied Genetics) pokazały, że zadanie to nie jest niemożliwe, dlatego pewien niedosyt spowodowany brakiem próby wygenerowania tej sekwencji we mnie pozostał.

Na szczęście uczucie to nie trwało długo, ponieważ kolejna praca wchodząca w skład rozprawy doktorskiej bazuje nie tylko na analizach kompletnej sekwencji ITS, ale także na sześciu innych zestawach sekwencji jądrowego, chloroplastowego oraz mitochondrialnego DNA u czterech przedstawicieli kompleksu *Pinus mugo*: *P. mugo*, *P. uncinata*, *P. uliginosa* i *P. rotundata* oraz dwóch innych taksonów sosen: *P. sylvestris* i *Pinus x rhaetica*, uzyskanych metodą przeczesywania genomu. Połączone sekwencje w poszczególnych zestawach miały długość od 1021 do ponad 45 tys. par zasad. W celu wyznaczenia taksonów, siedem zestawów otrzymanych sekwencji analizowano trzema metodami, tj. (1) konstruując drzewa filogenetyczne metodą maksymalnej wiarygodności, (2) obliczając wartości dystansu genetycznego w oparciu o model Kimury K2P i zakładając, że identyfikacja taksonu zakończyła się sukcesem, gdy minimalny międzygatunkowy dystans genetyczny był większy niż maksymalna wartość dystansu wewnątrzgatunkowy oraz (3) stosując analizę Assemble Species by Automatic Partitioning (ASAP) w oparciu o model Kimury K80. W tej publikacji zbadano także poziom zróżnicowania genetycznego pomiędzy badanymi populacjami i taksonami w oparciu o haplotypy cpDNA i mtDNA oraz przy pomocy analizy głównych współrzędnych (PCoA).

Najwyższy udział zmiennych pozycji nukleotydowych w kompleksie *Pinus mugo* odnotowano dla sekwencji z obszarów cpDNA określanych jako hotspots (zestaw G), chociaż zestaw połączonych sekwencji był zdecydowanie najkrótszy. Natomiast najniższą frekwencję miejsca polimorficzne osiągnęły w sekwencji ITS (zestaw E). Badania pokazały różną skuteczność wybranych metod i zestawów sekwencji DNA w wyznaczeniu odrębności taksonomicznych wśród badanych sosen. Analiza ML najwyższą moc dyskryminacyjną wykazała dla zestawu sekwencji wysoce zmiennych, gdyż zostały wskazane trzy spośród sześciu taksonów: *P. uncinata*, *P. sylvestris* i *P. x rhaetica*, z najwyższą wartością bootstrap 75% dla ostatniego z wymienionych taksonów. Metoda wykorzystująca dystans genetyczny

również pozwoliła wyodrębnić te same trzy taksony w oparciu o zestaw sekwencji hotspots. Z kolei metoda ASAP dała bardzo zróżnicowane wyniki. Niektóre zestawy sekwencji pozwalały na wyróżnienie 2 – 3 grup osobników, przy czym skład grup zazwyczaj zmieniał się w zależności od analizowanych fragmentów DNA, inne wskazywały, że niemal każdy osobnik jest odrębny. Dowodzi to, że ostatnia z zastosowanych metod do delimitacji taksonów sosen jest najmniej skuteczna.

Analiza chlorotypów (cpDNA) wykazała wyraźnie odrębne dwie grupy, jedną obejmującą *P. sylvestris* i *P. x rhaetica* oraz drugą z taksonami z kompleksu *Pinus mugo*. Dwa chlorotypy w kompleksie *Pinus mugo* były współdzielone pomiędzy różnymi taksonami. Haplotypów mitochondrialnych było o kilka więcej, nie były one współdzielone pomiędzy różnymi sosnami, ale także nie tworzyły wyraźnie odrębnych skupień dla poszczególnych taksonów lub grup taksonów. Na PCoA, wykonanym w oparciu o sekwencje wysoce zmienne, widać dwa skupienia osobników, jedno z sosnami z kompleksu *Pinus mugo*, drugie z *P. sylvestris* i *P. x rhaetica*. Biorąc pod uwagę fakt, że *P. rotundata* jest stosunkowo licznie reprezentowany w tej analizie, można stwierdzić, że podobieństwo genetyczne pomiędzy próbkami reprezentującymi różne taksony wydaje się często większe niż między niektórymi próbkami *P. rotundata*. Wynik ten sugeruje, że zmienność genetyczna lokalnych populacji *P. rotundata* ma charakter unikalny. Natomiast trudno mi odnieść się do wyników ostatniej analizy w tej pracy, mianowicie do porównania dystansów genetycznych 2KP dla par populacji w oparciu o międzygenowe odcinki cpDNA i fragmenty hotspots, ponieważ próby populacyjne są bardzo małe. Zawierają zaledwie od jednego do maksymalnie trzech osobników, więc otrzymane wyniki mogą być skutkiem przypadku. Od strony edytorskiej zmieniałabym orientację tabeli S1 w rozprawie doktorskiej, bo początek tej tabeli jest niemożliwy do przeczytania ze względu na zszycie manuskryptu (w materiałach on-line ma ona orientację poziomą, tak jak być powinno). Niejasne jest dla mnie także, dlaczego w zestawieniu materiałów dodatkowych tabele i rysunki są nawzajem ze sobą przemieszane, np. tabela S4 pojawia się pomiędzy rycinami S5 i S6.

Moim zdaniem do najważniejszych wyników otrzymanych w ostatniej publikacji składającej się na rozprawę doktorską Pani Joanny Sikory należą: (1) wykazanie braku możliwości zastosowania sekwencji jądrowej ITS do rozróżniania taksonów sosen, (2) wykazanie pewnej odmienności genetycznej populacji *P. rotundata* w stosunku do polskich populacji *P. uliginosa*, (3) ukazanie, że *P. uncinata* reprezentuje prawdopodobnie odrębną grupę ewolucyjną w kompleksie *Pinus mugo*, oraz (4) udokumentowanie, że *Pinus x rhaetica* nie jest tożsamy ani z *P. uliginosa*, ani *P. rotundata*, gdyż genetycznie jest bliżej spokrewniony z *P. sylvestris*, gatunkiem nienależącym do kompleksu *Pinus mugo*. Ten ostatni wynik jest niezwykle istotny z punktu widzenia ochrony sosny błotnej w Polsce, która w Rozporządzeniu Ministra Środowiska „W sprawie Ochrony Gatunkowej Roślin” z dnia 9 października 2014 r. figuruje jako *Pinus x rhaetica*. Podsumowując, metoda przeczesywania genomu pozwoliła uzyskać zestawy danych molekularnych, które nie są co prawda diagnostyczne dla sosen z kompleksu *Pinus mugo*, niemniej jednak pokazują, że badane taksony podlegają procesom różnicowania się.

Moje trzy ostatnie pytania do Pani Joanny Sikory brzmią następująco:

1. Które z badanych sekwencji uważa Pani za najtrudniejsze do analizy i interpretacji wyników?

2. Czy w odniesieniu do badanego kompleksu sosen, w związku z ich potencjalną hybrydyzacją, prawdziwe może być stwierdzenie, że różne taksony występujące sympatrycznie są do siebie bardziej genetycznie podobne niż populacje allopatryczne tego samego taksonu?

3. Które taksony sosen z kompleksu *Pinus mugo* można uznać za gatunki w świetle morfologicznej, biologicznej i filogenetycznej definicji gatunku?

### **Wniosek końcowy**

**Niewątpliwie przedłożona do oceny rozprawa doktorska mgr Joanny Sikory stanowi oryginalne rozwiązanie problemu badawczego jakim jest próba wyjaśniania zależności pokrewieństwa pomiędzy taksonami z kompleksu *Pinus mugo*.** Doktorantka wykorzystwała szerokie spektrum sekwencji DNA, dziedziczonych jedno- i dwurodzicielsko, uzyskanych przy pomocy metody przeczesywania genomu oraz sekwencjonowania nowej generacji, oraz udowodniła, że posługuje się bardzo dobrym warształem metodycznym. Swoje wnioski opierała, bowiem, na porównaniu wyników pochodzących z różnych analiz. Ponadto Doktorantka uwzględniła w analizach dane dotyczące wielu innych taksonów z rodziny Pinaceae, co pozwoliło jej spojrzeć na problemy taksonomiczne w kompleksie *Pinus mugo* w znacznie szerszym kontekście. **Sposób wprowadzenia w problematykę poszczególnych publikacji (rozdziały Introduction) oraz prowadzenia dyskusji pokazują, że Doktorantka jest doskonale zorientowana w ogólnej wiedzy teoretycznej z zakresu nauk biologicznych, a zastosowane metody dowodzą, że dysponuje nowoczesnym warształem badawczym, który pozwolił jej uzyskać oryginalne wyniki i zrealizować postawione cele.** Przeprowadzone badania zostały bardzo dobrze zaplanowane, gdyż pojawiające się w toku prac pytania i wątpliwości były weryfikowane w kolejnej publikacji. Publikacje są starannie przygotowane (poza kilkoma niewielkimi wyjątkami wspomnianymi wyżej) i napisane ze znajomością terminologii naukowej, czyta się je z wielkim zainteresowaniem. W związku z powyższym **stwierdzam, iż oceniana rozprawa doktorska pt. „Zastosowanie metody przeczesywania genomu do charakterystyki różnorodności genetycznej blisko spokrewnionych taksonów z kompleksu *Pinus mugo*” spełnia warunki określone w art. 187 Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz.U. 2018 r., z późniejszymi zmianami).** Wnioskuje zatem do Rady Dyscypliny Nauki Biologiczne Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu o dopuszczenie Pani mgr Joanny Sikory do dalszych etapów postępowania doktorskiego.

*Katarzyna Jadwiszczak*

dr hab. Katarzyna Jadwiszczak, prof. UwB