

dr hab. inż. Stefan Stojałowski, prof. ZUT  
Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin  
Wydział Kształtowania Środowiska i Rolnictwa  
Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny  
ul. Słowackiego 17  
71-434 Szczecin

Recenzja rozprawy doktorskiej mgr **Mateusza Przyborowskiego** pt.  
**„Identyfikacja czynników genetycznych warunkujących twardość ziarna w materiałach  
hodowlanych pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.)”**

Niniejsza recenzja została wykonana w następstwie uchwały podjętej przez Radę Naukową Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin PIB w Radzikowie 29 marca 2022 r., wyznaczającej recenzentów rozprawy doktorskiej mgr Mateusza Przyborowskiego. Pan mgr Mateusz Przyborowski realizował swoje badania w Zakładzie Genomiki Funkcjonalnej IHAR-PIB pod opieką prof. dr hab. Anny Nadolskiej-Orczyk (promotor) oraz dr Sebastiana Gasparisa (promotor pomocniczy). Opisane w rozprawie wyniki dotyczą genetycznych mechanizmów decydujących o twardości ziarna pszenicy zwyczajnej. Pszenica zwyczajna należy do najważniejszych gatunków roślin uprawnych, zarówno w Polsce, jak i na całym świecie. Wśród różnych zastosowań ziarna pszenicy znaczące miejsce zajmuje wykorzystanie do wypieku pieczywa. Wartość technologiczna ziarna przeznaczonego do produkcji pieczywa jest cechą o kompleksowym charakterze. Wśród parametrów o największym znaczeniu, które są rutynowo oceniane przy kwalifikowaniu ziarna na cele konsumpcyjne dominujące znaczenie mają ilość i jakość glutenu oraz cechy jakościowe skrobi. Twardość ziarna stanowi parametr, który dopełnia charakterystykę ziarna pszenicy zwyczajnej przeznaczonej na cele wypiekowe i wykazuje związek z dwoma wymienionymi powyżej cechami (choćby szczegółowy charakter zależności między jakością glutenu oraz skrobi a twardością ziarna wciąż czeka na pełne wyjaśnienie). W związku z tym twardość ziarna pszenicy zwyczajnej należy traktować jako ważną cechę użytkową, a podjęcie badań nad tym zjawiskiem w ramach doktoratu realizowanego w dyscyplinie agronomii (według aktualnej klasyfikacji dyscyplin naukowych: „rolnictwo i ogrodnictwo”) ma niepodważalne merytoryczne uzasadnienie.

Oceniana rozprawa doktorska ma formę manuskryptu z klasycznym podziałem na rozdziały: Wprowadzenie (wraz z celami pracy), Przegląd literatury, Materiał i metody, Wyniki, Dyskusja oraz Podsumowanie i wnioski. Zasadnicza treść pracy poprzedzona jest wykazem użytych skrótów oraz streszczeniami w języku polskim i angielskim, a całość głównego manuskryptu dopełnia liczący wiele pozycji Spis literatury. Bardzo ciekawym rozwiązaniem zastosowanym przez Autora jest dołączenie do głównego manuskryptu rozprawy Suplementu zawierającego bardzo obszerne dane z wynikami przeprowadzonych eksperymentów. Warto podkreślić, że dane umieszczone w Suplemencie nie mają charakteru danych surowych - zostały specjalnie opracowane przez Autora i są przeznaczone dla czytelnika, który będzie szukał bardziej szczegółowych informacji dotyczących konkretnych

zagadnień opisanych w tekście pracy. Pomysł z utworzeniem Suplementu uważam za bardzo trafiony, gdyż dzięki temu zasadniczy manuskrypt opisujący niezwykle obszerne i zróżnicowane metodycznie badania mógł zostać ograniczony do niespełna 150 stron maszynopisu. Te 150 stron to objętość bardzo znacząca jak na rozprawę doktorską, ale zakres badań wykonanych przez mgr Mateusza Przyborowskiego jest tak duży, że opisanie ich w bardziej skrótovej formie musiałoby się odbyć ze szkodą dla czytelnika, gdyż albo opisy byłyby zbyt lakoniczne i trudne do zrozumienia, albo część wyników nie zostałaby omówiona.

Ze względów formalnych należy wspomnieć, że Autor we wstępnej części manuskryptu podał informację, że wyniki opisane w rozprawie doktorskiej zostały w części użyte do przygotowania wniosku patentowego (przy współdziale promotorki doktoratu) oraz opublikowania artykułu naukowego w czasopiśmie *Agronomy*. W tym drugim przypadku pewne wątpliwości formalne mogłyby budzić obecność wśród autorów osób niezwiązanych z realizacją pracy doktorskiej przez mgr Przyborowskiego. Po zapoznaniu się z artykułem pragnę podkreślić, że wkład autorski Doktoranta został w sposób jednoznaczny zdefiniowany (zarówno względem autorów niezaangażowanych w realizację doktoratu, jak i względem osób pełniących funkcję promotorów), a Mateusz Przyborowski był jednocześnie pierwszym oraz korespondencyjnym autorem tej pracy. Dlatego z pełnym przekonaniem mogę stwierdzić, że wcześniejsze opublikowanie części wyników nie koliduje z ujęciem ich w ocenianej rozprawie.

Manuskrypt przygotowany przez mgr Mateusza Przyborowskiego jest niezwykle przejrzyste zredagowany i napisany bardzo poprawnie językowo. Pierwszym rozdziałem pracy jest Wprowadzenie, w którym Autor syntetycznie (całość tekstu zajmuje niewiele ponad 1 stronę) informuje czytelnika o podjętym problemie badawczym oraz definiuje cele pracy. Cele badań zostały opisane klarownie i pozwalają na końcu lektury manuskryptu na ocenę, czy i w jakim zakresie zostały osiągnięte.

Przegląd literatury został podzielony na podrozdziały dzięki czemu zyskuje na przejrzystości. Pan Mateusz Przyborowski zawarł w tym rozdziale wszystko, czego należałoby oczekiwać. Początek (pierwszy podrozdział) to informacje o charakterze podstawowym: syntetyczna charakterystyka pszenicy jako gatunku uprawnego wraz z pochodzeniem ewolucyjnym jej genomów. W kolejnym - drugim, a jednocześnie najbardziej obszernym podrozdziale znalazł się opis dotyczący różnorodnych aspektów twardości ziarna jako cechy użytkowej zależnej od czynników genetycznych i środowiskowych. Opis merytoryczny jest tutaj bogato ilustrowany schematami i zdjęciami, które bardzo ułatwiają czytelnikowi poznanie cechy będącej przedmiotem zainteresowania Autora. Ostatni, trzeci podrozdział Przeglądu literatury dotyczy markerów molekularnych. Opis jest krótki, ale wystarczający, żeby wprowadzić czytelnika do lektury kolejnych rozdziałów pracy. Niemniej jednak odniosłem wrażenie, że nie został tak głęboko przemyślany, jak dwa wcześniejsze podrozdziały. Jest napisany w sposób poprawny i trudno mi postawić Autorowi jakiegokolwiek istotne zarzuty, ale poprzedzające podrozdziały oceniam wyżej, gdyż w sposób równie syntetyczny, a jednocześnie bardziej kompleksowy opisują zawartą w nich tematykę.

Opis materiału i metod zajmuje ponad 25 stron maszynopisu. Na podkreślenie zasługuje duża staranność pana Mateusza Przyborowskiego przy szczegółowym opisywaniu procedur laboratoryjnych. Każdy z takich opisów ujęty w formie oddzielnego podrozdziału stanowi coś w rodzaju kompletnego przewodnika metodycznego – powtórzenie wszystkich wykonanych

analiz laboratoryjnych przy tak dokładnym opisie nie będzie nikomu naręczało trudności. Warto przy tym zaznaczyć, że procedur tych, jak na jedną pracę doktorską, jest naprawdę dużo i różnorodność metod laboratoryjnych zastosowanych przez pana Przyborowskiego robi spore wrażenie. Czytelność tych opisów mogłaby moim zdaniem zostać jeszcze nieco poprawiona, gdyby pewne elementy (np. składy mieszanin reakcyjnych, profile temperaturowe w metodzie PCR itp.) zostały ujęte w formie tabelarycznej. Niezależnie od tego uważam, że opisy metodyk laboratoryjnych wykonane przez Doktoranta stanowią duży atut tej rozprawy.

Szczegółowe i klarowne opisy metod laboratoryjnych kontrastują z dość ogólnikowym opisem materiału badawczego oraz po części również z nie całkiem precyzyjnym opisem warunków uprawy i pobierania prób do badań laboratoryjnych. Opis materiału jest ograniczony do zaledwie jednego zdania odsyłającego czytelnika do dwóch tabel w Suplemencie. Nie widziałbym w tym niczego złego, gdyby nie fakt, że w załączonych tabelach znajdują się właściwie wyłącznie informacje o twardości ziarna badanych obiektów, które w przypadku materiałów hodowlanych uzupełniono o kraj pochodzenia. Tabela S2 zawierająca opis materiałów kolekcyjnych z Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych (KCRZG) informacji o pochodzeniu już jednak nie zawiera (choć w tytule tabeli jest informacja, że takie dane planowano tu umieścić). Zdaję sobie sprawę, że szczegółowe charakterystyki badanych odmian i linii nie są w tej pracy niezbędne, ale pewne podstawowe informacje chętnie bym tutaj zobaczył. Przede wszystkim chodzi mi o wskazanie, które z badanych obiektów należały do pszenic ozimych, a które do jarych. Autor badał je we wspólnym doświadczeniu i żeby móc to zrobić prowadził sztuczną jarowizację, a następnie prowadził uprawę w warunkach kontrolowanych (tunele foliowe, a w doświadczeniach nad ekspresją genów – fitotron). Terminy pobierania materiału do badań laboratoryjnych uzależniano od stadium rozwojowego każdego z genotypów (np. określając liczbę dni od początku kwitnienia), dzięki czemu wyniki otrzymane z tak zróżnicowanego zestawu obiektów są wiarygodne. Niemniej jednak podanie informacji o ozimym lub jarym typie odmiany może pozwolić na ocenę wyników pod nowym kątem, a jednocześnie czytelnik nie będzie się czuł zaskoczony niektórymi informacjami, np. treścią podrozdziału 4.3.5, gdzie można się dowiedzieć, że różnice w terminie kwitnienia badanych odmian (rosnących przecież w warunkach kontrolowanych) przekraczały 2 miesiące. Kolejna informacja, którą chętnie zobaczyłbym w charakterystyce materiałów hodowlanych to dane firm hodowlanych udostępniających materiał. W przypadku odmian zarejestrowanych łatwo to sprawdzić, ale pan Przyborowski badał też spory zestaw linii udostępnionych przez spółki hodowlane. Materiały te, jak sądzę, zostały udostępnione do badań na zasadach grzecznościowych. W przeciwieństwie do KCRZG, który ma w swoich zadaniach statutowych udostępnianie materiałów roślinnych do badań, spółki hodowlane nie mają obowiązku tego robić, a każde przygotowanie zestawu nasion różnych genotypów wymaga pewnego dodatkowego nakładu pracy. Nie znalazłem w treści rozprawy informacji (lub podziękowania) dla firm lub osób, które udostępniły swoje materiały do badań. Podsumowując moje uwagi krytyczne do opisu materiału badawczego, pragnę podkreślić, że aktualny opis wykonany przez mgr M. Przyborowskiego jest w zasadzie wystarczająco poprawny, ale lakonicznością mocno kontrastuje z bardzo wysoką precyzyjnością opisów procedur laboratoryjnych opisanych w „Materiale i metodach”.

Opis układu doświadczalnego w podrozdziale 3.2.2 również zawiera pewne niedopowiedzenia. Autor na stronie 35 napisał, że „...pszenice były uprawiane w tunelach ogrodniczych w 12 litrowych donicach po osiem roślin w jednym pojemniku... w 2017 i 2018 roku”. Nie jest dla mnie do końca jasne, czy to oznacza, że każda odmiana/linia była reprezentowana przez osiem roślin rosnących w jednej donicy? Czy były jakieś powtórzenia, np. kilka donic zawierających tę samą odmianę? Czy różnicowano sposób nawadniania, skoro jedne odmiany były dużo wcześniejsze, a inne późne (te dojrzewające wcześniej nie wymagały w pewnym momencie podlewania i dalsze nawadnianie mogło wpływać negatywnie na jakość wypiekową ziarna, ale późniejsze odmiany wciąż potrzebowały wody, aby zakończyć wegetację w optymalnych warunkach)? Jak pobierano próby do analiz opisanych w pkt. 3.9 (Charakterystyka fenotypu oraz pomiary biochemiczne) – czy próby: 300 ziaren (podrozdział 3.9.1), 30 gram (p. 3.9.2) i 1 gram (p. 3.9.3) pochodziły z dwóch lat badań i były analizowane oddzielnie dla każdego roku, czy może były wybierane z partii ziarna połączonych z dwóch lat badań? Mam nadzieję, że publiczna obrona doktoratu będzie okazją na wyjaśnienie tych moich wątpliwości.

Opis wyników badań zawiera ilość danych, która znacząco wykracza poza wymagania dla pojedynczego doktoratu. Znajduje się tutaj duży zbiór danych fenotypowych – nie tylko dotyczących głównego przedmiotu rozprawy, tj. twardości ziarna, ale także zawartości skrobi, białka oraz glutenu w odmianach lokalnych (odmiany hodowlane są pod tym względem charakteryzowane w czasie badań rejestrowych i porejestrowych). Kolejny zestaw wyników zawiera sekwencje DNA pozyskane metodą Sanger, które pozwoliły Autorowi na ważne z badawczego punktu widzenia stwierdzenie, że w badanych genotypach nie było zmienności w obrębie genu *Pina*, ale występuje kilka wariantów allelicznych genu *Pinb*. Bardzo istotne dla komercyjnej hodowli były badania opisane w podrozdziale 4.2, których celem było opracowanie metod pozwalających na szybką i mało kosztoclonną identyfikację alleli *Pinb*. Pan mgr Przyborowski zastosował szeroki wachlarz technik z zakresu genetyki molekularnej w wyniku czego zaproponował cztery metody, które można zastosować w praktycznej hodowli. Jedną z opracowanych metod identyfikacji alleli genu *Pinb* stała się przedmiotem zgłoszenia patentowego. Kolejnym obszarem badań opisanych w rozprawie było sprawdzenie związku między różnicami genetycznymi (warianty genu *Pinb* wykazującego zmienność na poziomie sekwencyjnym), fizjologicznymi (zawartość białka i chlorofilu, wydajność fotosytemu II) i biochemicznymi (zawartość białka, skład alleli wysokocząsteczkowych białek gluteninowych) z twardością ziarna pszenicy. Zmienność genetyczna w obrębie genów *Pina* i *Pinb* badana była też na poziomie ekspresji białek (metody SDS-PAGE oraz Dot-blot). Po stwierdzeniu, że zmienność sekwencji DNA w obrębie genów *Pin* nie tłumaczy dużej zmienności obserwowanej na poziomie fenotypowym, mgr Przyborowski podjął próbę analizowania sekwencji promotorowych oraz poszukiwania czynników transkrypcyjnych potencjalnie związanych z regulacją ekspresji genów twardości ziarna pszenicy. Szeroko zakrojone prace dotyczące ekspresji genów *Pin* oraz wytypowanych metodami bioinformatycznymi potencjalnych czynników transkrypcyjnych zaowocowały pozyskaniem szeregu interesujących, wcześniej nieznanych w nauce danych. Oczywiście badane zjawisko jest tak skomplikowane, że wyjaśnienie jego mechanizmu w ramach jednego doktoratu nie jest możliwe, ale kolejny krok w tym kierunku został wykonany: mgr Przyborowski wskazał zestaw czynników transkrypcyjnych, których ekspresja była pozytywnie skorelowana z

działaniem genów *Pin*. Ich faktyczny związek z twardością ziarna wymaga głębszych analiz, ale jest to niewątpliwie ciekawy wynik wskazujący, w którym kierunku należy prowadzić dalsze badania. Podobnie należy potraktować wiele innych nowych i czasami zaskakujących wyników opisanych w pracy, jak np. istotna statystycznie korelacja między zawartością chlorofilu oraz aktywnością genu *Pina* 14 dni po zakwitnięciu, który to związek bardzo szybko zanika kilka-kilkanaście dni później (str. 112). Reasumując, wyniki zebrane i opisane przez Autora w bardzo czytelny sposób, są niezwykle obszerne i wartościowe. W pełni wypełniają one cele postawione w pracy. Autor scharakteryzował zmienność alleliczną w obrębie dwóch genów *Pin* obecnych w pszenicy zwyczajnej, opracował z sukcesem metody szybkiego oznaczania alleli genu *Pinb* oraz wytypował czynniki transkrypcyjne, które mogą mieć związek z kształtowaniem twardości ziarna.

Opis wyników został przez pana mgr Mateusza Przyborowskiego poddany dyskusji naukowej w rozdziale 5 rozprawy. Tekst tej Dyskusji dowodzi, że Autor nie tylko jest zaznajomiony z aktualną literaturą naukową (o czym świadczy wspomniany powyżej Przegląd literatury), ale też potrafi sprawnie powiązać fakty poznane z lektury artykułów z danymi uzyskanymi samodzielnie. Ogólnie znane jest stwierdzenie, że dobrze napisana Dyskusja wyników i krytyczne podejście do własnych rezultatów wskazuje na dojrzałość naukową autora. Rozdział napisany przez mgr Przyborowskiego moim zdaniem świadczy o takiej dojrzałości. Tekst jest napisany bardzo przejrzyście, z wieloma odwołaniami do danych literaturowych, jednocześnie z właściwym dystansem do własnych wyników badań. Korzystając z okazji publicznej obrony, chciałbym wymienić z panem mgr Przyborowskim poglądy na przydatność dla celów hodowlanych opracowanych przez niego metod identyfikacji alleli *Pinb* (fragment Dyskusji na str. 119) – w moim odczuciu trochę nie docenia on potencjału markerów CAPS dla komercyjnej hodowli roślin. Łatwość analizy połączona z niewielkimi wymaganiami sprzętowymi w laboratorium może być sporym atutem tej metody.

Merytoryczną treść rozprawy doktorskiej autorstwa mgr Mateusza Przyborowskiego wieńczą „Podsumowanie i wnioski” ujęte w dziesięciu punktach, które bardzo trafnie charakteryzują najważniejsze osiągnięcia Autora. Spis literatury jest ostatnim rozdziałem ocenianej rozprawy zawierającym aż 238 pozycji, w którym uwzględnione są, wedle mojej wiedzy, wszystkie znaczące artykuły naukowe, zarówno te najnowsze, jak i takie, które można dzisiaj uznać za historyczne, ale wciąż aktualne.

Od strony edytorskiej oceniana rozprawa została wykonana z ponadprzeciętną starannością. Można sporadycznie znaleźć w tekście drobne błędy (głównie tzw. „literówki”), ale jest ich niewiele i przy tak obszernym tekście napisanym bez współpracy z profesjonalnym korektorem nie można od Autora oczekiwać więcej. Tekst czyta się z łatwością, a przejrzysty materiał ilustracyjny ułatwia zrozumienie przekazywanych przez mgr Przyborowskiego informacji. Spełniając obowiązek recenzenta pozwolę sobie jednak na wskazanie drobnych niedociągnięć o charakterze edytorskim.

Autor w teście wielokrotnie nawiązuje do genomów pszenicy używając określenia „homoeologiczne” odmieniając je w różnych wariantach. Nadmiarowe „o” w tym słowie wydaje się zapożyczeniem z j. angielskiego. W polskojęzycznych publikacjach renomowanych wydawnictw („Podstawy cytogenetyki roślin” PWN, „Cytogenetyka pszenicy

i jej mieszańców” PWRiL) znajdziemy pisownię „homeologiczne” i osobiście traktuję taką właśnie formę jako poprawną.

Niektóre z bardziej złożonych rysunków zaprezentowanych w pracy są wydrukowane w częściach zajmujących kolejne strony manuskryptu. W następstwie zdarza się, że aby dowiedzieć się, o czym traktuje dany schemat trzeba przewrócić kartkę (dopiero na kolejnej stronie znajduje się tytuł rysunku wraz z objaśnieniami). Wystarczyłoby przesunąć nieznacznie tekst i rysunki, tak żeby całość znalazła się na tej samej stronie, a analiza rysunków stałaby się łatwiejsza. Jako przykład można podać rys. 9 na str. 47-48. Na rysunku tym jest też drobny błąd: w obu wariantach (schematy A i B) brakuje sekwencji M13F, za to są dwukrotnie wskazane lokalizacje sekwencji M13R.

Podsumowując recenzję: wszystkie moje uwagi edytorskie, jak i większość merytorycznych dotyczą drobnych niedociągnięć lub mają charakter czysto dyskusyjny. Nie ma wśród nich żadnych, które mogłyby istotnie deprecjonować wartość naukową rozprawy napisanej przez mgr Mateusza Przyborowskiego. Sama rozprawa doktorska w moim mniemaniu znacząco przewyższa zakresem badań wymogi ustawowe stawiane pracom doktorskim. Badania wykonane przez Doktoranta oparte zostały na mocnych podstawach metodycznych, zrealizowane zostały z należytą starannością, wyniki opracowano w sposób nie budzący żadnych zastrzeżeń i krytycznie oceniono konfrontując je z dostępnymi źródłami literatury naukowej. Pan mgr Mateusz Przyborowski realizując pracę doktorską udowodnił, że potrafi zaplanować metodycznie poprawne doświadczenie hodowlane, posiada umiejętność wykonania naukowych badań laboratoryjnych wykorzystując zróżnicowane techniki z zakresu biologii molekularnej oraz zaznajomiony jest z metodami bioinformatycznymi. Oceniana rozprawa bez wątpliwości stanowi oryginalne rozwiązanie problemu naukowego i spełnia wymogi stawiane rozprawom doktorskim w Ustawie o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. z 2017 r. poz. 1789). W związku z tym **wnioskuję do Rady Naukowej Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin PIB w Radzikowie o dopuszczenie mgr Mateusza Przyborowskiego do publicznej obrony doktoratu.**

Wyniki uzyskane przez mgr Mateusza Przyborowskiego mają w dużej części charakter nowatorski. Autor wykorzystał w czasie realizacji doktoratu niezwykle szerokie spektrum metod badawczych (od analiz o charakterze fenotypowym, poprzez zróżnicowane metody z zakresu genetyki molekularnej, aż po zaawansowane metody bioinformatyczne), a rezultaty starannie opracował i opisał w sposób bardzo przejrzysty. Biorąc pod uwagę bardzo wysoką wartość naukową ocenianej rozprawy składam **wniosek do Rady Naukowej Instytutu o rozpatrzenie możliwości wyróżnienia tej pracy.**

Stojołowski

Szczecin, 2.06.2022.

Stefan Stojałowski

dr hab. inż. Stefan Stojalowski, prof. ZUT  
Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin  
Wydział Kształtowania Środowiska i Rolnictwa  
Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny  
ul. Słowackiego 17  
71-434 Szczecin

Wniosek o wyróżnienie rozprawy doktorskiej mgr **Mateusza Przyborowskiego** pt.  
**„Identyfikacja czynników genetycznych warunkujących twardość ziarna w materiałach  
hodowlanych pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.)”**

Zwracam się z wnioskiem do Rady Naukowej Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin Państwowego Instytutu Badawczego w Radzikowie o rozpatrzenie możliwości **wyróżnienia rozprawy doktorskiej pana mgr Mateusza Przyborowskiego** o tytule podanym powyżej. Magister Przyborowski zrealizował swoje badania w Zakładzie Genomiki Funkcjonalnej IHAR-PIB pod opieką prof. dr hab. Anny Nadolskiej-Orczyk (promotor) oraz dr Sebastiana Gasparisa (promotor pomocniczy). Opisane w rozprawie wyniki dotyczą genetycznych mechanizmów decydujących o twardości ziarna pszenicy zwyczajnej. Badania wykonane przez doktoranta miały bardzo kompleksowy charakter. Autor wykorzystał w czasie realizacji doktoratu niezwykle szerokie spektrum metod badawczych (od analiz o charakterze fenotypowym, poprzez zróżnicowane metody z zakresu genetyki molekularnej, aż po zaawansowane metody bioinformatyczne), a rezultaty starannie opracował i opisał w sposób bardzo przejrzysty. Wyniki uzyskane przez mgr Mateusza Przyborowskiego mają w dużej części charakter nowatorski. Część wyników badań została opublikowana w czasopiśmie naukowym *Agronomy* (IF=3,417, 100 pkt. wg listy czasopism MEiN) w artykule pt. *The Variability of Puroindoline-Encoding Alleles and Their Influence on Grain Hardness in Modern Wheat Cultivars Cultivated in Poland, Breeding Lines and Polish Old Landraces (*Triticum aestivum* L.)* (*Agronomy* **2020**, 10(8), 1075).

Z wyrazami szacunku,

Szczecin, 2.06.2022.

Stefan Stojalowski