

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

Kraków, 07.11.2023 r.

Recenzja

rozprawy doktorskiej Pana mgr inż. Adriana Cyplika pt. „Metody estymacji efektów interakcji wyższych rzędów genów determinujących cechy ilościowe na podstawie obserwacji fenotypowych i markerów molekularnych” wykonanej w Katedrze Metod Matematycznych i Statystycznych Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu, pod kierunkiem Prof. UPP dr hab. Jana Bocianowskiego.

Recenzję wykonano na zlecenie prof. dr hab. Andrzeja Blecharczyka – Przewodniczącego Rady Naukowej Dyscypliny Rolnictwo i Ogrodnictwo, Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu w oparciu o pismo RNDRIO-34/4000/2023 z dnia 03.10.2023. Pismo to zawierało informację o powołaniu mojej osoby na recenzenta rozprawy doktorskiej Pana mgr inż. Adriana Cyplika.

Pan mgr inż. Adrian Cyplik jest absolwentem Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu, Wydziału Rolnictwa i Bioinżynierii, kierunku Biotechnologia, gdzie w 2018 roku uzyskał tytuł zawodowy magistra inżyniera. W trakcie studiów magisterskich Pan mgr inż. Adrian Cyplik brał udział w stażu zagranicznym w Natural Resources Institute Finland (LUKE), podczas którego zdobył cenne umiejętności z zakresu projektowania doświadczeń oraz technik molekularnych. Kandydat w 2019 roku rozpoczął studia III stopnia w Szkole Doktorskiej Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo. Jest autorem 17 publikacji, z czego 10 artykułów opublikowano w czasopismach z listy JCR. W sześciu artykułach Doktorant jest pierwszym autorem, w grupie tych prac znajdują się artykuły wykorzystane do przygotowania rozprawy doktorskiej. Kandydat jest również autorem bądź współautorem wystąpień na siedmiu konferencjach naukowych. Dotychczas nie ubiegał się o nadanie stopnia doktora.

Rozprawa doktorska mgr inż. Adriana Cyplika dotyczy możliwości wykorzystania obserwacji fenotypowych oraz markerów molekularnych do estymacji interakcji wyższych rzędów genów warunkujących cechy ilościowe, które ogólnie rzecz biorąc mają wpływ na właściwości użytkowe i cechy agronomiczne roślin uprawnych. Kandydat trafnie wybrał do testowania hipotez badawczych trzy bardzo istotne gatunki roślin użytkowych, dwa będące w grupie czterech gatunków żywiących świat (dostarczających człowiekowi ponad 60% białka i energii) czyli pszenica i kukurydza. Trzecim gatunkiem jest jęczmień roślina ważna dla przemysłu spożywczego oraz będąca podstawowym surowcem dla przemysłu browarniczego, gatunek ten reprezentowany był przez dwa zestawy populacji linii DH testowanych w sumie w 25 środowiskach. Tak wybrany zestaw czterech populacji roślin użytkowych został poddany zaawansowanej analizie statystyczno-genetycznej. Wyniki tej analizy zostały opublikowane w następujących artykułach:

1. Cyplik, A., Bocianowski, J. (2022). Analytical and numerical comparisons of two methods of estimation of additive \times additive \times additive interaction of QTL effects. *Journal of Applied Genetics* (IF 2021: 2,653; punktacja wg MEiN: 140)

2. Cyplik, A., Sobiech, A., Tomkowiak, A., Bocianowski, J. (2022). Genetic Parameters for Selected Traits of Inbred Lines of Maize (*Zea mays* L.). *Applied Sciences* (IF 2021: 2,838; punktacja wg MEiN: 100)

3. Cyplik, A., Czyczyło-Mysza, I.M., Jankowicz-Cieslak, J., Bocianowski, J. (2023). QTL×QTL×QTL Interaction Effects for Total Phenolic Content of Wheat Mapping Population of CSDH Lines under Drought Stress by Weighted Multiple Linear Regression. *Agriculture* (IF 2022: 3,6; punktacja wg MEiN: 140)

Czwarta publikacja zawiera wyniki analiz symulacyjnych:

4. Cyplik, A., Bocianowski, J. (2023). A Comparison of Methods to Estimate Additive-by-Additive-by-Additive of QTL×QTL×QTL Interaction Effects by Monte Carlo Simulation Studies. *International Journal of Molecular Sciences* (IF 2022: 5,6; punktacja wg MEiN: 140)

Sumaryczny IF prac Kandydata (wg roku opublikowania) to 14,691, natomiast sumaryczna liczba punktów ministerialnych (wg roku opublikowania) to 520.

Chciałbym tu podkreślić, że wszystkie prace zostały opublikowane w prestiżowych czasopismach znajdujących się w wykazie JCR i posiadają wysokie współczynniki wpływu. Poza tym prace te zostały ocenione przez recenzentów wybranych przez redakcje czasopism będących ekspertami w danej dziedzinie. Dlatego też w mojej recenzji chciałbym skupić się na strukturze rozprawy doktorskiej, stronie merytorycznej i spójności prezentowanego w każdym artykule tematu jako rozwiązanie ogólnego problemu badawczego.

Hodowla roślin może być traktowana jako nauka zajmująca się interpretacją i wykorzystaniem zjawisk genetycznych w celu kształtowania właściwości biologicznych roślin ale jest to też działalność praktyczna zmierzająca do wytworzenia i zachowania nowych odmian roślin uprawnych. Pan mgr. inż. Adrian Cyplik podjął się trudnego zadania określenia zależności pomiędzy genami warunkującymi cechy ilościowe, które to mają największe znaczenie w kształtowaniu wartości użytkowej roślin uprawnych. Cechy ilościowe warunkowane są przez wiele genów o małych efektach jednostkowych, ponadto są mocno modyfikowane przez szeroko pojęte środowisko (naturalne i antropogeniczne: temperatura, wilgotność, składniki odżywcze gleby i stosowane zabiegi agrotechniczne itp.) są one dziedzicznymi cechami roślin i zwierząt, które charakteryzują się zmiennością ciągłą. Mają one duże znaczenie w rolnictwie ponieważ determinują m.in. wielkość plonu generatywnego i wegetatywnego, ale również odporność na stresy biotyczne i abiotyczne. W odróżnieniu od cech jakościowych (gdzie osobniki można pogrupować w wyraźne klasy fenotypowe) kontrolowanych przez pojedynczy gen, cechy ilościowe determinowane są przez połączone efekty wielu loci genetycznych i interakcji środowiskowych. Jeden gen może wykazywać niewielki wpływ na daną cechę, co sprawia, że ich indywidualny wpływ jest trudny do zidentyfikowania. To znacznie utrudnia proces selekcji, będący podstawowym narzędziem w hodowli roślin. Poza sumującym się efektem wielu genów na ostateczną ekspresję cechy ma jeszcze wpływ interakcja mogąca zmienić finalny efekt wynikający tylko z sumującego się działania wielu genów. Stąd też poznanie interakcji wielu loci cechy ilościowej może pomóc w trafniejszym wyborze osobników do dalszych etapów hodowli. Dlatego dużą zaletą podjętego przez Pana mgr inż. Adriana Cyplika problemu badawczego jest nie tylko jego aspekt poznawczy ale i praktyczny. Do identyfikacji regionów genomowych odpowiedzialnych za te cechy wykorzystywane są m.in. następujące metody statystyczne: mapowanie loci cech ilościowych (QTL), badania asocjacyjne całego genomu (GWAS). Mapowanie QTL obejmuje tworzenie map genetycznych i identyfikację regionów związanych z określonymi cechami poprzez analizę wzorców dziedziczenia w segregujących populacjach. Natomiast metoda GWAS bazuje na obszernych zestawach markerów genetycznych do wykrywania powiązań między określonymi markerami a zmiennością cech w populacji niespokrewnionych osobników. Obie metody pomagają wskazać geny kandydujące, które przyczyniają się do ekspresji cech ilościowych, umożliwiając cenny wgląd w podstawowy szkielet genetyczny populacji roślin użytkowych. Wiedza taka

pozwała efektywniej dobierać hodowcom materiał wyjściowy do krzyżowań, aby przewidywać potencjalne pojawienie się korzystnych rekombinantów w pokoleniach segregujących. Ponadto analiza cech ilościowych może być bardzo przydatna w hodowli roślin w przypadku złożonych cech o niskim współczynniku dziedziczalności. Tu dobór materiałów wyjściowych jest jeszcze istotniejszy aby obserwowana zmienność w populacji i wzrost wartości określonych cech użytkowych był przekazywany w kolejnych pokoleniach. Poza sumującym się efektem wielu loci na ekspresję cechy ilościowej wpływają wzajemne interakcje między allelami. Ogólnie można ją opisać jako złożone współdziałanie między wieloma genami i allelami w organizmie wywołując ekspresję cech i prowadząc do powstania określonego fenotypu. Pan mgr inż. Adrian Cyplik umiejętnie przedstawia wybrane interakcje między genami jak: epistaza, interakcje synergistyczne, interakcje antagonistyczne, mutacje supresorowe, warunkowa letalność. Następnie wyjaśnia pojęcie interakcji genetycznych wyższego rzędu, które odnoszą się do złożonych zależności między trzema lub większą ilością genów w genomie organizmu. W odróżnieniu od interakcji genetycznej obejmującej zwykle pary genów interakcje wyższego rzędu biorą pod uwagę sumowane efekty wielu genów i dodają one kolejny poziom komplikacji wiodący do zrozumienia genetycznej regulacji fenotypowej ekspresji cechy.

Podsumowując powyższe stwierdzenia, jestem przekonany że podjęcie badań mających na celu estymację efektów interakcji wyższego rzędu genów zaangażowanych w ekspresję cech ilościowych w oparciu o obserwacje fenotypowe i markery molekularne jest wysoce uzasadnione biorąc pod uwagę zarówno aspekty poznawcze jak i możliwości aplikacji uzyskanych wyników w doskonaleniu roślin uprawnych.

Ocena i uwagi dotyczące poszczególnych rozdziałów

Oceniana praca posiada wszystkie elementy typowe dla rozpraw doktorskich oraz spełnia wymagania formalne i merytoryczne stawiane tego typu opracowaniom. Obejmuje ona 137 stron druku, a tekst uzupełnia 17 tabel, oraz 4 ryciny, które rzetelnie obrazują wykonane doświadczenia, choć są tylko skondensowaną formą wykonanych badań. Praca opiera się na cyklu 4 publikacji które są dostępne w całości na stronach 79-124 i w pracach tych możemy znaleźć szczegółowe opracowania tabelaryczne oraz ryciny. W toku wywodu Autor cytuje 125 pozycji literatury. Recenzowana rozprawa doktorska została napisana w sposób staranny i przejrzysty.

Dysertację otwiera „Wykaz prac naukowych wchodzących w skład cyklu publikacji rozprawy doktorskiej”, dalej spis treści, po którym Autor umieścił „Wykaz stosowanych skrótów” a następnie streszczenie w języku polskim i angielskim.

W rozdziale 4. „Wprowadzenie” liczącym 8 stron Autor zawarł następujące podrozdziały: 4.1. Hodowla roślin, 4.1.1. Cele hodowli roślin, 4.1.2. Metody hodowli roślin, 4.2. Cechy ilościowe, 4.3. Interakcje genetyczne. Rozdział ten w bardzo logicznym wywodzie przybliży czytelnikowi problemy hodowli roślin związane z selekcją wynikające z wielogenowego dziedziczenia cech użytkowych i interakcji genotypu z szeroko pojętym środowiskiem. Został on opracowany starannie i wnikliwie, uwzględniając przykłady zastosowania metod statystycznych w hodowli różnych grup roślin użytkowych.

Autor umiejętnie i jasno przedstawił hipotezę badawczą i cel pracy doktorskiej, ta pierwsza zakłada możliwość wykorzystania obserwacji fenotypowych oraz markerów molekularnych do estymacji efektów interakcji wyższego rzędu genów warunkujących cechy ilościowe. Natomiast celem podjętych badań było opracowanie i porównanie metod bazujących na obserwacjach fenotypowych oraz markerach molekularnych do oszacowania interakcji wyższych rzędów genów oraz wpływu tych interakcji na cechy ilościowe. Do weryfikacji hipotezy badawczej i realizacji celów podjętych badań Kandydat zastosował następujące metody badawcze: regresja wielokrotna nieważona z uwzględnieniem interakcji wyższego

rzędu (aaa) ze stopniową selekcją cech, regresja wielokrotna nieważona z uwzględnieniem interakcji wyższego rzędu (aaa) ze stopniową selekcją cech według procedury regresji krokowej, ważona regresja wielokrotna która została wykorzystana do poprawy estymacji parametru związanego z interakcją wyższego rzędu. Doktorant ponadto podjął próbę opracowania estymatorów parametru związanego z efektem potrójnej interakcji genów determinujących cechy ilościowe, na podstawie obserwacji tylko fenotypowych oraz z uwzględnieniem markerów molekularnych. Dodatkowo porównał metody fenotypowe i genotypowe estymacji całkowitego efektu interakcji aaa w sposób numeryczny oraz analityczny. Weryfikacja hipotezy badawczej obejmowała również porównanie symulacyjne dwóch metod (fenotypowej i trzech wariantów metody genotypowej) estymacji całkowitego efektu interakcji aaa. Cel pracy koresponduje z tematem pracy, założeniami metodycznymi oraz wnioskami.

Metody doświadczalne zostały opisane bardzo precyzyjnie, począwszy od metod estymacji w tym oszacowanie na podstawie fenotypu a następnie szacowanie na podstawie obserwacji genotypowych w tym podrozdział na temat selekcji markerów w dwóch wariantach selekcja stopniowa (publikacja I i II) oraz wariant drugi selekcja krokowa (publikacja III i IV). Kandydat również szczegółowo w kolejnych podrozdziałach opisuje zastosowanie regresji nieważonej, w tym przypadku oszacowanie potrójnej interakcji (aaa) bazuje na założeniu, że geny determinujące cechę są ściśle powiązane z obserwowanymi markerami molekularnymi. Kolejny podrozdział metodyczny opisuje wykorzystanie regresji ważonej w zmodyfikowanej wersji regresji danych markerowych na cechę ilościową która może być rozważana poprzez zastosowanie ważonej wielokrotnej regresji liniowej.

Kolejny rozdział „Zbiory danych” opisuje wykorzystane dane i materiał badawczy. Do publikacji I (Journal of Applied Genetics, 2022) dane pochodziły z Północnoamerykańskiego Projektu Badania Genomu Jęczmienia (ang. North American Barley Genome Mapping Project, NABGMP) i składały się ze 150 linii podwojonych haploidów (DH) jęczmienia testowanych w szesnastu środowiskach. W tej samej publikacji wykorzystano również zbiór danych który pochodził ze 145 linii DH jęczmienia uzyskanych w wyżej wymienionym projekcie z krzyżówki dwu odmian dwurzędowych Harrington x TR306 analizowanych pod kątem 7 cech fenotypowych badanych w pięciu środowiskach, oraz zestawu markerów molekularnych (głównie RFLP). W publikacji drugiej (Applied Science, 2021) zbiór danych pochodził z kolekcji 252 linii wsobnych (RI) kukurydzy, u których badano 8 cech (długość kolby, średnicę kolby, długość rdzenia, średnicę rdzenia, liczbę rzędów ziarna, liczbę ziaren w rzędzie, masę tysiąca ziaren (TKW) oraz plon. W publikacji trzeciej (Agriculture, 2022) dane pochodziły z 94 linii podwojonych haploidów pszenicy, była to populacja mapująca dla której opracowano 920 markerów molekularnych. Publikacja czwarta (International Journal of Molecular Sciences, 2023) zawiera wyniki symulacji Monte Carlo porównujących fenotypowe i genotypowe (nieważone i dwie modyfikacje ważne) oszacowania efektów potrójnej interakcji między loci QTL. Na podkreślenie zasługuje, że dokonano tu trafnego wyboru obiektów roślinnych biorąc pod uwagę sposób rozmnażania roślin i jego konsekwencje genetyczne. Mamy tu model samopylny w postaci pszenicy i jęczmienia oraz model obcopylny w postaci kukurydzy. Jak wiadomo sposób reprodukcji implikuje genetyczną strukturę populacji, możliwości utrwalenia korzystnych cech a z tym wiąże się poza naukowym również aplikacyjnych charakter prezentowanych badań i możliwości wykorzystania wyników w hodowli roślin. Rozdział „Materiały i metody” kończy wykaz wykorzystanego w obliczeniach statystycznych oprogramowania.

Kolejny rozdział „Wyniki i dyskusja” obejmujący 31 stron, przedstawia w sposób uporządkowany i jasny wykazując zrealizowanie założonego celu. Kandydat podzielił opis uzyskanych wyników zgodnie z zakresem eksperymentalnym poszczególnych publikacji

Wyniki przedstawione w **publikacji I**, pozwoliły dojść Doktorantowi do wniosku iż zaprezentowane metody były użytecznymi narzędziami statystycznymi m.in. do charakterystyki QTL i pozwalają na oszacowanie potrójnej interakcji. Do sformułowania takich wniosków wykorzystano bardzo obszerny zbiór danych (dwa zestawy linii DH jęczmienia, łącznie 295 linii DH) stąd można sądzić o dużej trafności i powtarzalności uzyskanych wyników. Chciałbym tu podkreślić iż na podstawie dostępnej literatury jest to pierwsze doniesienie dotyczące zastosowania porównań analitycznych i numerycznych z dwóch metod szacowania potrójnej interakcji addytywnej (aaa) do estymacji interakcji wyższego rzędu loci cech ilościowych (QTL). **Publikacja II** dała podstawy do wyciągnięcia wniosku iż interakcje wyższego rzędu, chociaż powszechnie zaniebywane, często wywierają znaczący wpływ na cechy fenotypowe, a wykrycie efektów epistatycznych umożliwia lepsze zrozumienie interakcji poszczególnych genów i pozwala na dokładniejsze oszacowanie wpływu poszczególnych genów. Przedstawione przez Doktoranta wyniki bazujące na bardzo dużym zbiorze danych prezentujących obcopylny model reprodukcji (252 linie kukurydzy) pokazują, że oddziaływania interakcji podwójnej i potrójnej są często podobne pod względem rodzaju wpływu (pozytywnego lub negatywnego) i oszacowania samej wartości. Natomiast pominięcie uwzględnienia efektu interakcji wyższego rzędu w ujęciu genetyki ilościowej może skutkować znacznym niedoszacowaniem addytywnego efektu warunkowanego przez loci cech ilościowych (QTL). **Publikacji III** daje podstawy Kandydatowi do stwierdzenia iż stosując regresję ważoną na obserwacjach markerowych, uzyskane szacunki są bliższe do szacunków uzyskanych metodą fenotypową. Ponadto można również stwierdzić, że potrójna interakcja miała znaczący wpływ na ekspresję cech ilościowych. Proponowana metoda regresji ważonej do szacowania efektu potrójnej interakcji loci cech ilościowych (QTLxQTLxQTL) może stanowić pomost pomiędzy metodą fenotypową a metodą genotypową. W **publikacji IV** zawierającej symulacje 84 sytuacji eksperymentalnych Kandydat konkluduje iż ważona wielokrotna regresja liniowa to przydatne narzędzie do szacowania parametru związanego z potrójną interakcją addytywną genów. Natomiast niezależnie od wariantu podejścia w regresji ważonej uzyskano poprawę estymacji parametru potrójnej interakcji addytywnej w porównaniu z wynikami uzyskanymi przy użyciu regresji nieważonej. Na podstawie uzyskanych wyników Doktorant wskazuje, że oszacowanie potrójnej interakcji addytywnej metodą regresji ważonej można zastosować do różnych gatunków roślin.

Prezentowana rozprawa zawiera skondensowaną wersję Dyskusji co przy pracy przygotowanej w oparciu o cykl publikacji nie było konieczne, liczy ona 9 stron. Jest to na pewno na plus dla pracy, pomimo tego iż w Rozdziale II dysertacji (od str. 77) możemy znaleźć szczegółowe dyskusje związane z wykorzystanymi zbiorami danych i metodami statystycznymi. Pan mgr inż. Adrian Cyplik podsumował wyniki badań w formie 8 wniosków, które można pogrupować w następujące obszary:

1. Poznanie natury interakcji poszczególnych genów wymaga wyznaczenia efektów epistatycznych, przy czym efekty interakcji epistatycznych podwójnych i potrójnych mogą być podobne pod kątem rodzaju wpływu (negatywny czy pozytywny) oraz wartości oszacowania.
2. Zastosowane w opracowaniu metody statystyczne były przydatne do charakterystyki QTL i oszacowania interakcji addytywno \times addytywno \times addytywnej (aaa).
3. Aby uzyskać estymacje bliższe tym otrzymanym metodami fenotypowymi wskazane jest zastosowanie regresji ważonej niezależnie od wariantu, co poprawia oszacowanie uzyskane metodą regresji nieważonej.
4. Oszacowania całkowitego efektu aaa interakcji gen \times gen \times gen w badaniach praktycznych będą mniejsze niż całkowite oszacowanie na podstawie jedynie fenotypu.
5. Cechy fenotypowe w dużym stopniu są modelowane przez interakcje wyższego rzędu zazwyczaj pomijane w badaniach, a ich brak w estymacji może skutkować niedoszacowaniem addytywnych efektów QTL

Ze względu na charakter wniosków 6 oraz 8 proponowałbym ich usunięcie z podsumowania merytorycznego ale są to jednak istotne informacje i mogły znaleźć swoje miejsce w Dyskusji. Pozostałe Wnioski są sformułowane rzetelnie, w pełni uzasadnione i adekwatne do uzyskanych wyników. Prezentowana rozprawa zawiera wszystkie elementy określone w Ustawie i została napisana w bardzo przejrzysty i prawidłowy pod kątem układu rozdziałów sposób. Mam jednak pewne uwagi i sugestie dotyczące rozdziału Dyskusja. Uwagi te będą zarazem moimi pytaniami do ewentualnego przedyskutowania i ustosunkowania się przez Doktoranta. Biorąc pod uwagę potencjał aplikacyjny przedstawionych w pracy metod statystycznych estymacji interakcji wyższego rzędu w jakim stopniu metody te mogą usprawnić prace hodowcy w następujących obszarach:

1. Szacownie odziedziczalności cech w szerokim i wąskim sensie.

2. Jak uzyskane wyniki mogłyby pomóc w selekcji równoczesnej na kilka cech?

Wiadomo iż ostrość selekcji spada przy selekcji równoczesnej na kilka cech a to obniża skuteczność selekcji, jest to w pewnym sensie ograniczenie związane ze współczynnikiem rozmnażania. W związku z tym czy oszacowanie interakcji wyższego rzędu może pomóc w podniesieniu skuteczności selekcji?

Rozprawę doktorską zamyka Rozdział III zawierający oświadczenia Pana mgr inż. Adriana Cyplika i współautorów dotyczące ich udziału w powstaniu publikacji. W publikacji I udział Kandydata polegał na przygotowaniu projektu badań, następnie w szerokim ujęciu wykonaniu technicznym (metodyka, oprogramowanie, część graficzna) i kontroli merytorycznej, opracowaniu manuskryptu i pracach korekcyjnych. W publikacji II udział ten polegał na opracowaniu koncepcji, również w szerokim ujęciu wykonaniu technicznym (metodyka, oprogramowanie), przygotowaniu manuskryptu i pracach korekcyjnych. W publikacji III Kandydat był autorem opracowania założeń i metod, ponadto w szerokim ujęciu wykonał technicznie badania (metodyka, walidacja, analiza formalna) przygotował manuskrypt i korygował go po uwagach recenzentów. W publikacji IV udział Pan mgr inż. Adriana Cyplika polegał na przygotowaniu projektu badań, następnie przeprowadzeniu badań, wykonaniu obliczeń statystycznych oraz opracowaniu manuskryptu. To istotne informacje z formalnego punktu widzenia, na podstawie przedstawionych oświadczeń wnioskuję o wiodącym udziale Doktoranta w powstaniu publikacji wykorzystanych do przygotowania rozprawy doktorskiej. Kandydat jest pierwszym autorem wszystkich publikacji a w publikacji III również autorem korespondencyjnym.

Wniosek końcowy

Dysertacja została wykonana poprawnie pod względem metodycznym, a wartość jej wyników oceniam bardzo wysoko. Uzyskane wyniki wnoszą nowe oryginalne wartości poznawcze w dziedzinie nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo. Autor posiada umiejętności w zakresie wykorzystania zaawansowanych metod statystycznych i właściwego ich zastosowania na zróżnicowanych zbiorach danych pochodzących z różnych populacji roślin użytkowych o dużym znaczeniu ekonomicznym. Kandydat wykazał się również umiejętnościami właściwej interpretacji uzyskanych wyników. Prezentowane wyniki badań spełniają również ważny formalny wymóg spójności tematycznej, gdyż oscylują wokół metod szacowania interakcji genetycznych wyższego rzędu, które mają wpływ na cechy ilościowe. Styl, poprawność, przejrzystość i jednoznaczność rozprawy oraz poziom edytorski oceniam pozytywnie.

Praca doktorska mgr inż. Adriana Cyplika spełnia warunki stawiane pracom doktorskim określone w ustawie z dnia 20 lipca 2018 roku Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (tekst jednolity Dz. U. z 2021 r., poz. 478) i wnoszę do Rady Naukowej Dyscypliny Rolnictwo i Ogrodnictwo Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu o dopuszczenie Doktoranta do dalszych etapów przewodu doktorskiego. Jednocześnie biorąc pod uwagę wysoką wartość

naukową prezentowanej rozprawy oraz potencjalne znaczenie aplikacyjne prezentowanych rozwiązań statystycznych wnioskuje o wyróżnienie dysertacji. W uzasadnieniu chciałbym przytoczyć fakt zastosowania po raz pierwszy innowacyjnej metody polegającej na sposobie wyboru trójek QTL i szacowania ich efektów za pomocą regresji ważonej. Ponadto przedstawione wyniki prezentują pierwsze doniesienia na temat wykorzystania metod numerycznych, analitycznych oraz symulacyjnych określania potrójnej interakcji loci cech ilościowych (QTLxQTLxQTL).

Tomasz Worecha

