

Poznań, 13.12.2025

Prof. dr hab. Iwona Morkunas
Katedra Fizjologii Roślin
Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Biotechnologii
Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
ul. Wołyńska 35
60-637 Poznań

**Ocena pracy doktorskiej mgr Magdaleny Korek
pt. „Poznanie szlaków transdukcji sygnału strigolaktonów u jęczmienia”**

Przedstawiona mi do oceny rozprawa doktorska Pani mgr Magdaleny Korek została wykonana pod kierunkiem Pana prof. UŚ dr. hab. Marka Marzec z Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach.

Recenzowana praca dotyczy identyfikacji molekularnych elementów dróg percepcji i transdukcji sygnału indukowanego przez strigolaktyny (SL) u jęczmienia. Celem badań niniejszej dysertacji było poznanie zmian fenotypowych, biochemicznych i transkryptycznych u mutantów jęczmienia niosących mutację w genie kodującym receptor strigolaktonów (*HvD14*) oraz w genie kodującym represor strigolaktonów (*HvD53*) w warunkach kontrolnych, a także stresu suszy. Tematyka badań niniejszej rozprawy doktorskiej jest kontynuacją badań od wielu lat realizowanych pod kierunkiem Pana prof. dr hab. Marka Marzec. Hipoteza robocza badań Pani mgr Magdaleny Korek, zakłada że u mutantów jęczmienia z mutacją w wyżej wspomnianych genach występują zmiany morfologiczne, a zatem zmiany związane ze wzrostem i rozwojem siewek jęczmienia, tj. dotyczące rozkrzewienia pędu i rozwoju systemu korzeniowego, a także zmiany biochemiczno-fizjologiczne dotyczące stężeń fitohormonów, zawartości chlorofilu oraz suchej masy i względnej zawartości wody, w porównaniu do typu dzikiego zarówno w warunkach kontrolnych jak i stresu suszy. Ponadto założono występowanie znaczących różnic pomiędzy zastosowanymi mutantami jęczmienia w tolerancji na suszę. Hipotetyzowano także, że poziom ekspresji wybranych czynników transkrypcyjnych i genów w siewkach jęczmienia znajdujących się pod kontrolą strigolaktonów, będzie regulowany w zależności od stadium rozwojowego i warunków doświadczalnych oraz mogą występować różnice organospecyficzne.

Należy także wspomnieć, że zgodnie z informacją podaną przez Doktorantkę, badania realizowane w ramach dysertacji były finansowane z projektów badawczych NCN, tj. z

projektu BEETHOVEN LIFE 1, nr. 2018/31/F/NZ2/03848, pt. „Poznanie funkcji strigolaktonów w odpowiedzi roślin na stres suszy z wykorzystaniem kolekcji mutantów jęczmienia”, kierowanym przez Pana prof. UŚ dr hab. Marka Marzec w latach 2020-2023 i projektu SONATA BIS 9, nr. 2020/38/E/NZ9/00346 pt. "W poszukiwaniu genotypu jęczmienia przystosowanego do zmian klimatycznych - wielowymiarowa analiza genomyczna funkcji kompleksu CBC w sygnalizacji ABA", kierowanym przez prof. UŚ dr hab. Agatę Daszkowską –Golec w latach 2021-2026.

Przedstawiona do oceny rozprawa doktorska stanowi cykl pięciu monotematycznych publikacji naukowych, w tym trzech eksperymentalnych publikacji, artykułu przeglądowego oraz rozdziału w książce, opublikowanych w międzynarodowych specjalistycznych czasopismach naukowych. Trzy oryginalne publikacje będące przedmiotem dysertacji zostały opublikowane w 2025 roku, w czasopismach takich jak Journal of Applied Genetics (140 pkt. MEiN, $IF_{2024} = 1,9$), Scientific Reports (140 pkt. MEiN, $IF_{2024} = 3,9$) i Plant and Cell Physiology (140 pkt. MEiN, $IF_{2024} = 4,0$). Z kolei praca przeglądowa została opublikowana w BMC Plant Biology (140 pkt. MEiN, $IF_{2024} = 4,8$), a rozdział w książce został opublikowany przez Wydawnictwo Elsevier Academic Press (50 pkt. MEiN). Łączny sumaryczny impact factor tych publikacji wynosi 14,6, a łączna wartość według kryteriów MEiN zgodnie z rokiem opublikowania wynosi 610 punktów (tj. 140 pkt., 140 pkt. i 140 pkt. MEiN oraz 140 pkt. i 50 pkt. MEiN, odpowiednio).

W mojej opinii dorobek publikacyjny Pani mgr Magdaleny Korek stanowiący podstawę dysertacji jest godny docenienia. Należy także jednoznacznie podkreślić i docenić wkład Promotora pracy doktorskiej Pana Prof. Marka Marzec i całego zespołu badawczego, dzięki któremu mogło powstać wyżej wspomniane osiągnięcie naukowe. Dodatkowo istotna była współpraca z zagranicznymi ośrodkami naukowymi w ramach badań obejmujących dysertację.

Publikacje wchodzące w skład recenzowanej rozprawy doktorskiej są pracami dwuautorskimi lub wieloautorskimi. We wszystkich pracach doświadczalnych Pani mgr Magdalena Korek jest pierwszym autorem, a dodatkowo w niektórych z nich pełni funkcję autora korespondującego i zgodnie z oświadczeniami Jej udział w tych publikacjach jest znaczący. Zatem jak podaje Doktorantka, w pracach eksperymentalnych stanowiących podstawę dysertacji, Jej udział polegał na opracowaniu koncepcji badań, szczegółowego planu eksperymentalnego, wykonaniu doświadczeń i analiz laboratoryjnych, przeprowadzeniu analizy wyników z obserwacji fenotypowych i analiz transkryptomu, integracji wyników badań, opracowaniu graficznym i wizualizacji, a także w jakimś stopniu interpretacji wyników, udziału w napisaniu manuskryptów i ich korekcie po recenzjach. W publikacji przeglądowej,

jak podaje Doktorantka, przeprowadziła przegląd i selekcję artykułów naukowych, opracowała i napisała sekcję opisującą szlaki biosyntezy i sygnalizacji strigolaktonów i kwasu abscysynowego oraz zaprojektowała i przygotowała większość schematów, tabel i rycin. Z kolei w przypadku przygotowania rozdziału w książce, Doktorantka opracowała i napisała sekcję dotyczącą sygnalizacji fitohormonów, transdukcji sygnału indukowanego przez strigolaktony i opisała czynniki transkrypcyjne regulowane przez SL.

Współautorzy poszczególnych prac złożyli odpowiednie oświadczenia dotyczące ich wkładu w powstanie każdej z publikacji, z wyjątkiem dwóch współautorów z zagranicznych ośrodków naukowych. Jednak w tym miejscu należy podkreślić, że w każdym z artykułów eksperymentalnych stanowiących podstawę pracy doktorskiej jest rozdział opisujący wkład autorów, który jednoznacznie wskazuje na kreowanie koncepcji pracy doktorskiej przez Promotora Pana Prof. Marka Marzec i znaczący udział Doktorantki w realizacji badań i przygotowaniu manuskryptów. Prace przed opublikowaniem w czasopismach podlegały zarówno ocenie Edytorów i specjalistów Recenzentów otrzymując pozytywne opinie i akceptację do opublikowania. Poza tym prace eksperymentalne wchodzące w skład dysertacji są opublikowane w czasopismach naukowych Open Access, a zatem są powszechnie dostępne.

W mojej opinii istotne jest przygotowanie przez Panią mgr Magdalenę Korek pracy przeglądowej pt. „Strigolactones and abscisic acid interactions affect plant development and response to abiotic stresses” opublikowanej w 2023 roku w czasopiśmie BMC Plant Biology, a także przygotowanie rozdziału w książce pt. „An update on strigolactone signaling in plants. In Strigolactones - Synthesis, Application and Role in Plants”, opublikowanego przez Wydawnictwo Academic Press (Elsevier). Zarówno praca przeglądowa jak i rozdział w książce zostały napisane wspólnie z Promotorem pracy doktorskiej.

Uważam, że jest to profesjonalne podejście na początku realizacji badań dotyczących dysertacji, mające na celu zgłębienie nowopoznanego tematu badawczego, które pozwoliło Doktorantce na poszerzenie wiedzy na temat funkcji fizjologiczno-biochemicznej strigolaktonów u roślin i ich udziału w mechanizmie regulacji procesów wzrostu i rozwoju, interakcji z innymi fitohormonami, a także odpowiedzi roślin na abiotyczne stresy, w tym deficyt wody. Doktorantka w pracy przeglądowej koncentrowała się na pokazaniu wzajemnego oddziaływania kwasu abscysynowego (ABA) i strigolaktonów (SL) jako cząsteczek sygnałowych generowanych w odpowiedzi roślin na różne stresy abiotyczne, zwłaszcza suszę lub zasolenie, a także w warunkach kontrolnych. Interesujące według mnie jest przedstawienie organo-specyficznej dynamiki oddziaływań SL i ABA, gdzie Doktorantka hipotetyzuje, że spadek biosyntezy SL w korzeniach w warunkach niedoboru wody może być niezbędny do

wzmocnienia biosyntezy ABA jako cząsteczki sygnałowej pełniącej ważną funkcję obronną, transportowanej z korzeni do pędu. Rozważania w niniejszej pracy przeglądowej na temat zahamowanego przepływu SL w kierunku pędu w warunkach niedoboru wody i hipotetyzowanie o biosyntezie SL w pędach za pomocą nieznanego mechanizmu zwracają moją uwagę. Dodatkowo ciekawe jest podniesienie kwestii, że wzmożona regulacja genów biosyntezy SL w organach nadziemnych różnych gatunków roślin w warunkach stresowych może sugerować, że SL odgrywają aktywną rolę w podnoszeniu mechanizmów obronnych i zwiększaniu przeżywalności roślin. Jednak jak konkludują Autorzy nadal pozostaje wiele pytań otwartych, czy SL mogą wyzwać biosyntezę ABA w odpowiedzi na suszę i czy oddziaływanie SL-ABA jest związana jedynie z poziomem percepcji.

Mam komentarz dotyczący abstraktu:

- w tekście abstraktu Doktorantka pisze o stresie osmotycznym, cytuję „However, recent studies provided new insights into the functioning of SL, confirming their participation in regulating the plant response to various types of abiotic stresses, including water deficit, soil salinity and osmotic stress.” Należy mieć na względzie, że zasolenie gleby, to także stres osmotyczny, ponieważ obniża potencjał chemiczny wody w glebie utrudniając jej pobieranie, a sam roztwór glebowy oddziałuje hipertonicznie.

Niezależnie od powyższego uważam, że rozdział w książce, którego Doktorantka Magdalena Korek jest współautorem wnosi ciekawe informacje dotyczące percepcji strigolaktyn przez receptor DWARF 14 oraz indukcji i transdukcji sygnału wyzwolonego przez strigolaktyny w komórkach roślinnych. Ważnym w tym rozdziale było także zwrócenie uwagi na poznane dotychczas czynniki transkrypcyjne, które regulują odpowiedź rośliny na strigolaktyny.

Z kolei w publikacjach eksperymentalnych, które stanowią podstawę i są najistotniejsze z punktu oceny dysertacji, Doktorantka prezentuje wyniki badań dotyczące analiz fenotypowych odmiany wyjściowej jęczmienia ‘Sebastian’ stanowiącej genotyp kontrolny oraz mutantów wyprowadzonych metodą mutagenyzy chemicznej, stosując azydek sodu oraz N-metylonitrozomocznik i strategią TILLING, które niosły mutacje w genach *DWARF14* (G725A, Gly193Glu) i *DWARF53A* (T4001C, Ser664Pro), kodujących odpowiednio receptor i represor szlaku sygnalizacji SL. Należy podkreślić, że ważnym osiągnięciem prowadzonych badań w ramach ocenianej dysertacji i zarazem projektu, który Doktorantka realizowała wraz z Promotorem było wyprowadzenie mutantu *hvd53a.f*, posiadającego recesywną mutację (T4001C, Ser664Pro) w trzecim eksonie genu *HvD53A* kodującym represor SL, co z pewnością wymagało dużego wkładu pracy.

W ramach badań przedstawionych w pierwszej publikacji pt. „Strigolactone insensitivity affects differential shoot and root transcriptome in barley” opublikowanej w Journal of Applied Genetics, Doktorantka wykonała analizę transkryptomiczną z wykorzystaniem niewrażliwego na SL mutantu jęczmienia *hvd14.d*, niosącego mutację w receptorze SL DWARF14, HvD14 i dla rośliny typu dzikiego (WT) jako kontroli, aby wyjaśnić różnice w ekspresji genów w organach siewek jęczmienia. Wyniki analiz dowodzą, że wyselekcjonowano ponad sześć tysięcy genów zależnych od SL, które były wyłączne dla każdego badanego organu, tj. korzeni i pędów lub nie były organowo- specyficzne. Ważnym osiągnięciem tej pracy było wykazanie, że czynniki transkrypcyjne (TF) miały zróżnicowaną ekspresję między analizowanymi genotypami jęczmienia. Rośliny jęczmienia do tych analiz Doktorantka prowadziła w warunkach hydroponicznych na pożywce Hoaglanda przez okres 21 dni, gdzie następnie określiła zmiany fenotypowe ,takie jak całkowitą długość korzeni, długość korzeni bocznych i ich gęstość. Z kolei do analiz RT-qPCR, zastosowała dwutygodniowe siewki jęczmienia pertraktowane 1 lub 10 μ M syntetycznym analogiem SL, tj. GR24 GR24 5DS.

Mam pytania dotyczące zastosowanego materiału:

1. Dlaczego do analiz RT-qPCR zastosowano dwutygodniowe siewki jęczmienia prowadzone w ziemi w doniczkach, a do sekwencjonowania RNA siewki były prowadzone na pożywce Hoaglanda? Dlaczego nie napowietrzano pożywki, tylko zmieniano pożywkę co tydzień?
2. Dlaczego kontrolne rośliny były spryskiwane 0.01 % acetonem, a nie wodą?
3. W rozdziale Materiał i Metody nie ma rozdziału opisującego opracowania statystycznego wyników badań, natomiast są tylko pojedyncze zdania przy opisie wyników i w tekście?
4. Dlaczego Doktorantka nazywa 21 dniowe rośliny jęczmienia siewkami, w mojej opinii to jest już faza rozwoju wegetatywnego, ponieważ wykazują rozkrzewianie pędów i rozwój korzeni bocznych

Podsumowując, osiągnięciem tej części badań przedstawionych w wyżej wspomnianej oryginalnej publikacji było pokazanie przez Doktorantkę różnic fenotypowych pomiędzy 3 tygodniowymi roślinami jęczmienia odmiany Sebastian jako kontroli i mutantem *hvd14.d* niewrażliwym na SL zawierającym mutację w receptorze SL DWARF14. Wyniki otrzymane przez Doktorantkę pokazały znacząco większą liczbę rozgałęzień pędu u mutantu *hvd14.d* w stosunku do rośliny typu dzikiego oraz większe zagęszczenie korzeni bocznych. Porównanie transkryptomu pędu mutantu *hvd14.d* z pędem rośliny rodzicielskiej Sebastian jako kontroli ujawniło zróżnicowanie ekspresji aż 1278 genów, podczas gdy porównanie transkryptomu korzenia mutantu *hvd14.d* ujawniło zróżnicowanie aż 5424 genów, gdzie generalnie wyróżniono trzy zestawy genów, tj. wspólne geny związane z SL w pędach i korzeniach między

genotypami, geny specyficzne związane z SL w pędach i geny specyficzne związane z SL dla korzeni. Otrzymane wyniki badań wraz z analizami *in silico* ujawniły, że spośród czynników transkrypcyjnych zależnych od SL, największe zróżnicowanie ekspresji wykazuje gen *HORVU.MOREX.r2.6HG0458250* kodujący akwaporynę błony plazmatycznej (z ang. plasma membrane intrinsic protein 2-5, PIP2-5), który odgrywa istotną rolę w gospodarce wodnej. Ponadto Doktorantka odnotowała znaczący wzrost ekspresji tego genu w roślinie rodzicielskiej Sebastian po godzinie od momentu pertraktowania syntetycznym analogiem SL GR24.

Uważam, że powyższe wyniki badań są interesujące i wartościowe, dające podstawę do dalszych badań.

Z kolei w publikacji opublikowanej w Scientific Reports Doktorantka zaprezentowała wyniki badań dotyczące mutanta, który został uzyskany metodą mutagenazy chemicznej po dwukrotnym traktowaniu rośliny rodzicielskiej Sebastian azydkiem sodu (NaN_3) i N-metylo-N-nitrozo-mocznikiem. Ważnymi osiągnięciami całego zespołu, w tym Doktorantki były wyniki otrzymane dla 2 tygodniowych i 4 tygodniowych roślin jęczmienia z mutacją w genie *HvDWARF14* (*HvD14*), który koduje receptor specyficzny dla SL. Po pierwsze w tej pracy Doktorantka pokazała, że mutacja w genie *HvD14* kodującym białko receptorowe dla SL przyczynia się do półkarłowego wzrostu i zwiększonej liczby pędów w porównaniu z rośliną rodzicielską. Po drugie dowiodła, że regulacja rozgałęziania pędu jest zależna od koncentracji fitohormonów, tj. auksyn, cytokinin i kwasu abscysynowego, które wpływają na zmiany transkryptyczne i proteomiczne. Wykonana przez zespół analiza fitohormonów w pędzie ujawniła statystycznie istotny wzrost zawartości cytokininy i zmniejszenie zawartości auksyny i kwasu abscysynowego w krzaczastym mutancie *hvd14* w porównaniu z kontrolą. Ponadto mutacja w *HvD14* spowodowała zróżnicowaną ekspresję całej puli genów (DEG) i białek (DAP), co pozwoliło autorom tej publikacji, w tym także Doktorantce zidentyfikować czynniki transkrypcyjne (TF), które mogą być zaangażowane w transdukcję sygnału zależnego od SL. Na podstawie analiz bioinformatycznych zidentyfikowano cały szereg TF potencjalnie zależnych od SL, które mogą kontrolować różnice obserwowane w transkryptomie i proteomie mutanta *hvd14*. Proponowane TF związane z SL zostały wskazane jako oddziałujące z białkami sygnałowymi SL, a także z białkami zaangażowanymi głównie w transport auksyn lub sygnalizację kwasu abscysynowego, co podkreśla złożoną interakcję między tymi szlakami hormonalnymi w regulacji wzrostu i rozwoju roślin. Na szczególną uwagę zasługują wyniki otrzymane przez Doktorantkę dla 4 tygodniowych roślin mutanta *hvd14* pokazujących znaczące różnice. Otrzymane wyniki badań pokazują duży wkład pracy wykonany przez Doktorantkę, a

także konieczność poznania nowych metod badawczych, na przykład oznaczanie profilu i zawartości fitohormonów.

Mam komentarz dotyczący opisu oznaczania fitohormonów. Uważam, że ekstrakcja fitohormonów z pędów jęczmienia jak i ich pomiar powinny być dokładnie opisane w artykule, ponieważ Doktorantka powołuje się na publikacje innych autorów, a sama nie jest współautorem zacytowanej publikacji, ani współautorką artykułu. Ponadto mam pytanie dlaczego mając finansowanie z projektu nie użyto wewnętrznych standardów deuterowanych do pomiarów fitohormonów, które czynią tę analizę bardziej precyzyjną i stabilną? Gdzie Doktorantka wykonała analizy fitohormonów?

Z kolei wyniki zaprezentowane przez Doktorantkę w trzecim eksperymentalnym artykule opublikowanym w *Plant and Cell Physiology* pt. „The cost of survival: mutation in a barley strigolactone repressor HvD53A impairs photosynthesis but increases drought tolerance” pokazują wpływ mutacji w represorze SL HvDWARF53A na wzrost roślin i tolerancję na suszę. Wartościowymi wynikami w tej pracy jest porównanie odpowiedzi dwóch mutantów jęczmienia, tj. *hvd14.d*, mutantu jęczmienia wcześniej badanego przez Doktorantkę, który jest silnie krzewiący i wrażliwy na suszę, niosący mutację w genie receptora SL HvDWARF14 i mutantu *hvd53a.f* wykazującego zwiększoną tolerancję na suszę z rośliną rodzicielską (WT). Należy podkreślić, że osiągnięciem tych badań było udowodnienie, że mutanty, *hvd14.d* i *hvd53a.f* wykazywały kontrastujące fenotypy, tj. różnice w wysokości roślin, krzewieniu i wrażliwości na suszę. Porównanie wzrostu tych mutantów i wzrostu rośliny rodzicielskiej Sebastian, a także zawartości chlorofilu w liściach, suchej masy i względnej zawartości wody (RWC) jest bardzo obrazowym wynikiem. Mutant *hvd53a.f* wykazywał w warunkach suszy wyższą zawartość suchej masy i RWC niż mutant *hvd14.d*, ale zastanawiające jest dlaczego zawartość chlorofilu u mutantu *hvd53a.f* w warunkach suszy była niższa niż u mutantu *hvd14.d*, skoro wykazywał wyższą suchą masę niż *hvd14.d*. Proszę o komentarz do tego wyniku badań (rycina 5). Ciekawym byłoby w tych badaniach porównanie intensywności fotosyntezy wszystkich badanych mutantów i rośliny rodzicielskiej, tak jak przedstawiono to dla zmian fenotypowych, zawartości chlorofilu i RWC, a także pożądanym byłoby wykazać zmiany w ultrastrukturze chloroplastów dla wyżej wspomnianego materiału, a nie tylko dla mutantu *hvd53a.f*, wówczas to porównanie pozwoliłoby na całościowe spojrzenie i konkluzje.

Należy wspomnieć, że ciekawe są także wyniki z analiz transkryptomicznych, które ujawniły silny związek między szlakiem sygnałowym SL a elementami zegara dobowego, gdzie *CIRCADIAN CLOCK ASSOCIATED 1* okazał się potencjalnym czynnikiem transkrypcyjnym (TF) reagującym na SL, prawdopodobnie odgrywającym kluczową rolę w regulacji krzewienia.

Niezależnie od powyższego zidentyfikowano także czynnik transkrypcyjny *JUNGBRUNNEN 1* jako potencjalny regulator genów zaangażowanych w reakcje na niedobór wody i procesy antyoksydacyjne. Wspomniane przeze mnie powyższe wyniki są godne docenienia.

Prace doświadczalne wchodzące w skład dysertacji pokazują, że Doktorantka opanowała całe spektrum metod badawczych, tj. metodę prowadzenia kultur hydroponicznych roślin, metody aplikacji syntetycznym analogiem SL, izolacji DNA i RNA, wykonanie reakcji RT-qPCR, przygotowanie próbek do RNA-Seq, zapoznała się ze strategią TILLING tzw. odwrotnej genetyki, analizą ontologiczną, metodami elektroforetycznymi, ekstrakcją fitohormonów i ich oznaczeniem, barwieniami histochemicznymi, oznaczaniem chlorofilu, aktywności fotosyntetycznej i przygotowaniem materiału do analiz ultrastrukturalnych i innymi metodami. Chciałabym zaznaczyć, że całość wyników prezentowanych w publikacjach eksperymentalnych jest solidnie opracowana i wyniki badań są dobrze opracowane graficznie.

We wnioskach końcowych wysoko oceniam osiągnięcie naukowe stanowiące podstawę pracy doktorskiej Doktorantki mgr Magdaleny Korek. Ponadto należy podkreślić, że Doktorantka pracowała w zespole specjalistów z zakresu biologii molekularnej roślin realizując projekty finansowane przez NCN. W moim przekonaniu, Doktorantka będąc włączona w realizację projektów naukowych, osiągnęła doświadczenie w pracy eksperymentalnej. Stopień skomplikowania badań wymagał z pewnością od Pani mgr Magdaleny Korek determinacji, wielkiego nakładu pracy i wytrwałości, nawet przy wsparciu Promotora pracy doktorskiej i całego zespołu badawczego.

Uważam, że osiągnięcia naukowe prezentowane we wszystkich trzech oryginalnych publikacjach stanowiące rozprawę doktorską mgr Magdaleny Korek wnoszą znaczący wkład w rozwój dyscypliny nauki biologiczne w zakresie poznania szlaków transdukcji sygnału strigolaktonów u jęczmienia. Stwierdzam, że przedstawiona przez Panią mgr Magdalenę Korek rozprawa doktorska pt. „Poznanie szlaków transdukcji sygnału strigolaktonów u jęczmienia” spełnia warunki określone w art. 187 i 190 Ustawy Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce z dnia 20 lipca 2018 r. (Dz. U. z 2024 r. poz. 1571). W związku z powyższym zwracam się do Rady Naukowej Instytutu Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach o dopuszczenie mgr Karoliny Korek do dalszych etapów postępowania o nadanie stopnia doktora. Ponadto ze względu na znaczące osiągnięcia naukowe prezentowane i udokumentowane w publikacjach wnosząc o wyróżnienie rozprawy doktorskiej.

Iwona Morkunas

prof. dr hab. Iwona Morkunas