

Katowice; 20.10.2022

prof. dr hab. Robert Hasterok
Zespół Cytogenetyki i Biologii Molekularnej Roślin
Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska
Wydział Nauk Przyrodniczych
Uniwersytet Śląski w Katowicach
Jagiellońska 28, 40-032 Katowice

Tel: 32 2009 571

Kom: 505 114 613

E-mail: robert.hasterok@us.edu.pl

WWW: <http://www.wbios.us.edu.pl/hasterok>

NCN: <https://ncn.gov.pl/o-ncn/rada-ncn/struktura-rady/robert-hasterok>

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6667-2721>

RG: https://www.researchgate.net/profile/Robert_Hasterok

FB: <https://www.facebook.com/ZCBMR.IBBOS.WNP.US>

RECENZJA

pracy doktorskiej mgr. MIKOŁAJA KAŻMIERCZAKA

pt.: **Eliminacja genomów w komórkach gametogenicznych u hybrydogenetycznych mieszańców żab wodnych (*Pelophylax esculentus* complex)**

wykonanej w Zakładzie Biologii Ewolucyjnej i Ochrony Kręgowców
na Wydziale Nauk Biologicznych Uniwersytetu Wrocławskiego
pod kierunkiem prof. dr hab. Marii Ogielskiej i dr Magdaleny Chmielewskiej

Wprowadzenie

Hybrydyzacja międzygatunkowa czy nawet międzyrodzajowa są zjawiskami dość powszechnie spotykanymi w naturze, szczególnie w świecie roślin. Choć mieszańce nierzadko są nieżywotne, w przypadkach gdy tak się nie dzieje krzyżowanie jest istotnym mechanizmem promującym szybką ścieżkę specjacji. Ponieważ obecność pojedynczych kopii różnych genomów rodzicielskich w jądrach komórkowych mieszańca co do zasady powoduje poważne zaburzenia przebiegu mejozy, kluczową strategią jest zapewnienie zdolności rozmnażania płciowego. Nieco upraszczając możliwe scenariusze, u roślin zwykle dzieje się tak za sprawą allopoliploidyzacji. Skutkuje to podwojeniem liczby poszczególnych genomów pochodzących od gatunków rodzicielskich, co przywraca możliwość parowania pomiędzy chromosomami homologicznymi. Istotną konsekwencją jest permanentne zwiększenie poziomu ploidalności w skali całego organizmu. Jeszcze bardziej skomplikowane jest zjawisko hybrydogenezy, w trakcie którego u mieszańców dochodzi do selektywnej transmisji genomu pochodzącego od jednego z gatunków rodzicielskich, a drugi genom ulega eliminacji. Ta występująca u niektórych ryb, płazów i owadów nietypowa forma reprodukcji może być rozpatrywana jako swego rodzaju pasożytnictwo seksualne, dzięki któremu niektóre

genomy zyskują zwiększoną transmisję kosztem wykorzystania wysiłku reprodukcyjnego innego gatunku. Hybrydogeneza jest więc zjawiskiem ciekawym na gruncie ewolucyjnym oraz ekologicznym, którego szereg szczegółów jest stosunkowo słabo poznanych na poziomie cytogenetycznym, a także ontogenetycznym – szczególnie u przechodzących metamorfozę żab. Dlatego z uznaniem odnoszę się do wyboru ciekawej i ambitnej tematyki pracy przez Doktoranta, która logicznie wkomponowuje się w szerszy nurt badań gametogenezy u płazów, od lat prowadzonych w Zakładzie Biologii Ewolucyjnej i Ochrony Kręgowców Wydziału Nauk Biologicznych Uniwersytetu Wrocławskiego pod kierunkiem prof. dr hab. Marii Ogielskiej.

Obiektem analiz Doktoranta były trzy gatunki żab należące do kompleksu *Pelophylax esculentus* (żaby zielone) – mieszańcowy *P. esculentus* (żaba wodna, cytotyp diploidalny – $2n=26$, genomy RL, cytotypy triploidalne – $2n=39$, genomy RRL, RLL) oraz jego diploidalne gatunki rodzicielskie: *P. ridibundus* (żaba śmieszka, $2n=26$, genomy RR) i *P. lessonae* (żaba jeziorkowa, $2n=26$, genomy LL). W swej pracy doktorskiej, w oparciu o dane literaturowe mgr Kaźmierczak przyjął założenia odnośnie momentu cyklu życiowego, w jakim u gatunku *P. esculentus* zachodzą procesy eliminacji i endoreplikacji genomów, a także jaką rolę w pierwszym z wymienionych procesów pełnią mikrojądra. Dodatkowo Doktorant przedstawił hipotezy badawcze odnośnie kompozycji genomowej pierwotnych komórek płciowych, gonocytów oraz komórek macierzystych plemników na określonych stadiach ontogenezy. Celów pracy zostało jasno postawione i dotyczyły: (i) analizy kompozycji genomowej komórek linii płciowej na poszczególnych etapach spermatogenezy i oogenezy; (ii) określenia, ilokrotnie i w jaki sposób zachodzi w ontogenezie eliminacja i endoreplikacja genomów; (iii) zbadania, czy zachodząca w obrębie gonady określonego osobnika hybrydogeneza ma charakter jednorodny i zsynchronizowany; (iv) analizy przestrzennego rozmieszczenia genomów gatunków rodzicielskich w gonocytach w trakcie interfazy; (v) zbadania dokładności i wydajności mechanizmów cytogenetycznych zawiadujących hybrydogenezą; (vi) określenia, ile typów gamet mogą wytwarzać poszczególne osobniki mieszańców, (vii) analizy płodności cytotypów diploidalnych i triploidalnych samców *P. esculentus* na drodze krzyżowań wstecznych oraz z wykorzystaniem technik z zakresu cytogenetyki molekularnej.

Formalna i merytoryczna ocena rozprawy

Przedłożona do oceny obszerna, licząca 162 strony dysertacja doktorska została napisana zgodnie z ogólnymi wymogami przyjętymi dla tego typu prac, a jej treść odpowiada tytułowi. Rozprawa złożona jest z następujących głównych części (rozdziałów): ‘Wykaz figur, tabel, rycin i wykresów’, ‘Streszczenie’ (w języku polskim i angielskim), ‘Wstęp’, ‘Założenia i hipotezy badawcze’, ‘Cele pracy’, ‘Materiały i metody’, ‘Wyniki’, ‘Dyskusja’, ‘Podsumowanie i wnioski’, ‘Aneks’ w którym zamieszczono większość tabel oraz ‘Bibliografia’. W jej skład wchodzi także liczne, różnorodne dodatkowe elementy w postaci 32 tablic z fotomikrografiami (nazywanymi przez Autora „figurami”), 22 numerowanych tabel (oraz kilkunastu dodatkowych nienumerowanych tabel, zamieszczonych na początku ‘Aneksu’), czterech rycin i ośmiu wykresów. Pytania i uwagi do Doktoranta w związku z ocenianą dysertacją, co do których oczekiwałbym ustosunkowania się w trakcie publicznej obrony rozprawy doktorskiej, **zostały w niniejszej recenzji wytłuszczone.**

Obydwie wersje językowe ‘Streszczenia’ właściwie oddają zawartość pracy. Wprowadzeniem do tematyki pracy jest liczący 11 stron ‘Wstęp’, w którym Doktorant, z uwzględnieniem adekwatnej literatury fachowej, wprowadza czytelnika w zagadnienia teoretyczne, które wiążą się z tematem rozprawy. Rozpoczyna od naświetlenia hybrydogenezy wraz z odniesieniami do grup zwierząt,

u których zjawisko to występuje. Następnie Autor skupia się na przykładach eliminacji genomu u różnych grup organizmów. Biorąc pod uwagę skąpość opisu i przytoczonych przykładów tego zjawiska w odniesieniu do roślin ma się wrażenie, że nazwę tego podrozdziału ('Przykłady eliminacji genomu u roślin i zwierząt') można było sformułować nieco inaczej. 'Wstęp' zamyka krótka charakterystyka procesu gametogenezy u żab zielonych ze szczególnym uwzględnieniem spermatogenezy. Z analizy tej części pracy jasno wynika, że Doktorant posiada dużą wiedzę w tematyce, której dotyczy dysertacja, a tak skomponowany 'Wstęp', pomimo dość syntetycznego charakteru, jest ciekawym i dobrze się czytającym wprowadzeniem do krótkich rozdziałów, definiujących odpowiednio założenia i hipotezy badawcze oraz cele pracy.

W kolejnym rozdziale, 'Materiały i metody', Autor scharakteryzował wykorzystywany przez siebie materiał badawczy, obejmujący, w zależności od gatunku i płci, kijanki/osobniki juwenilne/osobniki dorosłe - odłowione w terenie lub uzyskane w efekcie wykonanych kontrolowanych krzyżowań *in vitro*. Ta część pracy obejmuje m. in. opis metodyki krzyżowań, ocenę wieku osobników młodocianych i dorosłych oraz ocenę przynależności gatunkowej. Następnie opisane zostały zastosowane w pracy analizy cytogenetyczne, obejmujące preparatykę chromosomową, barwienie różnicujące chromosomów z wykorzystaniem aktynomycyny D i fluorochromu DAPI, ciąg procedur związanych z wykonaniem sond do fluorescencyjnej hybrydyzacji *in situ* (FISH), a następnie samą procedurę FISH. Mam kilka drobnych uwag „okołomerytorycznych” do tej części pracy:

- Strona 33-36 – nie są mi znane „kuchenne” szczegóły procedur laboratoryjnych Doktoranta ale kolejność podrozdziałów opisujących przygotowanie sond, wstępną obróbkę preparatów oraz samą metodę FISH mogłaby być nieco bardziej uporządkowana.
- Strona 33 – DAPI nie wiąże się z odcinkami DNA bogatymi w pary A-T w sposób selektywny, tylko preferencyjny. Przekaz metodyczny płynący ze zdania poświęconego pozostawieniu preparatów pod dygestorium w celu ich wysuszenia i jednoczesnego zabezpieczenia przed zakurzeniem jest nieco niejednoznaczny. Tego typu czynność z pewnością nie powinna być wykonywana przy włączonym dygestorium (co, jak zakładam, jednak nie miało miejsca).
- Strony 35 i 111 – Autor definiuje genomową hybrydyzację *in situ* (GISH) z symultanicznym zastosowaniem dwóch sond całogenomowych, jako genomową hybrydyzację porównawczą (CGH). **Chciałem zapytać Doktoranta, czy w takim kontekście eksperymentalnym odwołanie się do CGH na pewno jest uprawnione?**
- Strona 36 – procedura płukań pohybrydyzacyjnych jest opisana raczej powierzchownie – brakuje odwołania się do konkretnych wartości procentowych 'siły płukań' (*stringency*). To samo odnosi się również do powiązania składu mieszaniny hybrydyzacyjnej i warunków termicznych fazy renaturacji DNA sond z DNA substratu (preparatu). **Dlatego proszę Doktoranta, by w trakcie publicznej obrony rozprawy pokrótce odniósł się do tego, jakie czynniki i w jaki sposób warunkują kinetykę renaturacji DNA oraz płukań pohybrydyzacyjnych. Czy zdaniem Doktoranta manipulowanie kinetyką ww. etapów procedury mogło być wykorzystane przykładowo jako ewentualne uzupełnienie (a może alternatywa?) dla przedstawionych na str. 37-53 protokołów testowych, polegających na eksperymentowaniu z koncentracjami sond i czynników ograniczających (niewyznakowany gDNA drugiego genomu, sonifikowany DNA ze spermy łososia) hybrydyzację krzyżową sond całogenomowych?**

Pan mgr Mikołaj Kaźmierczak zrealizował postawiony sobie ogólny cel badawczy, dokonując szczegółowej analizy na poziomie cytogenetycznym losów genomów R i L u *P. esculentus* w trakcie prespermatogenezy, preoogenezy i w trakcie aktywnej spermatogenezy. Eksperymentalna część pracy została zaplanowana w sposób bardzo przemyślany i przekonująco demonstrowa możliwości analiz wykonanych z wykorzystaniem technik cytomolekularnych *in situ* – nawet w sytuacji ograniczonego wyboru sond molekularnych (efektywnie tylko jedna sonda całogenomowa – wizualizująca pozytywnie genom R oraz sonda pericentromerowa RrS1 - umożliwiająca przyzwoitą detekcję większości chromosomów genomu R, także w spermatydach i plemnikach, co pozwala na zadawalający wgląd w liczbę kopii tego genomu w trakcie interfazy/komórkach dzielących się oraz w kompozycję mikrojąder). Na uznanie zasługuje biegłość w opanowaniu preparatyki cytogenetycznej oraz technik hybrydacyjnych w odniesieniu do różnych rodzajów komórek - dzielących się mitotycznie, mejotycznie oraz będących w trakcie interfazy, zarówno linii somatycznej, jak i płciowej. Nie jest to zadaniem trywialnym od strony metodycznej, szczególnie w odniesieniu do materiału pozyskiwanego z niezróżnicowanych gonad najmłodszych kijanek. Wyniki badań zostały przedstawione w sposób wyczerpujący i udokumentowane za pomocą licznych tablic z fotomikrografiami, wykresów, tabel i schematów. Wykonane przez Doktoranta szczegółowe analizy dostarczają kompleksowych informacji odnośnie przebiegu i dynamiki procesu hybrydogenezy u mieszańców *P. esculentus*, nie tylko potwierdzając różne wcześniejsze założenia i hipotezy ale też dostarczając szeregu nowych informacji. Dotyczy to chociażby tego, że gonocyty w obrębie jednej gonady mogą podlegać różnym scenariuszom przebiegu hybrydogenezy, niezależności procesów eliminacji i endoreplikacji genomów, ich sekwencji w hybrydogenezie oraz faktu że w przeciwieństwie do eliminacji, endoreplikacja wydaje się być etapem niezbędnym dla powstania żywotnych gamet. Cenną informacją jest także oszacowanie (nie)efektywności hybrydogenezy u badanego mieszańca. Nie mam istotnych uwag merytorycznych do tej części rozprawy, a stosunkowo nieliczne uwagi redakcyjne zamieszczone zostały w dalszej części recenzji. Z uznaniem odnoszę się do współautorstwa Doktoranta w trzech pracach oryginalnych poświęconych różnym aspektom hybrydogenezy u *P. esculentus*, które ukazały się w liczących się czasopismach o zasięgu międzynarodowym. Zakładam, że nie kończy to działań związanych z upowszechnianiem wyników badań będących efektem realizacji niniejszej pracy doktorskiej.

Rozdział 'Dyskusja' został podzielony na kilka części. W pierwszej, mgr Kaźmierczak omawia otrzymane wyniki badań w kontekście ich interpretacji oraz oryginalności najważniejszych osiągnięć. Pokażny początkowy fragment kolejnej części, zatytułowanej 'Hybrydyzacja *in situ*', w istocie nawiązuje do różnych innych technik pozwalających na rozróżnienie genomów R i L w kompleksie *P. esculentus*. Dalsze akapity, choć skupiają się na różnych i czasem nieco rozproszonych wątkach, są już w zgodzie z tematyką tej części 'Dyskusji'. Po krótkim nawiązaniu do tematyki segregacji przestrzennej genomów w interfazie i ewentualnego znaczenia tego stanu rzeczy dla procesu eliminacji, dalsze części tego rozdziału są w racjonalny sposób poświęcone określonym zdarzeniom cytogenetycznym, związanym z hybrydogenezą, a więc eliminacji i endoreplikacji, mikrojądrom będącym cytologiczną manifestacją eliminowanych chromosomów i aneuploidii. Ostatnia część 'Dyskusji' poświęcona jest rozważaniom na temat płodności samców *P. esculentus* w kontekście płodności samców gatunków rodzicielskich oraz statusu i różnorodności genomowej plemników produkowanych przez samce należące do cytotypu diploidalnego oraz triploidalnych. W nawiązaniu do zdania „*W rozwiązaniu tego problemu pomogłoby przyżyciowe obrazowanie...*” (str. 119)

chciałbym zapytać Doktoranta, czy znane mu są podejścia badawcze umożliwiające przyżyciowe obrazowanie przynajmniej niektórych sekwencji DNA?

Wnioski płynące z prowadzonych badań pojawiają się w dwóch miejscach rozprawy – na zakończenie rozdziału ‘Wyniki’ (‘Ogólne wnioski’ - str. 104-106) oraz jako oddzielna część pracy (‘Podsumowanie i wnioski’ - str. 123-125). Nie jest to typowe pod względem redakcyjnym rozwiązanie ale biorąc pod uwagę niezwykle obszerny i analityczny rozdział ‘Wyniki’ – jego zastosowanie ma rację bytu. Niezależnie od tego, niektóre informacje zawarte w części ‘Podsumowanie i wnioski’ niekoniecznie powinny się tam znaleźć, gdyż mają charakter techniczno-statystyczny (np. p. 2) lub są rekapitulacją przyjętej strategii badań (np. p. 3). Mniejsza liczba zwięzłej sformułowanych i nieco lepiej uporządkowanych wniosków zwiększyłaby czytelność i siłę przekazu tej części rozprawy.

Wykaz literatury obejmuje prawie 180 pozycji, praktycznie wyłącznie anglojęzycznych. Są to zarówno prace nowe, jak i klasyczne. Dobór piśmiennictwa świadczy o tym, że Autor bardzo dobrze orientuje się w zakresie problematyki badawczej będącej przedmiotem niniejszej rozprawy.

Redakcyjna ocena rozprawy

Rozprawa jest starannie przygotowana pod względem redakcyjnym. Ogólna uwaga redakcyjna dotyczy obszerności i szczegółowości rozdziału ‘Wyniki’. Zapewne w dużym stopniu jest to podyktowane rozmachem wykonanych prac eksperymentalnych, tym niemniej analizując tą część pracy chwilami miałem poczucie pewnej nadmiarowości przekazu. Zadania nie ułatwia fakt, że przykładowo do ośmiu wykresów znajdujących się w tej części rozprawy brakuje odwołań z poziomu tekstu głównego. Poniżej wypunktowane zostały (zwykle w porządku chronologicznym, a nie pod względem istotności) niektóre drobne niedociągnięcia natury redakcyjnej. Pełna lista uwag może w razie potrzeby zostać udostępniona Autorowi.

- Strona 13 (‘Wstęp’) – treść zdania „*Mieszkańcy muszą wykształcić mechanizmy...*” jest niejasna. Problemem nie jest „*brak homologii między chromosomami homologicznymi*” ale fizyczny brak takich chromosomów (w genotypie mieszańca występują chromosomy niehomologiczne/heterologiczne). Nie wydaje się też zasadne nawiązywanie do chromosomów homeologicznych, bo u wielu organizmów ich obecność akurat prowadzi do zaburzeń w przebiegu mejozy, stąd konieczność wykształcenia mechanizmów supresji parowania takich chromosomów (np. locus Ph1 u allopoliploidalnych pszenic).
- Strona 30 (‘Materiały i Metody’), także inne miejsca rozprawy – mam wątpliwości, co do prawidłowości stosowania terminów „*haploidalny genom R*”, „*diploidalny genom RL*”, „*diploidalny genom RR*” (np. str. 76). W myśl większości definicji genom to haploidalny zestaw chromosomów, co oznacza że RR to dwie kopie genomu R, RL to dwa różne genomy, z których każdy występuje w pojedynczej kopii, itd.
- Strona 39 (‘Materiały i Metody’) – legenda Fig. 1, także w innych miejscach rozprawy – sonda całogenomowa L nie była znakowana tylko wykrywana za pomocą przeciwciała (antydigoksygeniny) skoniugowanego z odpowiednim fluorochromem. Znakowanie DNA wykonano przy pomocy wbudowania zmodyfikowanego nukelotydu (digoksygenina-11-dUTP). Znakowanie DNA i detekcja, to dwie zupełnie różne w sensie czasowym i czynnościowym procedury.

- Strona 39 ('Materiały i Metody') – na fotomikrografii w Fig. 2B brak informacji, że zastosowano kombinację sond R+RrS1. Wbrew informacji zawartej w legendzie tej ryciny, nie wszystkie sygnały hybrydyzacji sondy RrS1 są wyraźnie widoczne.
- Strona 48 ('Materiały i Metody') – wbrew informacji zawartej w ostatnim zdaniu na str. 47, sygnały DAPI⁺ w centromerach chromosomów przedstawionych na fotomikrografii 9A są praktycznie niewidoczne.
- Pozostałe drobne nieścisłości: str. 77 – samiec RLL 2/3n/15/Z5 a nie „Żwir5”, str. 78 (opis Tab. 6) – krzyżówka 2A a nie 1A. Brak wyjaśnienia, np. w stopce pod tą tabelą, co w przypadku niektórych genotypów oznacza^k. Nie jest też jasne, dlaczego niektóre genotypy są zapisane przy pomocy kursywy, a inne nie.
- W legendach niektórych tablic znajdują się odniesienia do elementów (np. strzałek) niewidocznych na fotomikroografiach (np. str. 66, Fig. 15E), ewentualnie na fotomikroografiach (np. Fig. 19A, E, G) znajdują się strzałki, których znaczenia nie wyjaśniono w legendzie. W legendzie Wykresu 7 (str. 91) brakuje 'RL' przy odniesieniu do panelu (A), do tego znajduje się informacja o kolumnie w kolorze brunatnym (obecność genomu L), która w rzeczywistości jest granatowa, itd.
- Podając zawartość jądrowego DNA (str. 113), zwykle uściśla się także czy dana wartość dotyczy zreplikowanego (2C) czy niezreplikowanego (1C, C) genomu.
- W 'Aneksie' na str. 126 i 129 wartości liczbowe i procentowe w tabelach prezentujących poszczególne scenariusze nie sumują się względem tabeli przedstawiającej całkowite liczby przeanalizowanych zdarzeń. W tabelach na str. 127 i 128 problem ten nie występuje. Nie jest też jasne dlaczego tabele na str. 126-129 nie mają żadnej numeracji porządkowej, natomiast kolejne tabele 'Aneksu' taką numerację (będącą kontynuacją numeracji tabel z głównego tekstu rozprawy) posiadają. Większość tabel z zakresu Tab. 7 – Tab. 22 ma swoje nazwy pod tabelą. Ogólnie przyjęta konwencja to umieszczenie tego elementu nad tabelą.
- Choć rozprawa jest dobrze przygotowana od strony językowej, trafiają się sformułowania nie do końca poprawne gramatycznie, przykładowo „sygnały na chromosomach”, „figury” (w całej rozprawie). W kontekście tablic zawierających fotomikrografie bardziej poprawnym terminem byłaby rycina, ewentualnie tablica. Inne przykładowe nietypowe zwroty to przykładowo „frekwencje” – szczególnie jeśli stosowane w kontekście liczby sygnałów hybrydyzacji (np. str. 89), słowo „zwarte” stosowane dla zobrazowania stopnia kondensacji chromosomów (str. 53). Dyskusyjna jest zasadność sformułowania „ekspresjonowanie” w kontekście występowania (lub nie) sygnałów sondy RrS1 w mikrojądrach (str. 57, 58, 87) lub jądrach interfazowych (str. 89). Bardziej właściwym sformułowaniem, niż „kompleks sond” (str. 61) jest kombinacja sond, niezbyt fortunnym skrótem myślowym jest twierdzenie, że preparaty chromosomowe w metodzie FISH barwiono sondami (również str. 61), podobnie „techniki hybrydyzacji znakowania sondami całogenomowymi” (str. 111) oraz „Główna zasada działania tej techniki...” (str. 112) – trudno się zgodzić ze stwierdzeniem, że „...znakowana sonda wiąże się pośrednio lub bezpośrednio z docelowym materiałem genetycznym...”. Strona 108 ('Dyskusja') – przedostanie zdanie: przypuszczam, że Autor ma na myśli eliminację genomu, a nie genotypu. Użycie słowa „reduplikacja” nie jest do końca fortunate, bo przykładowo pokrewny termin endoreduplikacja ma przyporządkowane precyzyjne znaczenie jako jedna (i ściśle określona w sensie przebiegu

konsekwencji) ze ścieżek endoreplikacji. Replikacja genomów w przypadku mieszańca *P. esculentus* zdaje się raczej przypominać endomitozę. Strona 111 ('Dyskusja') – stwierdzenie „organizatory jąderkotwórcze NOR” jest tautologią – stosuje się albo jeden termin albo drugi. Ta sama strona – nie ma czegoś takiego, jak „śródmieższowe powtórzenia telomerowe” – to efekt błędnego tłumaczenia angielskiego słowa *interstitial* (które w tym kontekście znaczeniowym tłumaczy się jako interstycjalne). Ta sama strona oraz inne miejsca rozprawy – w zdaniach na zasadzie „Chromosom *P. ridibundus* niosący NOR zawiera 2 miejsca śródmieższowych powtórzeń telomerowych” nie praktykuje się zapisów liczbowych do wartości dziesięć. Strona 124 (wniosek nr 11) – zakładam, że Autor ma tutaj na myśli rearanżacje genomowe (eliminacja, endoreplikacja), a nie chromosomowe. Ta sama strona, wniosek w p. 13 („Gs”, „SSCs”) – nie jest wskazane wstawianie w tekst w języku polskim obcojęzycznych skrótów, dodatkowo zapisywanych w obcych formach gramatycznych (liczba mnoga skrótu w języku angielskim).

Podsumowanie i wniosek końcowy

Zarówno w wymiarze koncepcyjnym, merytorycznym, jak i metodycznym wysoce pozytywnie oceniam przedłożoną rozprawę, a jej drobne, zwykle redakcyjne niedociągnięcia nie mają wpływu na całościową ocenę. Stwierdzam, że praca spełnia kryteria stawiane kandydatom w Ustawie o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. z 2003 r. Nr 65, poz. 595; z 2005 r. Nr 164, poz. 1365, z 2010 r. Nr 96, poz. 620, Nr 182, poz. 1228, z 2011 r. Nr 84, poz. 455, z 2016 r. poz. 882). Wnoszę więc do Rady Dyscypliny Naukowej Nauki Biologiczne Uniwersytetu Wrocławskiego o przyjęcie rozprawy doktorskiej Pana mgr. Mikołaja Kaźmierczaka i dopuszczenie Doktoranta do dalszych etapów przewodu doktorskiego. Dodatkowo, mając na uwadze wysoką wartość merytoryczną ocenianej pracy, w sytuacji satysfakcjonującego przebiegu całego przewodu doktorskiego wnoszę o jej stosowne wyróżnienie.

