



INSTYTUT DENDROLOGII

POLSKIEJ AKADEMII NAUK

62-035 Kórnik, Parkowa 5
e-mail: idkornik@man.poznan.pl

tel. 61 817 00 33, fax 61 817 01 66
www.idpan.poznan.pl

dr hab. Ewelina Ratajczak, prof. ID PAN
Pracownia Biochemii Nasion
Instytut Dendrologii Polskiej Akademii Nauk

Kórnik, 11.09.2020r.

Ocena rozprawy doktorskiej mgr Pauliny Anny Andryka-Dudek

„Molekularny mechanizm działania tlenu azotu, w podejściu transkryptomycznym i proteomicznym, podczas ustępowania spoczynku i kielkowania nasion jabłoni”

Rozprawa doktorska mgr Pauliny Anny Andryka-Dudek Doktorantki z Wydziału Rolnictwa i Biologii Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie została wykonana pod kierunkiem Pani prof. dr hab. Agnieszki Gniazdowskiej-Piekarskiej oraz opieką promotora pomocniczego Pani dr inż. Anity Wiśniewskiej w Katedrze Fizjologii Roślin, Wydziału Rolnictwa i Biologii SGGW w Warszawie. Rozprawa jest opracowaniem napisanym w języku polskim. **Doktorantka postawiła Sobie za cel pracy przeanalizowanie molekularnych procesów związanych z regulacją hormonalną następujących fitohormonów: kwasu askorbinowego (ABA), giberliny (GA) oraz kwasu jasmonowego (JA) podczas ustępowania spoczynku i kielkowania nasion jabłoni.** Doktorantka analizowała zmiany transkryptomu i proteomu osi zarodków nasion jabłoni różniących się głębokością spoczynku wynikającą z krótkotrwałego traktowania NO lub chłodną stratyfikacją.

Oceniana rozprawa doktorska ma układ typowy dla tego typu pracy, obejmuje 170 stron wydruku, w tym: *Przegląd literatury* (41 stron), *Cel pracy* (1 strona), *Materiały i metody* (13 stron), *Wyniki* (36 stron), *Dyskusję* (30 stron). Rozprawa doktorska poprzedzona jest streszczeniem w języku polskim i angielskim. W pracy umieszczono 37 rycin, 13 tabel, 3 zdjęcia oraz spis pozycji cytowanego piśmiennictwa (410 pozycji, większości anglojęzycznych prac oryginalnych).

Należy podkreślić, że oceniana praca była realizowana w ramach dwóch projektów, jeden z projektów był finansowany przez Narodowe Centrum Nauki i realizowany był w ramach

PRELUDIUM 4, a drugi projekt był finansowany ze środków Europejskiego Funduszu Społecznego w ramach projektu Samorządu Województwa Mazowieckiego – Rozwój nauki-rozwojem regionu- stypendia i wsparcie towarzyszące dla mazowieckich doktorantów.

Część teoretyczna pracy- przegląd literatury.

Przegląd literatury to bardzo obszerny opis, zawierający istotne informacje związane z tematyką rozprawy doktorskiej. Przegląd literatury Doktorantka podzieliła na podrozdziały: **Embriogeneza** – Autorka zawarła w nim informacje o roli transkryptomu i proteomu w organizmie, a także opisała krótko powstawanie i budowę nasiona; **kolejny podrozdział to Spoczynek i kiełkowanie nasion** – zawiera on informacje na temat rodzajów spoczynku nasion oraz o informacje dotyczące procesu kiełkowania, zmian fizycznych i metabolicznych jakie zachodzą w nasiona podczas tych procesów. Dalej umieszczono **Spoczynek i kiełkowanie nasion jabłoni** – Autorka opisuje nasiona jabłoni i metodę, która pozwala przełamać spoczynek tych nasion. W podrozdziale nawiązuje również do wyników badań nad przerwaniem spoczynku, które zostały uzyskane głównie przez zespół Katedry Fizjologii Roślin Wydziału Rolnictwa i Biologii SGGW w Warszawie. W kolejnym podrozdziale doktorantka **opisuje bardzo szczegółowo fitohormony (kwas abscysynowy, giberliny, kwas jasmonowy)** biorące udział w regulacji spoczynku i kiełkowania nasion, ich biosyntezę/degradację oraz szlaki transdukcji sygnału w których te fitohormony uczestniczą. **Kolejny podrozdział to zbiór informacji na temat reaktywnych form tlenu, ich biosyntezy i sygnalizacji w komórkach roślinnych**, roli ROS w przełamywaniu spoczynku i regulacji kiełkowania nasion. W tym też podrozdziale Autorka **opisuje rolę tlenu azotu w sygnalizacji w komórkach roślinnych oraz w przełamywaniu spoczynku i kiełkowaniu nasion**. Ostatni podrozdział stanowi przegląd literatury dotyczącej **zastosowania metody chłodnej stratyfikacji do przerwania/ustąpienia spoczynku nasion i rozpoczęcia kiełkowania**.

Należy zaznaczyć, że opis przeglądu literatury został wzbogacony rysunkami/schematami, które obrazują najważniejsze informacje opisujące dane procesy, reakcje. Większość zaprezentowanych schematów to modyfikacje rycin przedstawionych w oryginalnym piśmiennictwie anglojęzycznym, **ale Doktorantka wykonała je bardzo precyzyjnie rozbudowując schematy o dodatkowe ważne informacje**.

Po przeczytaniu tej części rozprawy nasuwają się następujące uwagi:

1° Doktorantka w przedstawionym przeglądzie literatury w dużym stopniu skupiła się na informacjach dotyczących komórek roślin, nawiązuje do badań wykonanych na nasionach ryżu, rzodkiewnika, pszenicy pomidora zapominając o nasionach drzew, a przecież praca podejmuje tematykę spoczynku nasion drzew (dlaczego?).

2° Szkoda, że Autorka nie podała informacji, dlaczego wybrała do badań nasiona jabłoni (*Malus domestica* Borh.). Domyślam się, że stanowią one materiał modelowy do badań realizowanych w Katedrze Fizjologii Roślin, ale ważne jest wskazanie dlaczego właśnie analizy na tych nasionach.

3° Nasiona jabłoni to nasiona kategorii orthodox, nasiona drzew posiadający naturalny fizjologiczny spoczynek. Brakuje informacji o cechach nasion drzew z kategorii orthodox.

4° Doktorantka w podrozdziale 1.2. Spoczynek i kiełkowanie nasion opisuje rodzaje spoczynku nasion i przedstawia schemat cyklu rozwoju nasion od embriogenezy do kiełkowania, rozumem, że schemat (Rys.1) jest pewnym uproszczeniem wszystkich zachodzących zdarzeń, ale mam wrażenie, że Autorka i w opisie i w schemacie nie do końca rozumie specyfikę poszczególnych rodzajów spoczynków u nasion, szczególnie, jeśli chodzi o spoczynek wtórny. Poza tym rysunek ten jest modyfikacją schematu zamieszczonego w pracy Gao i Ayele (2014) *Front Plant Scie.* 15,5:458, warto o tym pamiętać i dopisać.

5° Doktorantka stwierdziła, że *"od szeregu lat prowadzi się poszukiwania markerów jakości nasion. Dotychczas stosowane są głównie fizjologiczne i biochemiczne wskaźniki, gdyż molekularne mechanizmy zapadnia nasion w stan spoczynku oraz jego ustępowania nie zostały w pełni wyjaśnione"*. **Czy Doktorantka mogłaby przedstawiać, jakie to wskaźniki fizjologiczne i biochemiczne są obecnie stosowane do oceny jakości nasion drzew kategorii orthodox?**

6° Warto przed publikacją wyników odświeżyć przegląd literatury, szczególnie jeśli chodzi o rolę i sygnalizację reaktywnych form tlenu.

Drobna uwaga:

Literatura cytowana w opisie Rysunku 3 zawiera błędny rok, powinno być Nonogaki i in. **2010**.

Cel pracy

W rozdziale cel pracy sformułowano cel, którym było wskazanie molekularnych mechanizmów oddziaływania NO podczas ustępowania spoczynku i kiełkowania zarodków jabłoni. Przedstawiono, w jaki sposób ten cel zostanie zrealizowany: poprzez badanie zmian transkryptomu oraz proteomu nasion jabłoni różniących się głębokością spoczynku wynikającą z traktowania NO lub długotrwałego traktowania chłodem czyli stratyfikacja. Doktorantka sformuowała również hipotezę badawczą. Uważam, że sformuowana hipoteza nie jest jasna, a przedstawione do niej punkty to raczej zadania badawcze, a nie hipotezy cząstkowe. Szczególnie ostatni punkt (v) cytuje: *»W ostatnim etapie niniejszej pracy podjęta została próba identyfikacji białek ulegających wyżej wymienionym modyfikacjom potranslacyjnym»*. Rozumiem to, jako wykonane zadanie (?), które pozwoli zrealizować cel badań, czy też stawianą hipotezę główną. Doktorantka w podsumowaniu nie odniosła się wprost do postawionej hipotezy, stawianych zadań/stwierdzeń.

W rozdziale Materiały i metody,

Doktorantka opisuje bardzo dokładnie stosowane w trakcie badań metody: stratyfikacji nasion jabłoni, traktowania zarodków nasion NO, izolacji RNA, warunki i przeprowadzanie analizy poziomu transkryptu analizowanych genów, metody oznaczania i identyfikacji białek ulegających S-nitrozylacji.

Opis poszczególnych metod jest prawidłowy, widać duży wkład pracy jaki włożyła Doktorantka realizując cel pracy.

Moje uwagi i przemyślenia:

Opis przygotowania i traktowania materiału badawczego warto byłoby przedstawiać także w formie schematycznej, ponieważ bardzo trudno zebrać w logiczną całość to co zostało zrobione.

Po lekturze pracy nasuwa mi się pytanie do warunków prowadzonej stratyfikacji. **Doktorantka podaje, że nasiona stratyfikowano w temperaturze ok. 4°C, czy mogę prosić o podanie dokładnej temperatury.** W swojej książce Suszka B. Muller C., Bonnet-Masimbert M. 1996. *Seeds of forest broadleaves from harvest to sowing* ed. by INRA, Paris: 17-20., stosują temperaturę 3°C i taka temperatura jest obecnie stosowana w Instytucie Dendrologii w celu przerwania spoczynku nasion jabłoni. Nasiona jabłoni bardzo nierównomiernie wychodzą ze stanu spoczynku. **Czy Doktorantka może przedstawić krzywą kiełkowania dla tych nasion?**

W jaki sposób były przechowywane nasiona (w jakich warunkach temperatury i wilgotności) zgodnie z opisem zbior nasion odbył 2012-2014?

Rozdział Wyniki zawiera bardzo precyzyjnie opisane wyniki uzyskane przez Doktorantkę, ułożone są one w logiczną całość, dając bardzo dobrą podstawę do dyskusji.

Rozdział ten Doktorantka podzieliła na 10 podrozdziałów w pierwszym opisuje stan fizjologiczny nasion i przedstawia wyniki z kiełkowania nasion stanowiących kontrolę, nasion traktowanych NO, oraz poddanych chłodnej stratyfikacji. **Mam pytanie czy zdaniem Doktorantki 60% kiełkujących nasion poddanych działu NO można uważać za dobry wynik? Dlaczego nasiona po stratyfikacji poddane kulturze kiełkowały w 100%?**

Kolejne 8 podrozdziałów to wyniki analiz poziomu ekspresji analizowanych genów w nasionach jabłoni poddanych chłodnej stratyfikacji lub działaniu NO. Doktorantka analizowała wpływ NO lub chłodnej stratyfikacji na biosyntezę i katabolizm ABA, poprzez analizę poziomu ekspresji względnej genów kodujących enzymy biosyntezy ABA (*NCED1*, *NCED3*) oraz katabolizm ABA (*CYP707A1*, *CYP707A2*). Na uwagę zasługuje wynik, który potwierdza rolę NO w hamowaniu biosyntezy ABA i przerywania spoczynku. Otóż Doktorantka wykazała, że poziom ekspresji genów odpowiedzialnych za biosyntezę ABA jest bardzo niski w osiach zarodków traktowanych NO. Ponadto Doktorantka wykazała, że podczas prowadzenia kultur zarodków jabłoni traktowanych NO lub działania chłodną stratyfikacją obniżał się poziom ekspresji genów kodujących receptory szlaku transdukcji sygnału ABA (*PYL1*, *RCAR1*, *RCAR3*). Obniżenie poziomu ekspresji odnotowano również dla genu *DOG*, uważanego za główny czynnik regulujących stan spoczynku nasion. *DOG* pojawia się już w czasie dojrzewania nasion, dlatego zrozumiąły jest jego wysoki poziom w warunkach kontrolnych. Aktywność tego genu w dużym stopniu zależy od temperatury, a jego rola w nasionach drzew podczas spoczynku nie jest jeszcze dokładnie poznana. Doktorantka wykonała analizy poziomu ekspresji genów odpowiadających za szlaki transdukcji sygnału, wykazała zmiany w poziomie ekspresji genów *ABI1* oraz *ABI2* kodujących negatywne elementy szlaku ABA, genu *SnRK2* kodującego pozytywne elementy szlaku sygnałowego ABA, genu *PP2C* kodującego represor szlaku sygnału ABA, genu *AREB3* kodującego czynnik transkrypcyjny tego szlaku. Poziom ekspresji analizowanych genów w osiach zarodków był niższy w próbach traktowanych chłodną stratyfikacją. **Zastanawiający jest wzrost ekspresji analizowanych genów w osiach zarodkowych nasion poddanych 90 dniowej chłodnej stratyfikacji i 1 dniowej kulturze (Str 90+1)? Czy Doktorantka może odnieść się do tego wyniku?**

Kolejne analizy dotyczyły wpływu NO lub chłodnej stratyfikacji na poziom ekspresji genów kodujących białka odpowiedzialne za biosyntezę i degradację GA podczas ustępowania spoczynku i kiełkowania zarodków jabłoni. Analizowała poziom ekspresji względnej genów kodujących enzymy biosyntezy GA (*GA20ox*, *GA3ox*) i degradacji GA (*GA2ox*). Wyniki uzyskane przez Doktorantkę wskazują również, że gen *GA3ox* nie ulega ekspresji w pierwszych dniach działania chłodnej stratyfikacji i imbibicji. To bardzo ciekawy wynik w poszukiwaniu wskaźnika regulacji spoczynku nasion drzew. Doktorantka wykazała również zmiany w poziomie ekspresji względnej genów kodujących elementy szlaku transdukcji sygnału GA, genu *DELLA* kodującego represor szlaku GA oraz genu *SLP2*, kodującego mitochondrialną fosfatazę białkową. **Zastanawiający jest wzrost ekspresji względnej genu *SLP2* w osiach zarodków traktowanych NO (po 3h i 96h)? Czy Doktorantka ma przemyślenia na ten temat?**

W kolejnych etapach Doktorantka analizowała wpływ NO lub chłodnej stratyfikacji na ekspresję genów kodujących elementy szlaku transdukcji sygnału JA. Doktorantka analizowała poziom ekspresji względnej genów kodujących enzymy biosyntezy JA (*AOS*, *JAR1*, *JMT*). Poziom ekspresji genu *AOS* wzrastał w osiach zarodków traktowanych NO lub chłodną stratyfikacją. Poziom ekspresji genu *JMT*, genu kodującego metylotransferazę, białko przekształcające JA w formę aktywną był wysoki w próbach traktowanych NO na początku chłodnej stratyfikacji i w próbie Str90+1. To bardzo ciekawy wynik. **Doktorantka tłumaczy to stanem gotowości do kiełkowania i reakcją na światło. Czy Doktorantka może dokładniej wytłumaczyć tę zależność?** W przypadku genu *JAR1* zaobserwowano niski poziom jego ekspresji w osiach zarodku traktowanych NO w porównaniu kontrolą, natomiast w osiach zarodków nasion jabłoni traktowanych chłodną stratyfikacją obserwuje się wzrost poziomu ekspresji tego genu. Doktorantka analizowała również poziom akumulacji transkryptów *COI* (genu kodującego receptor JA), poziom ekspresji względnej genów kodujących represor transdukcji sygnału JA (*JAZ3* *JAZ12*) oraz poziom ekspresji genu *MYC2* kodującego czynnik transkrypcyjny. **Interesujący jest tak istotny wzrostem poziomu ekspresji genu *COI* oraz genu *JAZ12* w osiach zarodków niespoczynkowych (Str90 +1) w stosunku do kontroli i nasion stratyfikowanych przez 90 dni. Czy Doktorantka może odnieść się do tych wyników?**

W kolejnym etapie pracy Doktorantka przeanalizowała wpływ NO lub chłodnej stratyfikacji na ekspresję genów kodujących białka uczestniczące w biosyntezie ROS, były to geny *AOI* kodujące oksydazę aminową, enzym wywarzający H_2O_2 , gen *RBOH* kodujący oksydazę

NADPH, enzym ten wytwarza anionorodnik ponadtlenny, oraz gen *POX* (gen kodujący peroksydazę). Doktorantka nie stwierdziła wyraźnego wpływu NO na poziom ekspresji genów kodujących oksydazy. **Analizując wyniki zastanawiam się nad tak istotnym wzrostem poziomu ekspresji względnej genu *POX* w osiach zarodków zebranych z kultury po 96h i traktowanych NO przez 96h oraz w próbie Str90+1 w porównaniu z kontrolą. Jak można to interpretować, nie doszukałam się tego w rozdziale Dyskusja? Mam też jeszcze drugie pytanie dlaczego właśnie te geny analizowano?**

Kolejne analizy dotyczyły wpływu analizowanych czynników na ekspresję genów kodujących elementy szlaków ROS. Analizie poddano gen *PTP* kodujący fosfatazę Tyr, *CaM* gen kodujący kalmodulinę oraz gen *MAPK* - kodujący kinazę MAP. Uzyskane wyniki zmian w poziomie ekspresji względnej analizowanych genów zostały bardzo dobrze przedyskutowane i zinterpretowane przez Doktorantkę w rozdziale **Dyskusja**.

Pozostałe podrozdziały opisują wyniki analiz identyfikacji białek, które uległy procesowi S-nitryfikacji. Doktorantka stosując metodę SNOSID zidentyfikowała 351 peptydów, które zawierały w swojej sekwencji przynajmniej jedną Cys-S-NO. Otrzymane wyniki Doktorantka porównała z bazą danych białek GDR dla taksonu *Malus domestica*, porównywała też sekwencje homologiczne dla *Arabidopsis thaliana* za pomocą programu BLASTp. Zidentyfikowała 18 białek, które ulegały S-nitrozylacji w osiach zarodków traktowanych NO, z czego 12 białek wystąpiły w osiach zarodkowych traktowanych tylko NO (CAT, peroksyredoksyna, SOD1, CaM7, tioredoksyna, CYP707A1, RBOH, PHYA, reduktaza glutationowa, CAT), białka pojawiły się różnie w zależności od czasu traktowania NO. 6 białek pojawiło się w osiach zarodków niezależnie od sposobu traktowania (tioredoksyna, PRDX6, PYR/PYL/RCAR, 2 białka regulujące aktywność GA), były to głównie białka regulujące równowagę w komórce, receptory biorące udział w transdukcji sygnału ABA i GA. W dalszych etapach swojej pracy Doktorantka wykazała, że 20 białek ulegało S-nitrozylacji w osiach zarodków nasion jabłoni na wczesnych etapach chłodnej stratyfikacji. 4 białka (GASA17, CAT, Trx, PRDX6) uczestniczące w utrzymaniu stanu równowagi redoks i biorące udział w reakcjach utleniania i odpowiedzi na stres oksydacyjny były charakterystyczne dla osi zarodków stratyfikowanych przez 14 lub 40 dni, 12 białek (CaM7, RBOH, PYL, SnRK2e, LOX, MdGASA20, CYP707A1, PHYA, PRDX, SOD1, PRDX6, GR), uczestniczących min. w regulacji równowagi redoks w komórce, reakcjach utleniania, transdukcji sygnału GA i ABA, fosforylacji białek, katabolizmie ABA było to białka typowe dla osi zarodków stratyfikowanych przez 40 dni. 2 zidentyfikowane białka (PYR/PYL/RCAR, Trx) występowały

we wszystkich etapach stratyfikacji i w osiach zarodkowych zarodków niespoczynkowych (Str90 +1), były to białka, które uczestniczą w transdukcji sygnału ABA, w reakcjach obronnych i utrzymaniu równowagi redoks w komórce.

Nasuwa się pytanie: dlaczego tylko 2 białka zidentyfikowano w próbie Str90 +1?

Zainteresował mnie fakt pojawienia się białek regulujących stan redox w komórkach nasion jabłoni peroksyredoksyn i tioredoksyn - ich obecność jest wyraźniejsza w osiach zarodkowych nasion poddanych działaniu NO. Oczywiście Doktorantka ma rację, że białka te nie uczestniczą w samym procesie ustępowania spoczynku w nasionach, ale mają duże znaczenie w utrzymaniu stanu równowagi redoks w nasionach. **Jak można tłumaczyć ich większą aktywność w nasionach traktowanych NO, czy Doktorantka może podyskutować na ten temat?**

Dyskusja uzyskanych wyników jest przeprowadzona logicznie, co wskazuje na znajomość literatury przedmiotu. Analizując całość dyskusji, czuję jednak pewien niedosyt, brakuje mi przedyskutowania uzyskanych wyników z wynikami uzyskanymi w badaniach nad nasionami drzew w czasie spoczynku, jego ustępowania i kiełkowania nasion. Uważam, że to istotne w kontekście tej pracy, należy pamiętać bowiem, że mechanizmy w nasionach przebiegają podobnie, ale w nasionach drzew mogą pojawić się inne białka, ekspresji mogą ulegać inne geny niż w roślinach zielnych.

Czy Doktorantka może zinterpretować uzyskane wyniki w kontekście nasion drzew?

W ostatnim rozdziale Doktorantka dokonała podsumowania uzyskanych wyników, stwierdziła, że ustępowanie spoczynku nasion jabłoni będące wynikiem chłodnej stratyfikacji lub przerwanie spoczynku zarodków w wyniku traktowania NO jest związane ze zmianą poziomu ekspresji szeregu genów w osiach zarodkowych.

Podsumowała, że część analizowanych zmian w ekspresji genów kodujących kluczowe enzymy analizowanych szlaków są podobne w czasie chłodnej stratyfikacji nasion i po traktowaniu zarodków nasion jabłoni NO. Podsumowała wyniki dotyczące występowania różnic w specyficznych białkach, które uległy S-nitrozylacji w osiach zarodkowych po zastosowaniu zabiegu chłodnej stratyfikacji nasion, w osiach zarodkowych po traktowaniu zarodków NO oraz osiach zarodków spoczynkowych (nie kiełkujących).

Doktorantka podsumowuje, że mechanizmy są podobne w czasie chłodnej stratyfikacji i w czasie traktowania NO, **tłumaczy to endogenną emisję NO. Czy Doktorantka może coś więcej powiedzieć na ten temat?**

W całym tym rozdział brakuje schematu, który obrazował by podobieństwa i różnice działania chłodnej stratyfikacji i NO.

Szkoda, że podsumowanie i wyniki nie odnoszą się konkretnie do stawianego celu pracy, czy też hipotezy głównej.

Podsumowanie

Pozytywnie oceniam rozprawę doktorską mgr Pauliny Anny Andryka-Dudek, jest to dobrze przygotowane opracowanie naukowe, które pozwala nie tylko podsumować do tej pory osiągnięte wyniki badań nad przerwaniem spoczynku nasion jabłoni, wnosi również nowe informacje dotyczące roli NO w tym procesie, pokazuje istotne różnice w regulacji przerwania spoczynku i kiełkowania nasion poziomie ekspresji genów oraz zidentyfikowanych białek ulegających S-nitrozylacji.

Eksperymentalna część badań została prawidłowo zaplanowana i wykonana metodycznie. Postawiony przez Doktorantkę cel badań został zrealizowany, a część uzyskanych wyników badań ocenianej rozprawy doktorskiej **Doktorantka opublikowała w 2019 roku *International Journal Molecular Sciences*.** Należy podkreślić, że przeprowadzone przez mgr Paulinę Annę Andryk-Dudek badania są obszerne i kompleksowe, Doktorantka wniosła ogrom pracy w ich realizację, a wniesione przez mnie uwagi nie umniejszają znaczenia ocenianej rozprawy doktorskiej.

Podsumowując, stwierdzam, że treść i forma przedstawionej rozprawy pt.: „Molekularny mechanizm działania tlenu azotu, w podejściu transkryptomycznym i proteomicznym, podczas ustępowania spoczynku i kiełkowania nasion jabłoni” **w pełni spełnia wymagania stawiane rozprawom doktorskim.** Występuję zatem do Rady Wydziału Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie **o dopuszczenie mgr Pauliny Anny Andryka-Dudek do dalszych etapów przewodu doktorskiego.**

Ewelina Ratajczak
dr hab. Ewelina Ratajczak, prof. ID PAN