



INSTYTUT GENETYKI ROŚLIN POLSKIEJ AKADEMII NAUK

Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

Tel. centrala: 61 6550200, sekretariat: 61 6550255 E-mail: office@igr.poznan.pl www.igr.poznan.pl
NIP: 7811621455 REGON: 000326204 BDO: 000017736

Poznań, 18 września 2023 r.

Prof. dr hab. Tomasz Pniewski
Zakład Biotechnologii Roślin
Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk
Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

**Recenzja rozprawy doktorskiej Pani magister inż. Arniki Przybylskiej
pt. „Mechanizmy obronne kukurydzy zwyczajnej (*Zea mays* L.)
zainfekowanej nicieniem *Meloidogyne arenaria*”.**

Praca doktorska Pani magister inż. Arniki Przybylskiej została wykonana w Zakładzie Biologii Molekularnej i Biotechnologii Instytutu Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, w Poznaniu, pod kierunkiem Pani promotor, dr hab. Aleksandry Obrępałskiej-Stęplowskiej, prof. IOR-PIB. Przedmiotem badań Pani Arniki Przybylskiej były wybrane elementy odpowiedzi roślin kukurydzy na infekcję nicieniem *Meloidogyne arenaria* czyli guzakiem arachidowym. Nicień ten należy do guzaków korzeniowych, jednej z najważniejszych rodzin nicieni – pasożytów roślin, szkodników upraw o istotnym znaczeniu gospodarczym na całym świecie. Z kolei kukurydza należy do trzech najważniejszych globalnie zbóż, którego areal gwałtownie rośnie także w Polsce. Kukurydza jest wszechstronnie wykorzystywana - jako podstawa różnego rodzaju produktów żywnościowych, pasza, surowiec energetyczny i przemysłowy. Poznanie interakcji pomiędzy kukurydzą i jej patogenami, pasożytami i szkodnikami oprócz aspektu naukowego, ma zatem istotne znaczenie użytkowe. W tym świetle, zadanie, którego podjęła się Pani Arnika Przybylska jest ambitne, bardzo ważne i aktualne. Kukurydza jest jednym z ważniejszych żywicieli guzaka arachidowego, który z kolei jest jednym z bardziej istotnych szkodników tej rośliny uprawnej. Jednakże ich interakcja, w tym kluczowe wczesne etapy infekcji, są dotychczas słabo poznane. Ponadto, jak słusznie

Doktorantka zauważyła, postępujące ocieplenie klimatu może skutkować inwazją *M. arenaria* na uprawy kukurydzy w krajach o klimacie dotychczas umiarkowanym.

Praca doktorska została wykonana w ramach realizacji trzech projektów naukowych: 1) projektu Preludium 7 Narodowego Centrum Nauki, nr 2014/13/N/NZ9/00703, pt. „Identyfikacja białek i reakcji obronnych indukowanych w kukurydzy (*Zea mays*) w wyniku infekcji nicieniem *Meloidogyne arenaria*”; 2) projektu Epic-XS jako części europejskiego programu Horyzont 2020, pt. „Proteomic profile of root-knot nematode *Meloidogyne arenaria* and its monocotyledonous host, maize (*Zea mays*) during compatible plant – nematode interactions” i 3) projektu MNiSW BIOTECH-01, a uzyskane wyniki badań zostały opublikowane. Na szczególne uznanie zasługuje wykonanie badań m. in. w ramach projektu Preludium kierowanego bezpośrednio przez Doktorantkę, a także rozprawa w formie aż pięciu publikacji, w tym czterech oryginalnych i jednej przeglądowej, w uznanych międzynarodowych czasopismach naukowych o łącznym IF = 13,415: Plant and Soil, Physiological and Molecular Plant Pathology, Molecular Biology Reports oraz w repozytorium bioRxiv. We wszystkich publikacjach Pani Arnika Przybylska jest wiodącą autorką, a w Publikacji nr 3 także korespondencyjną. Jej udział we wszystkich pracach był największy i wynosił 60% w trzech z nich, raz 70% i raz 55%. Doktorantka współtworzyła ogólną koncepcję badań i hipotezy badawcze, planowała i wykonywała doświadczenia i analizy, opracowywała wyniki i współredagowała manuskrypty. Wskazuje to zarówno na bardzo dobre przygotowanie i wykonanie badań przez Doktorantkę i świadczy o Jej walorach jako kandydatki do stopnia naukowego doktora, jak też obrazuje znakomity mentoring Pani promotor i wsparcie kierowanego przez Nią zespołu badawczego. Opublikowanie wyników badań w recenzowanych i cytowanych już ponad 20-krotnie artykułach samo w sobie oznacza ich uznanie przez społeczność naukową. Z tego powodu recenzja będzie dotyczyć głównie samej rozprawy, jednakże z nawiązaniem do kolejnych publikacji.

Rozprawa doktorska Pani Arniki Przybylskiej składa się z dwóch części. Pierwsza z nich, „tradycyjna” czy opisowa, jest w istocie kompendium drugiej części, tj. zestawu publikacji. Publikacje stanowiące rozprawę dokorską są całkowicie spójne tematycznie i stanowią też doskonały przykład rozwoju koncepcji naukowej i warsztatu badawczego. Cykl artykułów rozpoczyna się od pracy przeglądowej, gdzie przedstawiony jest aktualny stan wiedzy nt. oddziaływań nicieni z rodzaju *Meloidogyne* z roślinami dwu- i jednoliściennymi. Kolejne dwie publikacje dotyczą wstępnych badań nad określeniem zmian w ekspresji wybranych genów kukurydzy pod wpływem infekcji nicieniem, natomiast następne są obszernymi artykułami

dotyczącymi identyfikacji potencjalnego białka efektorowego *M. arenaria* i jego oddziaływań z białkami roślinnymi (Publikacja nr 4) oraz zmian w proteomie kukurydzy (Publikacja nr 5).

Rozprawa jest napisana bardzo dobrym i komunikatywnym językiem, a do tego jasno, precyzyjnie i zwięźle. Wprowadzenie do tematyki badawczej jest w zasadzie obszernym streszczeniem pierwszej publikacji o charakterze przeglądowym. Ilustruje ono z jednej strony gruntowną wiedzę Doktorantki w literaturze przedmiotu, z drugiej pozwala nawet niespecjaliście na poznanie podstaw opisywanych zjawisk i orientację w zakresie opisywanych badań. Postawione na tej podstawie trafne hipotezy badawcze mogą wydawać się nieco ogólne, co jednak jest zrozumiałe zważywszy na w dużej mierze pionierski etap badań w odniesieniu do omawianej tematyki badawczej. Służące weryfikacji hipotez cele pracy są natomiast sformułowane bardzo precyzyjnie.

Badania i analizy zostały zrealizowane na dwóch podatnych i dwóch tolerancyjnych na infekcję *M. arenaria* odmianach kukurydzy, przy użyciu szerokiego spektrum nowoczesnych metod, szczegółowo opisanych w poszczególnych publikacjach, ale też wyczerpująco omówionych w tradycyjnej części rozprawy. Z najważniejszych metod tzw. mokrych, można wymienić: analizę ekspresji genów na etapie transkrypcji za pomocą PCR w czasie rzeczywistym lub kropelkowego PCR; analizę oddziaływań białek w drożdżowym systemie dwuhybrydowym i ko-immunoprecypitacji *in planta* oraz lokalizację białek w komórkach roślinnych z wykorzystaniem białka zielonej fluorescencji (GFP), co z kolei wymagało zastosowania metod klonowania i rekombinacji DNA oraz ekspresji przejściowej w roślinie modelowej *Nicotiana benthamiana*; przygotowanie prób i analizę proteomu korzeni kukurydzy z wykorzystaniem spektrometrii mas. Powyższa metodyka została wsparta znaczącym zestawem narzędzi bioinformatycznych i analizą statystyczną. Stwierdzam z całkowitym przekonaniem, że zastosowana kompleksowa metodologia wraz z precyzyjnym zaplanowaniem i wykonaniem badań i analiz umożliwiła pełne osiągnięcie założonych celów, co jest opisane w kolejnych publikacjach i obszernie streszczone w opisowej części rozprawy. Stąd poniższe uwagi mają raczej charakter komentarzy lub tematów do doprecyzowania lub dyskusji.

Jak wspomniano wyżej, dwie pierwsze publikacje oryginalne dotyczą zmian w ekspresji (na poziomie transkrypcji) genów uczestniczących w odpowiedzi na infekcję larwami inwazyjnymi nicienia, wybranych na podstawie danych literaturowych. Publikacja nr 2 dotyczy genów kodujących wybrane białka uczestniczące w odpowiedzi na atak patogenów – białka PR-1, -3, -4, -5 i -10 oraz enzymy oksydoredukcyjne, w tym związane z generowaniem i unieszkodliwianiem reaktywnych form tlenu (tzw. ROS), natomiast publikacja nr 3 dotyczy wybranych czynników uczestniczących w ogólnej ekspresji genów: czynnika transkrypcyjnego

WRKY53 i czynników elongacyjnych EF1a i EF1b oraz wybranych genów białek związanych ze ścianą komórkową: białka bogatego w glicynę wiążącego RNA (GRP) i poligalakturonazy (PG). Według uzyskanych wyników, po początkowej supresji (24 hpi), geny białek PR są aktywowane ok. 3 dpi, po czym ponownie – ok. 7 dpi, spada poziom ich ekspresji. Taki przebieg ekspresji wskazuje na udział szlaków sygnałowych kwasu salicylowego (SA) i jasmonowego (JA) w odpowiedzi na infekcję larwami inwazyjnymi *M. arenaria*, jakkolwiek samych analiz tych cząsteczek sygnałowych nie wykonano (czego recenzentowi nieco brakowało). Doprecyzowania wymagałoby jednak stwierdzenie o roli genów PR na wczesnym etapie tej odpowiedzi, gdyż początkowo jest obserwowany właśnie spadek ich ekspresji. Być może wczesna odpowiedź obejmuje procesy w czasie 3 dpi, a te obserwowane 24 hpi rozumiane są jako bardzo wczesna odpowiedź. Ciekawe jest także zjawisko supresji genów PR na tym bardzo wczesnym etapie infekcji, w związku z czym powstaje pytanie o prawdopodobną jego przyczynę i/lub sens biologiczny. Ekspresja (transkrypcja) pozostałych badanych genów jest bardziej złożona. W niektórych przypadkach zmienia się podobnie jak w przypadku genów PR (katalaza, transferaza S-glutationowa), ale w przypadku pozostałych oksydoreduktaz można zauważyć nieco odmienny przebieg ekspresji, np. dla peroksydazy czy lipooksygenazy lub wyraźnie inny w przypadku WRKY, EF1, GRP i PG, zależny ponadto od organu, tj. korzeni lub liści, czy punktu czasowego. W największym stopniu różnice w ekspresji badanych genów zależą od odmiany, przy czym zdaniem recenzenta, różnice te nie pokrywają się z podziałem na odmiany wrażliwe i tolerancyjne względem *M. arenaria*. W zależności od organu i punktu czasowego wg podobnego schematu różniły się odmiany nominalnie wrażliwe, tj. PR39F58 i Tasty Sweet (TS) oraz tolerancyjne PR39A98 i Multitop w odniesieniu do np. WRKY, EF1, PG, ale też lipooksygenazy czy dysmutazy. Podobny przebieg ekspresji poszczególnych genów mógł występować u odmiany wrażliwej i tolerancyjnej, tj. u pary odmian PR39 lub TS i Multitop. Wydaje się zatem, że różnice w podatności odmian na infekcję *M. arenaria* zależą także od innych czynników i procesów, niż tylko aktywność genów szlaku SA i JA oraz genów kodujących enzymy związane z tworzeniem/dezaktywacją ROS czy białek związanych ze ścianą komórkową w czasie do 7 dpi, być może jeszcze przed infekcją i/lub na późniejszym jej etapie. Wiąże się z tym kwestia istotności różnic w ekspresji genów pomiędzy odmianami, co zostało stwierdzone we Wnioskach końcowych rozprawy, jakkolwiek w publikacjach 2 i 3 przedstawione są istotne różnice w ekspresji genów tylko u roślin infekowanych w porównaniu z kontrolnymi, oddzielnie dla każdej odmiany. Wniosek o aktywacji szlaków sygnałowych SA i JA jest słuszny, ale nie jest wykluczone, że obraz wczesnej odpowiedzi na infekcję *M. arenaria* byłby pełniejszy po analizie PCA lub korelacji ekspresji wybranych genów,

jakkolwiek i taka analiza mogłaby być jedynie przybliżona, z uwagi na badanie ekspresji tylko wybranych genów, co wynikało z oczywistych ograniczeń projektu. Czy zatem zdaniem Doktorantki zasadne byłoby rozszerzenie badań ekspresji genów, w tym zwiększenie zakresu badanych genów, o ile nie analizy transkryptomiczne? Czy też nie ma takiej potrzeby, gdyż uzyskane w kolejnych badanych dane dot. ekspresji zidentyfikowanych genów białek oddziałujących z białkiem efektorowym nicienia oraz dane proteomiczne można uznać za wystarczające?

W dalszych badaniach Pani Arnika Przybylska skupiła się na identyfikacji potencjalnego białka efektorowego *M. arenaria* i jego interakcji z białkami kukurydzy oraz zmian w proteomie. Publikacje zawierające wyniki tych badań należy uznać za najbardziej kompleksowe i najważniejsze w cyklu. Biegłe posługując się narzędziami bioinformatycznymi i korzystając z baz danych wytypowała białko MaMsp4, potwierdziła jego ekspresję w larwach inwazyjnych J2 oraz opracowała jego wstępny model strukturalny. Co może nawet ważniejsze, wykorzystując drożdżowy system dwuhybrydowy i ko-immunoprecypitację *in planta* wraz z ekspresją przejściową, potwierdziła jego interakcję z sześcioma białkami najbardziej wrażliwej odmiany kukurydzy PR39AF58, w tym enzymami związanymi z modyfikacją ściany komórkowej - beta-galaktozydazy 11, pektynoesterazy i poligalakturonazy, a także enzymami związanymi z reakcją obronną: dekarboksylazą S-adenozylometioniny 2, zapoczątkowującą syntezę poliamin i cytydylotransferazą fosfoetanoloaminy uczestniczącą w przebudowie lipidów błon, a pośrednio w detekcji i transdukcji sygnałów stresowych oraz z jeszcze jednym białkiem o nieznanej funkcji. Następnie Doktorantka stwierdziła ko-lokalizację MaMsp4 i ww. białek w apoplasmie bądź cytoplazmie lub obu tych przedziałach komórkowych. W kolejnym etapie, zbadała ekspresję genów kodujących zidentyfikowane białka w korzeniach i liściach. Ekspresja genów białek związanych z reakcją obronną, zarówno w korzeniach jak i liściach, przebiegała podobnie jak dla wcześniej zbadanych genów białek PR, tj. z maksimum w 3 dpi. Ekspresja nieznanego białka przebiegała w pewnym stopniu podobnie jak białek związanych z obronnością w przypadku liści, ale podobnie jak enzymów związanych ze ścianą komórkową w przypadku korzeni. Natomiast ekspresja genów ww. enzymów w korzeniach, po początkowym wzroście, stopniowo spadała. Na podstawie uzyskanych wyników Doktorantka, wykorzystując m. in. kolejne narzędzie bioinformatyczne STRING, zaproponowała mechanizm reakcji obronnej, wg którego centralne miejsce zajmuje S-adenozylometionina, będąca bezpośrednim lub pośrednim substratem ww. enzymów związanych z reakcją obronną, a których ekspresja podlega supresji wskutek działania białka MaMsp4. Natomiast w odniesieniu do enzymów modyfikujących ścianę komórkową, o ile początkowy wzrost

transkrypcji (i prawdopodobnie aktywności enzymatycznej) wskutek infekcji jest zrozumiałe, gdyż prowadzący do powstania komórek olbrzymich, gdzie bytują nicienie, mniej oczywisty wydaje się postępujący spadek ekspresji tych genów. Czy należałoby rozumieć, że dla rozwoju pasożyta wystarczająca jest modyfikacja czy też rozluźnienie ściany komórkowej na bardzo wczesnym etapie infekcji, gdyż umożliwiające wzrost objętościowy komórek? Dane uzyskane w powyższych badaniach i opisane w publikacji nr 4 znacznie poszerzają wiedzę nt. interakcji *M. arenaria* i kukurydzy, ale też implikują ewentualne dalsze badania. Jakkolwiek stwierdzona została interakcja *in planta* MaMsp4 i ww. białek kukurydzy oraz ich lokalizacja komórkowa, analizy te były wykonane oddzielnie. Czy nie byłoby zatem zasadne zbadanie lokalizacji komórkowej kompleksów MaMsp4 z białkami roślinnymi, ewentualnie przy użyciu technik o wyższej rozdzielczości, np. immunocytochemicznych? Podobnie, ponieważ powyższe badania były wykonane na odmianie kukurydzy podatnej na infekcję, czy nie byłyby wskazane analogiczne badania na odmianie tolerancyjnej, tak aby móc potencjalnie określić oddziaływania niekompatybilne i następnie białka/ geny warunkujące odporność na *M. arenaria*? Ponadto, czy potencjalne przyszłe badania nie powinny w większym stopniu uwzględniać analiz biochemicznych i metabolicznych, w tym fitohormonów i cząsteczek sygnałowych, składu ściany komórkowej, fizjologii roślin?

Ostatnią z prac wchodzących w skład rozprawy jest publikacja nr 5, dotycząca badań proteomu podatnej odmiany kukurydzy PR39AF58 pod wpływem infekcji nicieniem. Praca ma zatem charakter bioinformatyczny, jakkolwiek wymagała precyzyjnego przygotowania prób białkowych i ich analizy z wykorzystaniem spektrometrii mas, wykonanej we współpracy międzynarodowej. Spośród białek o statystycznie istotnej zróżnicowanej ekspresji (DEPs) Pani Arnika Przybylska zidentyfikowała po blisko 30 białek, których ekspresja podlegała supresji na bardzo wczesnym (24 hpi) i wczesnym (3 dpi) etapie infekcji oraz odpowiednio 95 i 40 białek, których ekspresja była zwiększona. Adnotacja z wykorzystaniem narzędzi i baz danych GO i KAAS umożliwiła w jednej i drugiej grupie identyfikację białek o różnych funkcjach, w tym modyfikujących ścianę komórkową i związanych z metabolizmem fenylopropanoidów, uczestniczących w transdukcji sygnału i w reakcjach na stresy. Oprócz nowych danych, analiza proteomu potwierdziła wcześniejsze wyniki dot. ekspresji genów, m. in. związanych z generowaniem/detoksyfikacją ROS. Natomiast za najważniejszy tej analizy wynik można uznać identyfikację białek odpowiedzialnych za biosyntezę S-adenozylometioniny, a przez to potwierdzenie istotnej roli SAM w odpowiedzi na infekcję *M. arenaria*. Uzyskane dane z pewnością mogą stanowić podstawę dalszych badań. Czy zdaniem Doktorantki można je wykorzystać do identyfikacji odpowiednich genów i analizy ich ekspresji, zamiast np. analiz

transkryptomu? Czy zasadne byłoby wykonanie analizy proteomu w odniesieniu do odmiany odpornej, np. Multitop, tak aby wraz z innymi badaniami (np. interakcji MaMsp4) ewentualnie wskazać kluczowe geny/białka determinujące odporność kukurydzy na *M. arenaria*?

Podsumowując, wyniki badań Pani magister inż. Arniki Przybylskiej stanowią istotny krok w kierunku poznania mechanizmów odporności kukurydzy na *M. arenaria*, a pośrednio też w odniesieniu do innych zbóż i nicieni – pasożytów roślin. Stanowią jednocześnie solidną podstawę kolejnych badań zarówno o charakterze podstawowym, jak i aplikacyjnym, które się nasuwają i których recenzent gorąco życzy. Zatem niezależnie od kontynuacji badań, w jakim kierunku, zdaniem Doktorantki mogłoby pójść wyżej wspomniane zastosowanie praktyczne uzyskanych i zakładanych wyników? Czy w kierunku opracowania markerów molekularnych do nowoczesnej hodowli odmian odpornych, czy raczej w stronę diagnostyki infekcji i ewentualnej ochrony roślin, czy może, po identyfikacji odpowiednich genów, w stronę cisgenezy bądź wyciszania genów i innych modyfikacji genetycznych, pod warunkiem przyjęcia rozwiązań prawnych dla tych prac?

Kończąc, warto jednocześnie powtórzyć i podkreślić, że niezależnie od wysokiej wartości naukowej oraz precyzyjnej i kompleksowej metodologii, rozprawa jest bardzo dobrze napisana, którą czyta się wręcz z przyjemnością. Jednakże i w niej znajdują się drobne nieścisłości, które z obowiązku należy wskazać. Po pierwsze, tytuł wydaje się nieco ogólny, gdyż mówi o mechanizmach obronnych, które obejmują szereg wielopoziomowych procesów, a wykonane badania dotyczyły w rzeczywistości procesów na poziomie ściśle molekularnym: transkrypcji genów, interakcji białek i zmian proteomu. Niektóre sformułowania w rozprawie są zrozumiałe, ale niezbyt trafne, tak jak np. wyciszenie genów (np. str. 19), w odniesieniu do supresji. Wyciszanie genów najczęściej rozumiane jest jako proces, w którym potranskrypcyjnie dochodzi do degradacji mRNA, a supresja jest raczej pre-transkrypcyjnym procesem regulacji ekspresji zależnym od transdukcji sygnału i czynników transkrypcyjnych. Innym przykładem jest użycie terminu „hodowanych”, podczas kontekst wskazuje wyraźnie na uprawy roślin (str. 9). W kilku miejscach brakuje wyjaśnień skrótów jak np. HA (najprawdopodobniej chodzi o hemaglutyninę, str. 16) czy ET (ethylene tract, str. 19) albo przykładów np. glikoprotein ściany komórkowej typu ekstensyna lub ekspansyna (str. 10). Natomiast dosłownie pojedyncze są drobne błędy literowe (np. „labe” zamiast „label”, str. 17) czy skrótowo - żargonowe sformułowania (np. „Białka (...) były filtrowane przy użyciu parametrów p-value (...) i log2 fold change (...)” – na str. 18. Jest też kwestia stosowania terminu „ekspresja genów”, która jest pojęciem szerokim i wielopoziomowym, jako synonimu

transkrypcji. Recenzent zdaje sobie jednak sprawę z powszechności wymiennego stosowania obu terminów i osamotnienia pod względem tradycyjnego rozumienia obu terminów. Jednakże jak już wspomniano, kwestie językowe mają w rozprawie marginalne znaczenie, a generalnie rozprawa jest przykładem dbałości o język naukowy i zarazem komunikatywny.

Wniosek końcowy

W świetle przedstawionej powyżej, pozytywnej oceny, rozprawa doktorska Pani magister inż. Arniki Przybylskiej spełnia wymogi art. 14 ust. 2 pkt. 2 ustawy z dnia 14 marca 2003 r. o stopniach i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. z 2017 r., poz. 1789) w związku z art. 179 ust. 1 ustawy z dnia 3 lipca 2018 r. Przepisy wprowadzające ustawę - Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2018 r., poz. 1669 z późn. zm.), a stopień doktora może być nadany w dziedzinie i dyscyplinie określonej w przepisach wydanych na podstawie art. 5 ust. 3 tej ustawy. Zatem wnioskuję do Rady Naukowej IOR-PIB o dalsze procedowanie przewodu doktorskiego.

Zarazem należy podkreślić decydującą i w znacznym stopniu samodzielną rolę Doktorantki w opracowaniu koncepcji i hipotez badawczych, realizacji badań i opublikowaniu ich wyników. Prezentowana rozprawa i publikacje wchodzące w jej skład tworzą podstawy wiedzy nt. oddziaływań kukurydzy i *M. arenaria* na poziomie molekularnym. Niezależnie od potwierdzenia roli szlaków kwasu salicylowego i jasmonowego oraz zmian proteomu w odpowiedzi na infekcję, Pani Arnice Przybylskiej udało się zidentyfikować białko efektorowe nicienia, udowodnić jego interakcję z białkami roślinnymi oraz wykazać szczególną rolę S-adenozynometioniny w odpowiedzi na infekcję. Uzyskane wyniki otwierają jednocześnie szerokie możliwości dalszych badań, a w dalszej perspektywie ich zastosowania praktycznego. Pani Arnika Przybylska udowodniła dojrzałość naukową, poczynając od uzyskania środków na badania, poprzez wykonanie kompleksowych i precyzyjnych doświadczeń i analiz do uzyskania i opracowania wysokiej jakości wyników i ich publikacji. Biorąc powyższe pod uwagę wnoszę do Rady Naukowej IOR-PIB o wyróżnienie rozprawy doktorskiej Pani magister inż. Arniki Przybylskiej.

Tomasz Pniewski