



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, 1 sierpnia 2023 r.

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

**Recenzja rozprawy doktorskiej magistra inż. Bartosza Jabłońskiego
zatytułowanej „Rola wybranych genów *TaCKX* w regulacji rozwoju
i produktywności pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.)”.**

Rozprawa doktorska Pana magistra inż. Bartosza Jabłońskiego została wykonana pod kierunkiem Pani prof. dr hab. Anny Nadolskiej-Orczyk jako promotora i Pana dr. inż. Sebastiana Gasparisa jako promotora pomocniczego w Zakładzie Genomiki Funkcjonalnej Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, w Radzikowie.

Przedmiotem badań Pana Bartosza Jabłońskiego były wybrane geny *TaCKX*: *TaCKX1* i geny klasyfikowane łącznie jako *TaCKX2* obejmujące: *TaCKX2.2*, *TaCKX2.2.1* i *TaCKX2.2.2*, należące do rodziny *CKX* u pszenicy zwyczajnej, *Triticum aestivum* L. Geny te kodują oksydazy/dehydrogenazy cytokinin i mają zatem fundamentalne znaczenie w regulacji aktywności tych fitohormonów. Jednocześnie, z uwagi na liczbę genów *TaCKX*, wielość form cytokinin, wielokierunkowe i wielokrotnie krzyżujące się, zarówno synergistyczne i antagonistyczne, efekty działania poszczególnych genów *TaCKX*, dokładnie poznanie ich funkcji, sieci oddziaływań i roli w regulacji wzrostu i rozwoju roślin, jest zagadnieniem wysoce złożonym i dalekim od zakończenia. W tym świetle, zadanie, którego podjął się Doktorant jest ambitne i niezwykle istotne w aspekcie poznawczym i użytecznym, a także bezpośrednio ważne z praktycznego punktu widzenia, biorąc pod uwagę obiekt badawczy czyli jedno z trzech zbóż o największym światowym znaczeniu i najważniejsze w Polsce.

Praca doktorska została wykonana w ramach realizacji dwóch projektów Narodowego Centrum Nauki, OPUS 7, nr 2014/13/B/NZ9/02376, pt. „Rola genów *TaCKX* w regulacji

procesów rozwoju roślin pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.)” i OPUS 19, nr 2020/37/B/NZ9/00744, pt. „Ideotyp wysokoplonującej rośliny pszenicy bazujący na genetycznej regulacji cytokinin”. Uzyskane wyniki badań zostały już opublikowane, stąd rozprawa doktorska składa się z dwóch głównych części. Pierwsza „tradycyjna” obejmuje typowe rozdziały jak Streszczenie i Przegląd literatury jako wprowadzenie do podjętej tematyki, Hipotezę i cele badawcze oraz skrócony opis Materiałów i metod. W kolejnych rozdziałach następuje omówienie najważniejszych wyników i wnioski z przeprowadzonych badań, które z kolei zawarte są w drugiej „publikacyjnej” części rozprawy, obejmującej trzy publikacje. Sposób wykonania prac badawczych w ramach projektów naukowych, jak i „publikacyjna” forma rozprawy wpisują się w najnowsze trendy. Szczególnie ten drugi aspekt zasługuje na uznanie, gdyż rozprawa w postaci zbioru publikacji, do tego trzech, nie jest regułą. Wskazuje to na bardzo dobre przygotowanie i wykonanie badań, zarówno Doktoranta, jak i zespołu badawczego pod kierownictwem Pani prof. dr hab. Anny Nadolskiej-Orczyk.

Publikacje stanowiące rozprawę doktorską są całkowicie spójne tematycznie, co widoczne jest już choćby po ich tytułach: 1) „Silencing of *TaCKX1* mediates expression of other *TaCKX* genes to increase yield parameters in wheat”, 2) „*TaCKX2.2* genes coordinate expression of other *TaCKX* family members, regulate phytohormone content and yield-related traits of wheat”, 3) “Genotype-dependent effect of silencing of *TaCKX1* and *TaCKX2* on phytohormone crosstalk and yield-related traits in wheat”. Wszystkie prace zostały opublikowane stosunkowo niedawno, tj. w latach 2020-21, w uznanym międzynarodowym czasopiśmie *International Journal of Molecular Sciences*, o wysokiej rozpoznawalności i wskaźniku cytowań, czego wyrazem jest wysoki sumaryczny IF ww. prac, wynoszący 18,34. We wszystkich publikacjach Pan Bartosz Jabłoński był wiodącym autorem, jego udział był największy i wynosił 40%. Jedynie w ostatniej publikacji był on niewiele niższy od wkładu Pani prof. Nadolskiej-Orczyk (43%), promotorki i zarazem kierowniczkii projektów, w ramach których był wykonywany doktorat. Doktorant wykonał zasadniczą część badań składających się na publikacje, tj. dopracował metodologię i wykonał analizy, a następnie opracował i zinterpretował uzyskane wyniki. Ponadto przygotował ryciny przedstawiające i podsumowujące wyniki, zatem stanowiące jedną z kluczowych części publikacji. Opublikowanie wyników badań już samo w sobie świadczy o uznaniu przez społeczność naukową i zarazem o walorach Pana magistra inż. Bartosza Jabłońskiego jako kandydata do stopnia naukowego doktora. Niemniej obowiązkiem recenzenta jest odniesienie się do całości rozprawy, co też zostanie poczynione w kolejności rozdziałów rozprawy.

Rozprawa napisana jest zwięźle i w przeważającej mierze przystępnie. Wprowadzając do tematyki badawczej, Doktorant przedstawia historię powstania gatunku, uprawy i hodowli *T. aestivum*, a następnie charakteryzuje zjawisko interferencji RNA, jako podstawy metodologii użytej do otrzymania transgenicznych linii pszenicy z wyciszonymi genami *TaCKX*. Efekty wyciszenia na poziomie molekularnym, biochemicznym i morfologicznym (morfometrycznym) były następnie analizowane, opracowane statystycznie i interpretowane pod kątem roli wyciszanych genów w regulacji wzrostu i rozwoju oraz produktywności roślin pszenicy. Obydwa powyższe wątki opisane są skrótowo, co jest naturalne w kontekście głównej tematyki pracy. Wydaje się jednak, że opis RNAi można było poszerzyć o krótkie uzasadnienie wyboru tej metody i/lub porównanie z CRISPR/Cas9, metodą wspomnianą w rozprawie, a obecnie intensywnie rozwijaną.

Ze względu na tematykę pracy, większość przeglądu literatury poświęcona jest działaniu cytokinin oraz związanej z tym dotychczas poznanej funkcji genów *CKX* u zbóż, szczególnie pszenicy. Ta część rozprawy jest szczegółowym opisem, dokonany w oparciu o najnowszą literaturę. Wkradły się jednak do niej nieliczne błędy i niedomówienia. I tak, N⁶-izopentenyloadenina nie jest hydroksylowana, natomiast zeatyna jest, dlatego tą drugą można uznać pod względem chemicznym za pochodną pierwszej, chociaż syntetyzowana jest w innym rozgałęzieniu szlaku biosyntezy (str. 13). Podobnie, jakkolwiek zorientowany czytelnik zna kontekst, warto jednak dopisać, że izomer trans-zeatyny jest wysoce aktywny biologicznie. Można też dodać, że cytokininy aromatyczne oprócz pochodnych analogicznych do tych dla cytokinin izoprenoidowych, tworzą też arabinozydy.

Pewnym problemem dla czytelnika może być też opanowanie informacji dotyczącej funkcji genów *TaCKX*. Wynika to w dużej mierze z liczby genów wchodzących w skład rodzin u omawianych gatunków zbóż, jak i wspomnianej wcześniej wielokierunkowości działania genów *CKX* względem poszczególnych cytokinin i dalej zróżnicowanego spektrum efektów wyciszania i analizy funkcjonalnej. Jednakże omówienie tkankowo-rozwojowej specyficzności ekspresji poszczególnych genów nie jest jednolite, niektóre z genów są opisane jako ulegające specyficznej ekspresji raz w jednych organach/fazie rozwojowej, a raz w innych, np. *TaCKX8* czy *TaCKX9*. Przyczyną takiego stanu rzeczy jest zróżnicowanie wyników poszczególnych autorów jak i zmieniająca się nomenklatura genów *TaCKX*. Doktorant nie ustrzegł się przy tym błędu przypisując różnym genom tą samą nazwę *TaCKX2.2* (str. 22). Niezależnie jednak od tego wydaje się, że charakterystyka genów *TaCKX* mogłaby być ułatwiona przez podsumowanie w formie np. tabeli, która obejmowałaby zmieniającą się nomenklaturę, specyficzność i poziom ekspresji (wg różnych autorów) oraz efekty analizy funkcjonalnej.

Mankamentem, wprowadzającej czy „tradycyjnej” części rozprawy jest język, który bywa skrótowy i żargonowy. Przykładami są takie sformułowania, jak: „silnemu wyciszeniu genu *TaCKX2.2* w T₂ towarzyszyło nieznaczne obniżenie ekspresji *TaCKX2.2.1* i silna regulacja w górę (...) przy jednoczesnym obniżeniu benzyloadeniny (BA) i kwasu abscysynowego (ABA) i redukcji kwasu giberelinowego (GA₃).” – w Streszczeniu; „najwyższą zawartość zarówno w wyciszonych jak i nie wyciszonych kontrolach (...)” – str. 14 czy „*TaCKX1* (...) wykazywał wysoką ekspresję” - str. 23, „obniżeniem kwasu abscysynowego” – str. 20. Podobnych sformułowań jest więcej, ale ich wyliczanie wypaczyłoby wartość rozprawy i sens recenzji. Z tego samego powodu można pominąć liczne błędy literowe, interpunkcyjne czy powtórzenia (np. „Geny z rodziny genów” – w Streszczeniu). Należy się jednak odnieść do kilku kwestii ogólnych:

- Doktorant używa sformułowania „pylenie” (str. 4, 14, 23, 25, 26) wskazujące na proces rozciągnięty w czasie, podczas gdy prawidłowe byłoby „zapylenie”, gdyż właśnie ono uruchamia lub istotnie intensyfikuje ekspresję lub do niego odnoszona jest ekspresja poszczególnych genów *TaCKX*. Termin „zapylenie” odpowiadałby także terminologii angielskiej i skrótowi DAP – days after pollination.
- Terminy „drewno” i „łyko”, jakkolwiek poprawne, wydają się niezbyt trafne, gdyż będąc nazwami tkanek niejednorodnych bardziej pasują one w kontekście anatomii lub wykorzystania biomasy roślin. W przypadku transportu cytokinin, a także innych fitohormonów bardziej adekwatne mogłyby być sformułowania „rurki sitowe floemu, naczynia ksylemu”. Należy jednak zaznaczyć, że jest to subiektywne odczucie recenzenta.
- Dyskusyjną kwestią jest stosowanie w całej pracy szerokiego terminu „ekspresja” genów w odniesieniu do „transkrypcji”. Recenzent zdaje sobie sprawę, że jest to obecnie zjawisko tak powszechne, że próba ścisłego przestrzegania pierwotnej terminologii mogłaby prowadzić do nieporozumień. Zorientowany czytelnik bez trudu rozgraniczy też „ekspresję” w wąskim znaczeniu transkrypcji od tego w bardziej ogólnym jak np. „cytokininy wpływają na ekspresję innych genów kontrolujących m. in. aktywność merystemów (...)”. Niemniej warto byłoby poznać stanowisko Doktoranta w tej sprawie.
- Niekonsekwentne stosowanie skrótów i wyjaśnień. Niektóre skróty są wyjaśnione tylko w tekście, ale nie na załączonym wykazie, np. ZOG, tZG, tZR, DZG, *GLU*, *UGT*, a niektóre wcale, np. MIR (str. 11). Pomimo skrótów, stosowane są też niekiedy pełne nazwy, np. na str. 15, 16, 20. W innych przypadkach wyjaśnienia skrótów lub pojęć pojawiają się po kolejnym

użyciu, zamiast przy pierwszym, np. MTZ – masa tysiąca ziaren (Streszczenie), a np. transport akro- i bazypetalny powinien być wyjaśniony już na str. 16, a nie str. 19.

Oprócz ww., są też pomniejsze sformułowania, które mogłyby być dopracowane, np.

- „(...) człowiek udoskonala jego cechy w sposób nieplanowany (...)” gdy powinno być „udoskonalał” – str. 9;
- „południowo-wschodniej części Turcji” – można by dodać „dzisiejszej” – str. 9;
- stosowanie rodzaju żeńskiego i nijakiego w odniesieniu do *Triticum* – str. 9;
- „znaczne różnice w obrębie zróżnicowanego zakresu tkanek i narządów” – wystarczyłoby „znaczne różnice w poszczególnych tkankach” i powinno być „organach” – str. 17;
- „oznaczono homeologi 11 genów na genomach” – powinno być „w genomach”.

Powyższe uwagi mają jednak drugo- i trzeciorzędne znaczenie, a sam przegląd literatury stanowi wyczerpujące wprowadzenie do dalszych części rozprawy.

Cel pracy jest jasno przedstawiony, jakkolwiek nieco nieprecyzyjnie. Należałoby od razu zaznaczyć, że analizowano funkcję biologiczną wybranych genów *TaCKX*. Należy też zwrócić uwagę, że pomimo potocznego rozumienia fenotypowania, pojęcie fenotypu obejmuje morfologię i anatomię oraz wszystkie procesy życiowe, zatem w ujętym kontekście lepiej byłoby wspomnieć cechach morfologicznych lub morfometrycznych. Hipoteza badawcza jest dość ogólna, ale jest to uzasadnione zważywszy na etap gromadzenia podstawowej wiedzy odnośnie działania genów *TaCKX*. W kontekście zainteresowania produktywnością pszenicy całkowicie uzasadniony jest wybór genów *TaCKX1* i *TaCKX2* jako przedmiotu badań, z uwagi na ich wysoce specyficzną ekspresję w rozwijających się kłosach. W celu sprawdzenia wpływu genotypu na aktywność analizowanych genów, badania przeprowadzono na dwóch odmianach pszenicy, Kontesa i Ostka Smolicka, wyraźnie odmiennych pod względem budowy kłosa. Należy podkreślić wieloaspektowość badań przy użyciu szerokiego zakresu metod badawczych, przede wszystkim: analizy transkrypcji wybranych genów *TaCKX*, pomiary aktywności enzymatycznej CKX i oznaczanie fitohormonów, pomiary zawartości chlorofilu oraz fenotypowanie i analiza statystyczna. Warto też podkreślić wykorzystanie metody RNAi, zamiast CRISPR do uzyskania z wyciszonymi genami *TaCKX*, w tym udane zastosowanie fragmentu sekwencji o najwyższej homologii do wyciszenia genów homeologicznych. Metodologiczna i wynikowa część rozprawy zawarta jest, jak wspomniano, w załączonych publikacjach. Można zatem stwierdzić, że została już zrecenzowana i pozytywnie zweryfikowana, o czym świadczy kilkadziesiąt dotychczasowych cytowań publikacji. Jakkolwiek rola genów *TaCKX* w rozwoju roślin pszenicy pozostaje w dużym stopniu

niewyjaśnionym i skomplikowanym zagadnieniem, uzyskane wyniki znacznie poszerzają znajomość funkcji badanych genów, szczególnie w fazie kłoszenia. Do najważniejszych osiągnięć w opinii recenzenta można zaliczyć wykazanie, że:

1. Poszczególne geny *TaCKX* wzajemnie wpływają na swoją ekspresję.
2. Poszczególne cechy związane z rozwojem i fizjologią roślin oraz cechy plonotwórcze są regulowane przez różne geny *TaCKX* poprzez metabolizm cytokinin oraz wpływ na działanie pozostałych fitohormonów.
3. Odmienne efekty wyciszania wskazują, że geny *TaCKX1* i *TaCKX2* wykazują częściowo przeciwstawne działanie, tj. względem niektórych cech, np. liczby nasion, masy tysiąca nasion, długości i liczby kłosów i in. Uzasadnione jest stwierdzenie, że regulacja ekspresji genów *TaCKX1* i *TaCKX2* zachodzi poprzez sprzężenie zwrotne.
4. Działanie genów *TaCKX1* i *TaCKX2* może zależeć od genotypu, jak wykazano na przykładzie bezościstej odmiany Kontesa i Ostka Smolicka o ościstych kłosach.
5. Wyciszenie genów *TaCKX*, przynajmniej niektórych i na określonym poziomie może mieć znaczenie praktyczne poprzez zwiększenie plonu.

Jak często bywa, pomimo osiągnięć pozostają lub powstają nowe pytania. Pierwszym, które narzuciło się podczas lektury publikacji jest to o możliwość zaproponowania na obecnym etapie badań modelu działania badanych i pozostałych genów *TaCKX*, który mógłby być stopniowo uzupełniany w miarę zdobywania nowej wiedzy. Wiąże się z tym kwestia łatwiejszego w odbiorze schematu. Recenzent przyznaje, że miał spore trudności z rozwikłaniem odnośnych tabel w publikacjach. Dalsze pytania dotyczą następujących wątków:

1. Efekt wyciszonej ekspresji *TaCKX1* i *TaCKX2* na cechy plonotwórcze jest zrozumiałe. Jednakże, czy pomimo stwierdzonych korelacji ekspresja tych genów w rozwijających się kłosach może przekładać się na cechy morfometryczne roślin, które kształtują się przed kłoszeniem jako końcową fazą rozwoju, takie jak długość łodyg czy rozwój korzeni, zwłaszcza u siewek? Czy w takim aspekcie nie powinna być badana ekspresja genów *CKX* na innych etapach rozwoju roślin?
2. Oznaczenia wyciszania genów. Dla poszczególnych wyciszanych genów *TaCKX* w odmianie Kontesa przyjęto względne wartości progowe, tj. $\leq 0,6$ i $\geq 0,8$ oznaczające odpowiednio znaczne wyciszenie, „zwykłe” wyciszenie i jego brak. Jednakże ile roślin tej odmiany i o jakim poziomie wyciszenia wybrano do analiz fitohormonów i morfometrycznych? Jak kształtowały się te wartości dla analizowanych genów w przypadku odm. Ostka Smolicka? Z kolei do analiz funkcji *TaCKX1* w odm. Kontesa wybrano 8 roślin o największym wyciszeniu, tj. 0,24 – 0,4 aktywności transkrypcyjnej w porównaniu z

roślinami kontrolnymi. Na jakiej podstawie ustalano ww. wartości progowe dla poszczególnych genów i odmian, *a priori* czy *a posteriori* na podstawie analiz transkrypcji i liczby roślin?

3. Wyciszenie danego genu *TaCKX* powodowało obniżenie poziomu ekspresji (transkrypcji) kolejnych genów CKX, a wzrost ekspresji innych. Tłumaczone jest to kompensacją lub utrzymaniem homeostazy fitohormonalnej. Jednakże współczynniki korelacji pomiędzy ekspresją wyciszanego genu i pozostałych *TaCKX* tylko w pojedynczych przypadkach były znaczące. Najprawdopodobniej ekspresja *TaCKX* zależy też od innych procesów, przede wszystkim syntezy i transportu cytokinin i innych fitohormonów. Badania te wykraczały poza ramy projektów i pracy doktorskiej, ale dobrze byłoby poznać zdanie Doktoranta w tym zakresie, np. odnośnie genów – kandydatów do analiz.
4. Czy efekt zmiany profilu ekspresji genów CKX po transformacji za pomocą *Agrobacterium*, obserwowany dla odmiany Ostka, był widoczny także dla odm. Kontesa? Czy nie jest możliwe, że obserwowane zjawisko wynikało raczej z warunków kultury *in vitro*, które mogą powodować zmienność epigenetyczną, jak też było zależne od genotypu? W przypadku odm. Kontesa nie stwierdzono przecież wpływu kultury *in vitro* na ekspresję/wyciszenie CKX. Na ile można wytłumaczyć zjawisko zmienionego profilu ekspresji *TaCKX* efektem pozycyjnym i/lub liczby kopii T-DNA z kasetą wyciszającą? Czy te aspekty były badane lub planowane są tego typu analizy w kolejnych badaniach?
5. W otrzymanych liniach roślin z wyciszonymi genami *TaCKX* zazwyczaj zmieniona istotnie była masa tysiąca nasion. Czy zmieniona była też zdolność kiełkowania, a następnie kondycja/fizjologia roślin w trakcie rozwoju? Czy badano, przynajmniej wstępnie, rośliny pokolenia T₃?
6. Oprócz wielkości plonu, istotne znaczenie ma jego jakość. Czy badano lub planowane są analizy wartości użytkowej ziarna z roślin z wyciszonymi genami *TaCKX*: składu, parametrów przerobu, wypieku itp.?

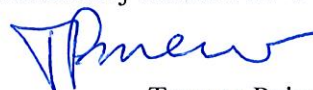
Podobnie jak w przeglądowej części rozprawy nie sposób niestety nie odnieść się do skrótowego i żargonowego języka części wynikowej. Przykładowo już tytuł pierwszego podrozdziału, odnoszącego się do pierwszej publikacji jest nieścisły (str. 27). Wydaje się, że gen *TaCKX1* naturalnie reguluje ekspresję innych genów z tej rodziny, zatem indukowane, sztuczne wyciszenie tego genu jedynie zmienia profil ekspresji. Sformułowanie „zwiększenie zawartości degradowanych przez ten enzym cytokinin” też jest niefortunne, raczej mogłoby brzmieć „zwiększenie zawartości cytokinin wskutek zahamowania ich degradacji” (str. 27). Podobnie daje się zauważyć niekonsekwentne stosowanie skrótów (np. str. 27), zbędne zdania,

jak to, że różne formy zeatyny należą do cytokinin izoprenoidowych (str. 28) lub tzw. skrótów myślowe i niekompletne opisy. Przykładowo, omówiony jest wpływ fitohormonów na długość kłosów w roślinach niewyciszonych (kontrolnych?), ale w odniesieniu do roślin wyciszonych wspomniany jest wpływ ekspresji *TaCKX* (str. 28). Sformułowanie „korelacje pomiędzy MTZ i cytokininami” (str. 31) jest przykładem codziennego „laboratoryjnego” języka, natomiast kilkakrotnie użyte „liczba” lub „masa ziarna” brzmi bardzo technicznie i powinno być zamienione na „liczba/masa ziaren”. Inne lapsusy sprawiają, że podawane informacje są niejasne, np. „w obu grupach roślin wyciszonych i niewyciszonych” (str. 28), „spadkiem produktów glikozylacji” – chyba chodziło ogólnie o glikozylację (str. 33) czy „(...) liczba nasion, MTZ pozostały niezmienione, a nieistotnemu obniżeniu uległy liczba i masa nasion” (str. 33). Podane przykłady nie wyczerpują wszystkich niedociągnięć językowych, nie obejmują też tzw. literówek i pomniejszych uchybień. Powyższe niedociągnięcia obniżają odbiór samej rozprawy, ale być może jest to subiektywne odczucie recenzenta wynikające z przywiązywania wagi do szczegółów.

Podsumowując, wyniki przedstawione w rozprawie mają niewątpliwie wysoką wartość merytoryczną i stanowią znaczny postęp w poznaniu roli genów *CKX* w rozwoju roślin. Istotne jest także potencjalne znaczenie praktyczne uzyskanych wyników, w tym zastosowanie metod biotechnologicznych do zwiększenia plonu pszenicy. Pan Bartosz Jabłoński udowodnił dojrzałość naukową przejawiającą się w planowaniu i przeprowadzeniu wysoce kompleksowych i zróżnicowanych metodologicznie badań, a następnie interpretacji i integracji ich złożonych wyników. Oceniana rozprawa, na którą składają się trzy publikacje naukowe, solidnie dokumentuje warsztat badawczy oraz wyniki Pana Bartosza Jabłońskiego. Jednocześnie wyrażam uznanie dla Doktoranta i promotorów rozprawy oraz całego zespołu badawczego.

Wniosek końcowy

W świetle przedstawionej powyżej, pozytywnej oceny, rozprawa doktorska Pana magistra inż. Bartosza Jabłońskiego 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 IHAR-PIB o dalsze procedowanie przewodu doktorskiego.



Tomasz Pniewski