

dr hab. inż. Magdalena Simlat, prof. URK
Katedra Fizjologii, Hodowli Roślin i Nasiennictwa
Wydział Rolniczo-Ekonomiczny
Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie
ul. Łobzowska 24, 31-140 Kraków

Recenzja

rozprawy doktorskiej pt.:

„Wielopłaszczyznowa analiza molekularnych mechanizmów odporności u pszenicy zwyczajnej w odpowiedzi na porażenie przez rdzę brunatną”

wykonanej w Katedrze Genetyki i Hodowli Roślin Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu pod kierunkiem prof. UPP dr hab. Agnieszki Tomkowiak

Autor rozprawy mgr inż. Julia Dominika Spychała

Pani mgr inż. Julia Dominika Spychała jest absolwentką Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu. Tytuł zawodowy magistra inżyniera uzyskała w 2020 roku na kierunku Biotechnologia, realizowanym na Wydziale Rolnictwa, Ogrodnictwa i Biotechnologii. W czasie dalszego kształcenia w Szkole Doktorskiej Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu Pani mgr inż. Julia Spychała odbyła dwumiesięczny staż w ramach programu Erasmus+ na Universitat Politècnica de València w Hiszpanii. Była również wykonawcą w projekcie SONATA finansowanym przez Narodowe Centrum Nauki oraz wykonawcą w projekcie finansowanym przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi. Jest autorem 12 artykułów opublikowanych w czasopiśmie z listy JCR. W trzech artykułach jest pierwszym autorem i prace te wchodziły w skład cyklu publikacji rozprawy doktorskiej. Doktorantka jest również autorem 9 doniesień konferencyjnych o zasięgu krajowym i międzynarodowym. Dotychczas nie ubiegała się o nadanie stopnia doktora.

Przedstawiona do recenzji rozprawa doktorska dotyczy analizy mechanizmów molekularnych odporności pszenicy zwyczajnej na rdzę brunatną. Zagadnienie to jest niezwykle istotne z uwagi na fakt, że pszenica jest jednym z najważniejszych gatunków roślin uprawnych o globalnym zasięgu. Należy także podkreślić, że ze względu na złożony mechanizm odporności, a jak dotąd zidentyfikowano około 100 genów odporności na rdzę brunatną, podjęty temat jest także niezwykle trudny i wpisuje się w szeroko podjęte badania realizowane przez różne grupy badawcze. Doktorantka w swoich badaniach skupiła się na trzech genach *Lr* nadających rasowo-niespecyficzną ale zarazem bardziej trwałą odporność w stadium dorosłej rośliny. Geny te są obecnie wykorzystywane w programach hodowlanych ale nowym i niezwykle ważnym aspektem omawianym w niniejszej rozprawie jest piramidyzacja genów odporności w celu uzyskania skuteczniejszej ochrony roślin przed patogenem. Aby realizować takie podejście z pewnością konieczne jest określenie na poziomie molekularnym mechanizmów działania każdego pojedynczego genu jak również ich interakcji. Badania Pani Julii Spychały z pewnością wpisują się w ten trend. Doktorantka przeprowadziła bowiem oprócz analiz ekspresji genów głównych także analizy ekspresji cząsteczek miRNA komplementarnych do badanych genów, a więc potencjalnie zaangażowanych w ich

regulację. Uzyskane przez Doktorantkę wyniki dostarczają wielu nowych informacji i z pewnością stanowią rzetelną podstawę do dalszych badań.

Na rozprawę składa się monografia oraz cztery wieloautorskie publikacje opublikowane w latach 2023-2024 w czasopiśmie obejmujących dziedziny nauk o życiu. Całość stanowi spójny tematycznie zbiór, przy czym monografia zawiera także nowe dane nie ujęte we wskazanych publikacjach. Cykl publikacji rozprawy doktorskiej obejmuje następujące pozycje:

1. Tomkowiak A., Bobrowska R., Kwiatek M.T., **Spychała J.***, Kuczyński J., Tyczewska A., Kowalczewski P.Ł., Weigt D., Kosiada T. (2023) Analysis of miRNA expression associated with gene *Lr34* responsible for resistance mechanisms to wheat leaf rust. *Pak. J. Bot.*, 55(1). [http://dx.doi.org/10.30848/PJB2023-1\(6\)](http://dx.doi.org/10.30848/PJB2023-1(6))
IF = 0,90; MEiN= 40 pkt
2. **Spychała J.**, Tomkowiak A., Noweiska A., Bobrowska R., Bocianowski J., Książkiewicz M., Sobiech A., Kwiatek M.T. (2023) Expression profiling of the *slow rusting* resistance genes *Lr34/Yr18* and *Lr67/Yr46* in common wheat (*Triticum aestivum* L.) and associated miRNAs patterns. *Genes*, 14, 1376. <https://doi.org/10.3390/genes14071376>
IF = 2,80; MEiN = 100 pkt
3. **Spychała J.**, Tomkowiak A., Noweiska A., Bobrowska R., Rychel-Bielska S., Bocianowski J., Wolko Ł., Kowalczewski P.Ł., Nowicki M.*, Kwiatek M.T. (2024) Expression patterns of candidate genes for the *Lr46/Yr29* "slow rust" locus in common wheat (*Triticum aestivum* L.) and associated miRNAs inform of the gene conferring the *Puccinia triticina* resistance trait. *PLoS ONE* 19(9): e0309944. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0309944>
IF = 2,90; MEiN = 100 pkt
4. **Spychała J.**, Tomkowiak A., Noweiska, A., Bobrowska R., Bocianowski J.*, Sobiech A., Kwiatek M.T. (2024) Diversity of expression patterns of *Lr34*, *Lr67* and candidate genes towards *Lr46* with analysis of associated miRNAs in common wheat hybrids in response to *Puccinia triticina* fungus. *Curr. Issues Mol. Biol* 46, 5511–5529. <https://doi.org/10.3390/cimb46060329>
IF = 2,80; MEiN = 70 pkt

Sumaryczny IF publikacji, zgodnie z rokiem opublikowania prac wynosi 9,4, zaś suma punktów MEiN wynosi 310. Doktorantka jest pierwszym autorem trzech wymienionych prac, w jednej pracy, gdzie nie jest pierwszym autorem została wskazana jako autor korespondencyjny (*). W każdej z publikacji Doktorantka wskazuje iż była odpowiedzialna za przeprowadzenie badań, zbieranie danych, analizę wyników i ich interpretację, sformułowanie wniosków oraz opracowanie finalnej wersji manuskryptu. Zgodnie z załączonymi oświadczeniami współautorów można uznać, że udział Doktorantki we wskazanych aktywnościach był znaczący.

Ponieważ publikacje zostały już ocenione przez recenzentów wybranych przez redakcje czasopism, dlatego w mojej recenzji skupię się przede wszystkim na strukturze rozprawy doktorskiej, stronie merytorycznej i spójności wyników prezentujących rozwiązanie podjętego problemu badawczego.

Struktura rozprawy

Rozprawa rozpoczyna się stroną tytułową, za którą znajduje się wykaz prac naukowych wchodzących w skład cyklu publikacji rozprawy doktorskiej. Na kolejnej stronie znajdują się podziękowania, a dalej na dwóch nienumerowanych stronach oświadczenia Doktorantki oraz promotora. Na kolejnych numerowanych stronach znajdują się: spis treści, wykaz skrótów, streszczenia w języku polskim i angielskim (każde obejmuje jedną stronę), wprowadzenie (trzyście stron) oraz zasadnicza część

monografii obejmująca 56 stron. W tej części dysertacji Doktorantka przedstawiła hipotezę i cel pracy, materiały i metody badawcze, omówienie uzyskanych wyników, dyskusję, podsumowanie i wnioski. Część merytoryczną kończy wykaz wykorzystanej literatury przedstawiony na 13 stronach. Kolejnym elementem dysertacji są kopie prac naukowych wchodzących w skład cyklu publikacji rozprawy doktorskiej, a następnie oświadczenia współautorów wskazujące na zakres ich udziału w przygotowaniu każdej z nich.

Na oddzielnych stronach poza dysertacją znajduje się życiorys, wykaz osiągnięć naukowych Doktorantki oraz opinia promotora.

Struktura rozprawy jest prawidłowa i zawiera elementy typowe dla tego typu opracowań.

Ocena merytoryczna

Streszczenie

Streszczenia w języku polskim i angielskim charakteryzują założenia pracy doktorskiej i prezentują najważniejsze osiągnięcia uzyskane w toku realizacji badań.

Hipoteza badawcza

Przedstawiona hipoteza, moim zdaniem jest raczej ogólnym założeniem, w myśl którego przeprowadzono określone analizy. Nie ma tu domyślnie jasno postawionego pytania dotyczącego badanego zagadnienia, na które Doktorantka stara się znaleźć odpowiedź, a jedynie założenie zasadności przeprowadzenia określonych analiz.

Cel

Ogólny cel rozprawy doktorskiej został szczegółowo opisany w czterech punktach, z których każdy został w pełni zrealizowany.

Materiały i metody

W pierwszym podpunkcie tego rozdziału Doktorantka opisuje materiał badawczy, a w następnym zastosowane metody.

Jako materiał badawczy Doktorantka wykorzystała 11 odmian pszenicy zwyczajnej pochodzących z banków genów, pięć odmian pochodzących z polskich spółek hodowlanych. Doktorantka wykorzystała także pokolenia F1, F2 i BC1F1 otrzymane ze skrzyżowania odmiany Glenlea o wysokim stopniu odporności na badanego patogena z dobrze plonującymi odmianami pochodzącymi z polskiej hodowli. Przedstawiony na Rycinie 2 schemat uzyskania pokoleń potomnych wskazuje iż pokolenie F1 otrzymano w pięciu wariantach kombinacji krzyżówkowych, a w każdym przypadku formą mateczną była odmiana Glenlea (Glenlea x pięć odmian polskich), przy czym dla dwóch z nich otrzymano kolejne pokolenie F2 zaś dla trzech pokolenia z krzyżowań wstecznych BC1F1. Schemat krzyżowań w konfrontacji z późniejszymi informacjami nie jest jednak spójny. Zamieszczone bowiem zapisy wykonanych krzyżowań w tabeli 8 i 9 oraz przedstawione w tekście monografii sugerują, że formą ojcowską do przeprowadzonych krzyżowań była odmiana Glenlea. Taka niespójność funkcjonuje także w publikacji P4. **Proszę w trakcie obrony wyjaśnić jaki był schemat przeprowadzonych krzyżowań. Proszę także o wyjaśnienie co było podstawą do wyboru odmian do uzyskania pokolenia F2 i BC1F1.**

Muszę także zwrócić uwagę, na niespójność nazw dwóch odmian zamieszczonych w tabeli 1 (Lp. 2 i 3) z nazwami odmian zamieszczonymi w publikacji P1.

W części dotyczącej metod badawczych Doktorantka szczegółowo opisuje zastosowane metody, co dobrze wprowadza czytelnika w kolejne etapy przeprowadzonych badań. Na wstępie Doktorantka opisuje izolację genomowego DNA z odmian pszenicy i pokoleń potomnych w celu identyfikacji markerów molekularnych związanych z genami *Lr34*, *Lr67* i genami kandydującymi dla *Lr46*.

Następnie opisuje sposób inokulacji roślin zarodnikami patogena oraz kolejne etapy analizy ekspresji genów *Lr*. W dalszej kolejności przedstawia sposób izolacji miRNA oraz analizy ekspresji cząsteczek miRNA związanych z genem *Lr34* oraz genami kandydującymi dla *Lr46*. Brakuje mi jednak w tym rozdziale wskazania jaką metodę Doktorantka zastosowała do znormalizowania ekspresji badanych genów wykonując RT-qPCR. **Proszę o uzupełnienie tej informacji w trakcie obrony rozprawy doktorskiej.**

Muszę także zwrócić uwagę na temperaturę przechowywania preparatów cDNA – na stronie 27 Doktorantka podaje, że było to 20 °C. Zakładam, że jest to tylko błąd edytorski.

W ostatnim podrozdziale Doktorantka wyczerpująco przedstawia zastosowane testy i analizy statystyczne.

Wyniki

Rozdział Wyniki został podzielony na spójne tematycznie podrozdziały, obejmujące zarówno wyniki zamieszczone w publikacjach jak również niepublikowane. Wyniki zostały prawidłowo opisane i udokumentowane przedstawiając zarówno ekspresję genów głównych, genów kandydujących do locus *Lr46* oraz komplementarnych cząsteczek miRNA. Ważnym punktem wyników jest analiza korelacji pomiędzy ekspresją badanych genów głównych oraz zestawienie ekspresji genów głównych w relacji do ekspresji komplementarnych do nich cząsteczek miRNA. Moim zdaniem, jednym z ważniejszych uzyskanych wyników jest wskazanie roli w odpowiedzi na infekcję genu *Lr46-Glu2*, jako jednego z puli genów kandydujących do locus *Lr46* będącego obiektem badań niniejszej rozprawy. Niezwykle ważnym jest także wskazanie na udział cząsteczki miRNA *tae-miR9653b* w procesie regulacji reakcji odpornościowej warunkowanej genem *Lr34*.

W opisie wyników Doktorantka nie uniknęła jednak pewnych błędów i niejasności. W podrozdziale 7.1 Doktorantka opisuje wyniki identyfikacji markerów sprzężonych z badanymi genami odporności. Przedstawione wyniki dotyczą odmian oraz pokoleń F1, F2 i BC1F1. Wyniki identyfikacji markera dla genu *Lr34* w odmianach zagranicznych opisane zostały w publikacjach P1 i P2. Nie znajduję jednak informacji dotyczących weryfikacji obecności markerów w polskich odmianach, które stanowiły jedną z form rodzicielskich badanych pokoleń potomnych.

Proszę o wyjaśnienie, czy polskie odmiany poddano weryfikacji na obecność testowanych w pracy markerów.

Wyniki weryfikacji markerów dla pokolenia F1 zawarte zostały w części opisowej rozprawy oraz publikacji P4 natomiast wyniki dla F2 i BC1F1 zawarte zostały w części opisowej rozprawy i nie wchodzi w skład żadnej z publikacji będącej częścią dysertacji. Nie znalazłam jednak nigdzie informacji o liczbie roślin poddanych weryfikacji. Jedynie z tabeli 9 (str. 37) wynika, że dla pokoleń BC1F1 było to 12, 10 i 29 zaś dla pokoleń F2 15 i 5.

Proszę o podanie liczby roślin F1, F2 i BC1F1 poddanych weryfikacji na obecność markerów molekularnych. Jeśli prawdą jest to co wywnioskowałam z tabeli 9, że dla pokoleń F2 przebadano 15 i 5 roślin, to proszę o wyjaśnienie z czego wynika ta niewielka liczba roślin poddanych analizie. Proszę także o wyjaśnienie, czy pokolenie BC1F1 oraz F2 dla każdej kombinacji krzyżówkowej jest potomstwem określonej rośliny F1, dla której wynik jest podany w tabeli 8.

Proszę także o doprecyzowanie, jaki obraz markera dla genu *Lr34* wskazywał na heterozygotyczność, co w tabeli 8 i 9 zostało oznaczone jako „H” – „heterozygota”.

W tabeli 9 Doktorantka wskazuje, na procentowy udział określonych form nazywając je „heterozygota” i „homozygota”. Przy czym błędnie, według mnie ten udział podaje łącznie dla wszystkich kombinacji krzyżówkowych, pokoleń potomnych F2 oraz BC1F1. Wszak przecież rozkład markera w pokoleniu potomnym F2 i BC1F1 z założenia wykazywać będzie inną segregację. Uważam,

że taka charakterystyka powinna odnosić się oddzielnie dla każdego pokolenia potomnego każdej kombinacji krzyżówkowej. Ponadto, Doktorantka błędnie podaje wartości procentowe, czego przykładem jest udział form homozygotycznych wobec markera *csLV34*. Doktorantka podaje, że było to 6%, zaś z tabeli 9 wynika, że było ich nominalnie 6.

Ponadto, w podrozdziale 7.1 Doktorantka błędnie pisze „odmiana” opisując wynik dla „*Herenda x Glenlea*”, a więc nie dla odmiany tylko dla mieszańca F1, a dalej błędnie wskazuje na tabelę 7 zamiast na tabelę nr 8.

W tym rozdziale zdarzają się także inne nieścisłości obejmujące opis rycin niezgodnie z ich kolejnością umieszczenia w manuskrypcie na przykład: w opisie wyników Doktorantka najpierw opisuje wyniki związane z ryciną 4, a później z ryciną 3.

W podrozdziałach 7.4 i 7.5 brak opisu wyników dotyczących ekspresji komplementarnych cząsteczek miRNA na co wskazują tytuły obu podrozdziałów.

Mam wątpliwości co do opisu wyników w podpunkcie 7.8 odnoszących się do tabeli 9. Doktorantka podaje, że zgodnie z tą tabelą „*gen Lr34 zidentyfikowany u Merkawa x Glenlea występował w formie homozygotycznej*”. Analizując jednak wyniki zamieszczone w tabeli 9 nie znajduję wskazania aby obiekty o liczbie porządkowej 67-71 (Merkawa x Glenlea) zostały zidentyfikowane jako homozygota.

Proszę o ustosunkowanie się do tej uwagi.

Dyskusja

Dyskusja stanowi wartościową syntezę uzyskanych wyników przedstawionych w artykułach źródłowych w konfrontacji z danymi własnymi Doktorantki. Nie mniej jednak uważam, że zbyt szczegółowo i obszernie Doktorantka odwołuje się do wyników własnych włączając tu ponownie wskazanie tabel i rycin.

Podsumowanie i wnioski

W ostatnim rozdziale monografii Doktorantka przedstawiła krótkie podsumowanie i sformułowała 12 wniosków. W podsumowaniu Doktorantka wskazuje na konieczność dalszych badań szczególnie w zakresie identyfikacji nowych markerów molekularnych umożliwiających skuteczną selekcję materiałów hodowlanych oraz cząsteczek miRNA i ich udziału w molekularnej odpowiedzi na stres biotyczny wywołany infekcją. Wnioski są zgodne z celem pracy i odpowiadają także przedstawionym celom szczegółowym. Chociaż wnioski są poprawne, to uważam, że można je było jednak lepiej zrehabilitować, gdyż niektóre z nich mają raczej charakter podsumowania uzyskanych wyników.

Spis literatury

Spis obejmuje 145 pozycji literatury, co wskazuje na dobrą znajomość badanego problemu. Warto podkreślić, że z wyjątkiem jednej pozycji wszystkie są publikacjami anglojęzycznymi. Nie mniej jednak opracowanie to nie zostało przygotowane w sposób wystarczająco staranny. Jest w nim wiele błędów edytorskich, a poszczególne pozycje literatury nie zostały prawidłowo i jednolicie sformatowane.

Ocena spójności tematycznej

Przedstawiona mi do recenzji rozprawa jest wartościowym opracowaniem naukowym stanowiącym oryginalne rozwiązanie podjętego problemu badawczego. Badania zostały logicznie zaplanowane i zrealizowane przy doborze właściwych metod i materiałów. Uważam, że prezentowane wyniki badań spełniają również ważny formalny wymóg spójności tematycznej, gdyż dotyczą ekspresji trzech ważnych genów odporności na rdzę brunatną oraz regulacji ich ekspresji na poziomie miRNA. Osiągnięcia opisane w części rozprawy będącej monografią stanowią uzupełnienie i częściowo opis badań będących podstawą załączonych publikacji. Szczególnie ważnym osiągnięciem wynikającym z przeprowadzonych badań jest wskazanie istotnej roli w odpowiedzi na infekcję genu *Lr46-Glu2*, jako

jednego z puli genów kandydujących do locus *Lr46* będących obiektem badań niniejszej rozprawy. Niezwykle ważnym jest także wskazanie na udział *tae-miR9653b* w procesie regulacji reakcji odpornościowej warunkowanej genem *Lr34*. Uzyskane wyniki poszerzają dotychczasową wiedzę ale ponadto mogą znaleźć zastosowanie w praktycznej hodowli, tym bardziej, że były finansowane przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi w ramach Postępu Biologicznego. Wskazują na to informacje zawarte w trzech publikacjach wchodzących w skład dysertacji.

Uwagi do pracy

Pomimo, iż przedstawioną mi do recenzji rozprawę od strony merytorycznej oceniam wysoko, to mam jednak kilka uwag technicznych dotyczących jakości jej opracowania. Wskazuję je dotrzymując obowiązku recenzenta, choć jednocześnie zaznaczam, że nie mają one wpływu na moją ocenę osiągnięć przedstawionych w rozprawie. Uwagi te dotyczą przede wszystkim niepublikowanej części wyników dysertacji co może być pomocne w przygotowaniu tych wyników do publikacji.

1. Doktorantka używa określenia 'mieszańce/formy mieszańcowe pszenicy', w kontekście otrzymanych pokoleń potomnych F2 i BC1F1. Są to pokolenia potomne otrzymane w wyniku odpowiedniego rozmnożenia roślin pokolenia F1. Jedynie pokolenie F1 mogłoby być w tym przypadku określone jako mieszańcowe, gdyż jak podaje Doktorantka otrzymano je ze skrzyżowania dwóch odmian pszenicy zwyczajnej.
2. Nazwy genów oraz ich skróty/symbole, także nazwy łacińskie gatunków roślin podane w tekście dysertacji, jak również w cytowanych pozycjach literatury należy zapisać kursywą.
3. Czasami w tekście pojawiają się skróty myślowe, czego należy się wystrzegać w tego typu opracowaniach: np. „gen *Lr46-Glu2* w odmianie Argitas* amplifikował fragment sekwencji...” (strona 41); „Wyniki otrzymane w publikacji” (strona 50); „przeprowadzono również analizę statystyczną genów badanych” (strona 55); „analiza statystyczna genów referencyjnych” tytuł tabeli 14).
4. Brak spójności w prezentacji tych samych wyników zawartych w publikacjach oraz w monografii – np. rycina 5 w monografii i odpowiadające jej merytorycznie Figure 2 i Figure 3 w publikacji P2, także rycina 8 w monografii i Figure 3 w publikacji P4 zostały zaprezentowane w odmienny sposób. Być może było to celowe zamierzenie Doktorantki, ale wprowadza zamieszanie w analizie omawianych i prezentowanych w dysertacji wyników.
5. W tytule ryciny 7 i ryciny 9 znajdują się odniesienia do publikacji będących podstawą dysertacji wskazując je jako pozycje w spisie literatury. Konsekwentnie w spisie literatury znajdują się te pozycje. Wydaje mi się jednak, że jest to niepotrzebny zabieg gdyż wprowadza zamieszanie w opisie wyników będących podstawą dysertacji i należało przy tych rycinach wskazać na pozycje P3 i P4.
6. W opisie wyników zamieszczonych w monografii na rycinie 7 znalazło się błędne odniesienie do ryciny 3 prezentującej te wyniki w publikacji P4 będącej częścią dysertacji.
7. W dysertacji zdarzają się błędne/niewłaściwe sformułowania, :
 - „wzorca ekspresji” (strona 45 i 46) - z kontekstu wynika, że raczej chodzi o wzór ekspresji, a nie o wzorzec;
 - „wariancja pomiędzy powtórzeniami” (strona 45) – słowo „wariancja” raczej należałoby zastąpić słowem „różnicowanie”, gdyż jest to pojęcie szersze; wariancja wyraża różnicowanie pomiędzy obiektami, a nie pomiędzy powtórzeniami;
 - „zbadanie historii ewolucyjnej tych odmian” (strona 71) – raczej rodowodu odmian;

- użycie określenia „*genotyp*” w kontekście pokolenia potomnego oraz w odniesieniu do odmiany – genotyp określa konkretnego osobnika, a nie grupę osobników, potomstwo danej pary rodziców może nie być jednorodne pod względem danego genotypu nawet odnoszącego się do pojedynczego genu.

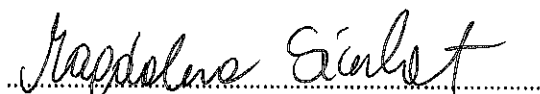
Podsumowanie

Przedstawiona mi do recenzji rozprawa wskazuje na bardzo dobry poziom przygotowania Doktorantki do badań z zakresu genomiki. Autorka realizując pracę opanowała szereg zaawansowanych metod badawczych z zakresu biologii molekularnej, transkryptomiki, bioinformatyki i statystyki. Podjęta przez Doktorantkę tematyka posiada także znaczenie aplikacyjne i uzyskane wyniki mogą znaleźć zastosowanie w hodowli roślin wspomagając selekcję form pszenicy odpornych na rdzę brunatną. Autorka przeprowadziła kompleksową analizę identyfikacji markerów i ekspresji dla trzech genów *Lr* o podobnym mechanizmie działania w indukowaniu szerokiego spektrum odporności.

Oceniana dysertacja spełnia wymogi stawiane rozprawom doktorskim, określone na podstawie art. 187 Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (tekst jednolity Dz. U. z 2021 r., poz. 478). W szczególności wykazuje ogólną wiedzę teoretyczną Pani mgr Julii Dominiki Spychały w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo, prezentuje Jej umiejętność samodzielnego prowadzenia pracy naukowej oraz stanowi oryginalne rozwiązanie problemu naukowego. Wnioskuje zatem do Rady Naukowej Dyscypliny Rolnictwo i Ogrodnictwo Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu o dopuszczenie Pani mgr Julii Dominiki Spychały do dalszych etapów postępowania doktorskiego.

Kraków, dn.

14.01.2025



dr hab. inż. Magdalena Simlat, prof. URK