



INSTYTUT HODOWLI I AKLIMATYZACJI ROŚLIN
PAŃSTWOWY INSTYTUT BADAWCZY
PLANT BREEDING AND ACCLIMATIZATION INSTITUTE
NATIONAL RESEARCH INSTITUTE

tel. centrala: +(4822)7334500, e-mail: postbox@ihar.edu.pl
<http://www.ihar.edu.pl>, REGON 000079480, NIP 529-000-70-29, KRS 0000074008
Nr konta: PEKAO I/O Błonie, 54 1240 2164 1111 0000 3561 7204

Prof. dr hab. inż. Michał Kwiatek
Zastępca Dyrektora ds. naukowych
e-mail: m.kwiatek@ihar.edu.pl
tel. +(48 22) 725 45 03

Radzików, dnia 26 marca 2024 r.

Recenzja pracy doktorskiej mgr. inż. Anety Koroluk pt.:
„Charakterystyka puli genowej polskich odmian i linii hodowlanych owsa
zwyczajnego (*Avena sativa* L.) oraz ocena możliwości jej poszerzenia poprzez
krzyżowanie międzygatunkowe”

Praca doktorska, której dotyczy niniejsza recenzja, została wykonana w Instytucie Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin, na Wydziale Agrobioinżynierii Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie. Promotorem pracy jest dr hab. Edyta Paczos-Grzęda, prof. uczelni a promotorem pomocniczym Pani dr Sylwia Sowa. Recenzję niniejszej pracy wykonałem na podstawie uchwały Rady Dyscypliny Rolnictwo i Ogrodnictwo Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie na posiedzeniu w dniu 28 lutego 2024 roku, która zawierała informację o moim powołaniu na recenzenta rozprawy doktorskiej.

Przedstawiona do recenzji praca doktorska stanowi zbiór opatrzonego komentarzem trzech artykułów naukowych, opublikowanych w czasopiśmie przypisanym do dyscypliny rolnictwo i ogrodnictwo, które są spójne tematycznie i stanowią podstawę dysertacji, co dopuszcza artykuł art. 187 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2023 r. poz. 742 z późn. zm).

Prezentowane badania zostały zrealizowane w ramach były częścią projektu pt. „Mapowanie sprzężeniowe i asocjacyjne owsa zwyczajnego”, realizowanego w Instytucie Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin UP w Lublinie w latach 2014-2020 w ramach badań podstawowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej, finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi, którego kierowniczką była dr hab. Edyta Paczos-Grzęda, profesor uczelni.

Trzy prace naukowe będące przedmiotem niniejszej rozprawy doktorskiej, tj.:

1. Koroluk A., Paczos-Grzęda E.*, Sowa S., Boczkowska M., Toporowska J. 2022. Diversity of Polish oat cultivars with a glance at breeding history and perspectives. *Agronomy-Basel* 12(10), 2423. DOI: 10.3390/agronomy12102423;
2. Koroluk A., Sowa S., Boczkowska M., Paczos-Grzęda E.* 2023. Utilizing Genomics to Characterize the Common Oat Gene Pool—the Story of More than a Century of Polish Breeding. *Int. J. Mol. Sci.* 24(7), 6547. DOI: 10.3390/ijms24076547;
3. Koroluk A., Sowa S., Paczos-Grzęda E.* 2022. Characteristics of progenies derived from bidirectional *Avena sativa* L. and *Avena fatua* L. crosses. *Agriculture* 12(11), 1758. DOI: 10.3390/agriculture121117;

zostały opublikowane w latach 2022-2023 w czasopismach z listy filadelfijskiej, których sumaryczny wskaźnik wpływu Impact Factor wg Journal of Citation Reports wynosił 12,9 a łączna liczba punktów przyznanych przez Ministerstwo właściwe dla nauki dla tych czasopism wynosiła 340. Doktorantka była pierwszą autorką wszystkich wykazanych powyżej artykułów. Przy tej okazji należy wspomnieć, że powyższe przytoczenie wskaźników bibliometrycznych dla czasopism, w których te prace zostały opublikowane, ma charakter jedynie informacyjny. Twórca współczynnika Impact Factor, dr Eugene Garfield, stwierdził, że ten czynnik nie jest wyznacznikiem indywidualnej oceny naukowca, lecz jest tylko narzędziem do porównywania czasopism w obrębie jednej dyscypliny.

Z oświadczeń zamieszczonych w rozdziale 8 pracy, str. 109-123, wynika, że Pani mgr inż. Aneta Koroluk brała udział zarówno w opracowaniu koncepcji i metodologii badań, przeprowadzeniu części eksperymentalnej badań, jak i w analizie i interpretacji wyników, a także w opracowaniu pierwotnych wersji manuskryptów oraz uczestniczyła w opracowaniu korekt tekstów prac po recenzjach. Autorką korespondencyjną artykułów była dr hab. E. Paczos-Grzęda, prof. uczelni – promotor pracy doktorskiej.

Artykuły naukowe wchodzące w skład niniejszej rozprawy doktorskiej zostały już zrecenzowane na etapie zatwierdzania publikacji przez redakcje czasopism. Moja rola jako recenzenta niniejszej rozprawy doktorskiej sprowadza się do oceny formalnej rozprawy doktorskiej a także oceny merytorycznej badań zawartych w rozprawie oraz ich spójności a także oceny tekstu.

Praca doktorska Pani mgr inż. Anety Koroluk zawiera 123 strony i jest uporządkowana według typowego podziału dla tego typu opracowań, tj.:

- streszczenia w języku polskim i angielskim,
- wprowadzenie,
- hipotezy i cele pracy,
- materiał i metody badawcze,
- omówienie wyników opublikowanych artykułów wchodzących w skład pracy doktorskiej,
- stwierdzenia i wnioski,
- literatura,
- kopie publikacji wchodzących w skład rozprawy doktorskiej
- oświadczenia współautorów.

Podjęcie przez Panią mgr Anetę Koroluk badań mających na celu charakterystykę puli genowej polskich odmian i linii hodowlanych owsa zwyczajnego oraz przeanalizowanie możliwości jej poszerzenia poprzez krzyżowanie międzygatunkowe znajduje uzasadnienie z kilku istotnych powodów. Po pierwsze, owies, z uwagi na wysoką wartość odżywczą, jest istotnym zbożem, zarówno dla ludzi, jak i zwierząt. Zatem badania nad zróżnicowaniem genetycznym polskich odmian i linii hodowlanych owsa zwyczajnego mają bezpośrednie znaczenie dla rolnictwa. Tego typu charakterystyki pozwalają na lepsze zrozumienie struktury genetycznej, co może prowadzić do selekcji bardziej wydajnych i odpornych na warunki środowiskowe odmian. Po drugie, bardzo duży nacisk przykładą się szczególnie w obecnych czasach na zachowanie różnorodności genetycznej, która jest istotna z punktu widzenia bezpieczeństwa żywnościowego i ekosystemów oraz zachowania dziedzictwa genetycznego. Cieszy fakt świadomości wagi tych aspektów i poruszenia tej tematyki

w niniejszej pracy doktorskiej. Zachowanie różnorodności jest kluczowe dla utrzymania odporności na choroby i szkodniki oraz adaptacji do zmieniających się warunków klimatycznych. Ważne zatem jest podejmowanie wszelkich działań mających na celu zachowanie i zwiększenie bioróżnorodności w uprawach rolniczych. Analiza rodowodów i ocena polimorfizmu markerów molekularnych pozwala na identyfikację wartościowych cech genetycznych, które mogą być wykorzystane w hodowli. Ponadto, możliwość poszerzenia puli genowej poprzez introgresję nowych alleli z dzikich form owsa może prowadzić do stworzenia bardziej wydajnych i odpornych odmian. Co więcej, tego typu badania wnoszą nowe implikacje do nauk biologicznych, po prostu poszerzają naszą wiedzę na temat ewolucji i dziedziczenia cech u roślin.

W polsko- i anglojęzycznym streszczeniu, Autorka przedstawiła trzy nurty badawcze, na które składa się praca. Pierwszy nurt badawczy skupia się na analizie rodowodowej polskich odmian owsa oraz na ocenie struktury genetycznej z wykorzystaniem różnych metod, takich jak ISSR, REMAP i SNP. Drugi nurt badawczy koncentruje się na zastosowaniu nowoczesnych narzędzi genomicznych, takich jak DArTseq, do szczegółowej charakterystyki różnych form owsa, w tym linii hodowlanych. Trzeci nurt badawczy skupia się na ocenie wpływu krzyżowań międzygatunkowych owsa zwyczajnego z *Avena fatua* na fenotyp uzyskiwanych mieszańców owsa zwyczajnego. Streszczenie pracy rzeczowo i wyczerpująco przedstawia treści zawarte w rozprawie doktorskiej.

Wprowadzenie jest rozdziałem o przejrzystej strukturze, logicznie podzielonym na podrozdziały dotyczące podstawowych informacji o: rodzaju *Avena* oraz gatunku *Avena sativa* (owies zwyczajny), w tym analizy jego struktury genetycznej, udomowieniu tego gatunku, historii jego hodowli, w Polsce oraz wykorzystaniu pokrewnych gatunków dzikich do poszerzenia zmienności genetycznej w hodowli owsa.

Rozdział bardzo dobrze wprowadza czytelnika w tematykę pracy. Mam drobne uwagi dotyczące podrozdziału opisującego filogenezę rodzaju *Avena*, który mógłby być opisany w sposób bardziej czytelny i zrozumiały. Celem pracy jest ocena zróżnicowania genetycznego i struktury odmian i materiałów hodowlanych owsa. Zatem kluczowym elementem wprowadzającym w tą tematykę jest w miarę możliwości przejrzyste przedstawienie procesu kształtowania się struktury genomu owsa. Elementem wpływającym na czytelność tego podrozdziału mógłby być schemat modelu potencjalnych dróg ewolucyjnych prowadzących do powstania współczesnych gatunków owsa tetraploidalnego i heksaploidalnego. Jak wiemy, genomy C i A rozwijały się niezależnie od traw o zbliżonych cechach do owsa w obrębie podrodzaju *Avenastrum*. Według Fu (2018), gatunki z genomem C rozdzieliły się 19,9-21,2 milionów lat temu (mln lat), podczas gdy *A. canariensis*, uważany za najstarszy gatunek z genomem A, uległ specjacji 13-15 mln lat temu. Takie informacje z pewnością zobrazowałyby czytelnikowi stopień złożoności procesu ewolucji w obrębie rodzaju *Avena*. Jest to ważne z punktu widzenia prezentowanych w pracy badań nad strukturą genomu owsa zwyczajnego. Co ciekawe, te dane są sprzeczne z analizą genomu chloroplastowego przeprowadzoną przez Liu et al. (2020), wskazującą, że genom A pochodzi od *A. longiglumis*. Prawdopodobnie różne gatunki diploidalne posiadające genomy A i C mogły być zaangażowane w ewolucję owsa poliploidalnego. Gatunki mające genomy AABB (*A. barbata*, *A. vaviloviana*, *A. abyssinica*) wykazują bliskie pokrewieństwo z *A. wiestii* lub *A. hirtula*. Peng et al. (2018) sugerowali, że te gatunki pochodzą poprzez autopoliploidyzację genomu As, w przeciwieństwie do Badaeva et al. (2010) i Irigoyen et al. (2001), którzy proponowali pochodzenie allotetraploidalne. Powyższe prace wskazują, że skład genomu tego gatunku nadal pozostaje przedmiotem otwartej debaty, ale ważne, aby była ona uporządkowana.

W kolejnym rozdziale Autorka przedstawiła siedem hipotez swojej pracy oraz wymieniła sposoby ich weryfikacji. Szczególnie interesującą tezą jest twierdzenie, iż właściwie prowadzony proces hodowlany nie prowadzi do zawężenia zmienności genetycznej owsa zwyczajnego. Hipoteza ta dotyczy aktualnego problemu erozji genetycznej, dotyczącej kluczowe gatunki roślin uprawnych, które są poddawane silnej presji selekcyjnej w procesie hodowli. Każdy proces hodowli związany jest z selekcją zatem z ograniczeniem zmienności. Jednakże właściwie prowadzony proces hodowlany może pomóc w zachowaniu lub nawet zwiększeniu zmienności genetycznej w populacji. Hodowla selekcyjna opiera się na wybieraniu osobników o pożądanym cechach genetycznych i wykorzystaniu ich do reprodukcji. Jednakże, ważne jest, aby zachować różnorodność genetyczną w populacji, co można osiągnąć poprzez różnorodność rodziców wykorzystywanych do hodowli, regularne wprowadzanie nowych linii genetycznych oraz unikanie zbyt intensywnej selekcji na niewielką liczbę cech. Dzięki temu, nawet gdy pewne cechy są ulepszane, inne pozostają w puli genetycznej, co zapobiega zawężeniu zmienności genetycznej. Interesująca jest także hipoteza nr 6, mówiąca, iż ukierunkowana selekcja prowadzona w ramach procesu hodowlanego wprowadza zmiany w genomie rośliny uprawnej. Twierdzenie to jest szczególnie ciekawe z punktu widzenia ewolucji genomu owsa, w której, podobnie jak w innych gatunkach uprawnych, znaczny wpływ na kształtowanie genomu miała selekcja hodowlana.

W rozdziale Materiały i metody Autorka opisała imponującą liczbę obiektów badawczych w postaci 72 historycznych i współczesnych odmian owsa zwyczajnego, 487 odmian i linii hodowlanych *A. sativa* pochodzących z 3 firm hodowlanych oraz banków genów z całego świata oraz mieszańców pokolenia F₂ uzyskanych w efekcie prowadzonych samodzielnie krzyżowań. Szczegółowe informacje znajdują się w materiałach dodatkowych dołączonych do publikacji, będących przedmiotem rozprawy doktorskiej. Chciałbym podkreślić szczegółowość opisu prac mających na celu otrzymanie mieszańców międzygatunkowych z wykorzystaniem *Avena sativa* i *A. fatua*. Należy zaznaczyć, iż prace te wymagały wysokich kwalifikacji, umiejętności oraz olbrzymich nakładów czasu pracy. Ponadto jako recenzent chcę podkreślić szeroki zakres oraz wysoki stopień zaawansowania zastosowanych przez Doktorantkę metod i technik badawczych poczynawszy od analizy rodowodów, poprzez różnorodne systemy markerowe (ISSR, REMAP, DaRT) przydatne na cele genotypowania a skończywszy na wyrafinowanych metodach analizy statystycznej otrzymanych wyników uzyskanych w procesie genotypowania i fenotypowania.

W rozdziale 4 Autorka omówiła wyniki opublikowane w pracach wchodzących w skład pracy doktorskiej. W pracy nr 1 (P1), dokonała analizy rodowodów oraz zróżnicowania genetycznego polskich historycznych i współczesnych odmian owsa zwyczajnego bazując na danych rodowodowych oraz polimorfizmie markerów ISSR i REMAP. Mgr Aneta Koroluk wykazała, że najbardziej rozbudowane były rodowody odmian wyhodowanych po 1977 roku oraz odmian współczesnych. Najwięcej, bo aż 19 spośród 72 badanych odmian zostało wyhodowanych w HR Strzelce, a w ich rodowodach zidentyfikowano 56 przodków. Wyniki pozwoliły na identyfikację pięciu głównych przodków polskich odmian oraz ustalenie wpływu odmian zagranicznych na analizowany materiał. Interesującym spostrzeżeniem płynącym z tej pracy jest fakt, iż spadek obserwowanej heterozygotyczności w obrębie grup stwierdzono dopiero w okresie powojennym (1945–1969), a nowe allele wprowadzono w wyniku ekstensywnych krzyżówek z materiałami obcymi. Moim jest można w tym stwierdzeniu upatrywać potwierdzenia hipotezy nr 1, mówiącej, że właściwie prowadzony proces hodowlany nie prowadzi do zawężenia zmienności genetycznej owsa zwyczajnego. Moim zdaniem zabrakło takiego wskazania w tekście. W skrócie, należałoby wskazać,

że jednej strony proces hodowli ma wpływ na zawężenie puli genetycznej, gdyż w wyniku hodowlanej presji selekcyjnej na pożądane cechy usuwane są cechy niepożądane. Z drugiej strony poszerzamy zmienność poprzez wprowadzanie nowych alleli. Zatem antropogeniczna presja selekcyjna nie musi prowadzić do zawężenia puli genetycznej, co jest potwierdzeniem postawionej hipotezy. Oprócz naturalnej selekcji mamy do czynienia ze sztuczną selekcją, która kształtuje strukturę genetyczną gatunku i jest niejako częścią ewolucji gatunku.

Podobne wnioski można wyciągnąć po analizie wyników uzyskanych w ramach badań opisanych w pracy P2. W artykule tym Autorka poddała ocenie zróżnicowanie i strukturę genetyczną populacji obejmującej 487 form owsa, w tym głównie zaawansowanych linii hodowlanych z współczesnych programów trzech polskich firm hodowlanych zajmujących się tym gatunkiem, a także współczesnych i historycznych odmian polskich oraz odmian zagranicznych. Kluczową informacją, uzyskaną w ramach tych badań wydaje się być fakt, iż współczesne programy hodowlane owsa wprowadziły do puli genowej znaczną liczbę nowych alleli w porównaniu do odmian historycznych. Jednocześnie wykazano, że współczesny materiał hodowlany nie zawierał wielu alleli występujących u odmian historycznych. Porównując odmiany historyczne i współczesne odmiany polskie, Autorka zauważyła, że w procesie hodowlanym część alleli ze starej puli genowej zostało utraconych i zastąpionych nowymi allelami. Co więcej, wyniki pracy P2 wskazały także, że w rodowodach współczesnych polskich odmian znalazły się komponenty pochodzące z programów hodowlanych spoza Europy, co świadczy o wykorzystaniu nowych alleli z odległych pod względem genetycznym genotypów. W pracy tej Autorka podjęła się identyfikacji regionów, w których pod wpływem prac hodowlanych, krzyżowania i selekcji, zaszły największe zmiany polegające na utrwaleniu we współczesnych odmianach i liniach hodowlanych nowych alleli w porównaniu z odmianami historycznymi. Wykazano, że większość zmian w stosunku do odmian historycznych nastąpiła w obrębie subgenomu A, ze szczególnym uwzględnieniem chromosomu 6A. Autorka, podobnie jak inni badacze zajmujący się strukturą genomu owsa, stwierdziła, że subgenomy owsa charakteryzują się mozaikową architekturą powstałą w wyniku częstych rearanżacji genomowych, głównie translokacji.

W związku z powyższym, stawiam następujące pytania:

1. **Czy ten fakt może być przyczyną braku zawężenia puli genowej w procesie selekcji hodowlanej?**
2. **Czy istnieją, a jeśli tak to jakie są mechanizmy są odpowiedzialne za koniugację chromosomów homologicznych w obrębie subgenomów należących do gatunków z rodzaju *Avena*?**
3. **Z obowiązku recenzenta muszę także zapytać o doprecyzowanie jakiego ramienia chromosomu 4C i 5D dotyczą ukierunkowane przez hodowlę zmiany i jaki był ich charakter?**

W pracy P3 Autorka oceniła cechy agronomiczne dwóch populacji segregujących F2, pochodzących z krzyżowań między *A. sativa* (odm. Sam) i *A. fatua* (51532) oraz przeprowadziła ocenę statystyczną ich rodziców. Należy w tym miejscu podkreślić olbrzymi nakład prac związanych z wykonaniem tych badań. Do interesujących wyników można zaliczyć segregację pod względem sposobu rozsiewania ziaren, zgodną z dziedziczeniem monogenicznym. W przypadku allelu recesywnego występowało osypywanie pojedynczych ziaren, podczas gdy allel dominujący powodował brak osypywania zarówno ziaren, jak i kłosek. Co więcej, w obu kombinacjach obserwowano formy transgresyjne w niektórych cechach fenotypowych. Ciekawą informacją jest

także fakt, iż kierunek krzyżowania nie miał wpływu na wartości charakteryzowanych parametrów. Można natomiast było spodziewać się, że krzyżowanie z *A. fatua* zwiększyło, w porównaniu z odmianą 'Sam', liczbę pędów produkcyjnych i nieprodukcyjnych u mieszańców, obniżyło liczbę międzywęźli w pędzie głównym, liczbę kłosek i ziarniaków, masę ziarniaków w wieszce głównej i masę tysiąca ziarniaków. Chociaż skuteczne krzyżowanie z *A. fatua* jest wymagające, poszukiwanie nowych źródeł zmienności genetycznej pośród dzikich gatunków pokrewnych jest kluczowe dla poszerzenia puli genetycznej *Avena* i opracowania długoterminowych strategii korzystnych dla współczesnej hodowli owsa.

W rozdziale piątym Autorka podsumowała badania wykonane w swojej ramach rozprawy przedstawiając 13 wniosków i stwierdzeń, co do konstrukcji których nie mam uwag. Niestety stwierdzenia i wnioski przedstawione w Rozdziale 5 nie są wyraźnie wyodrębnione i nie są transparentnie powiązane z konkluzjami z przeprowadzonych badań opisanych w tekście rozdziału 4. Jasne powiązanie między badaniami a stwierdzeniami i wnioskami pomaga uniknąć nieporozumień i błędnych interpretacji. Gdy te elementy są dobrze zintegrowane, czytelnik może łatwiej zrozumieć, jak badania prowadziły do określonych wniosków, co minimalizuje ryzyko błędnej interpretacji.

Ocenie poddałem jakość strony edycyjnej oraz poprawność językową pracy. W tym miejscu pragnę podkreślić wysoką staranność w opracowaniu manuskryptu, przejrzystość jego konstrukcji oraz profesjonalne przygotowanie edycyjne. Język, w jakim napisano niniejszą pracę jest poprawny, charakteryzujący się dbałością o prawidłową składnię.

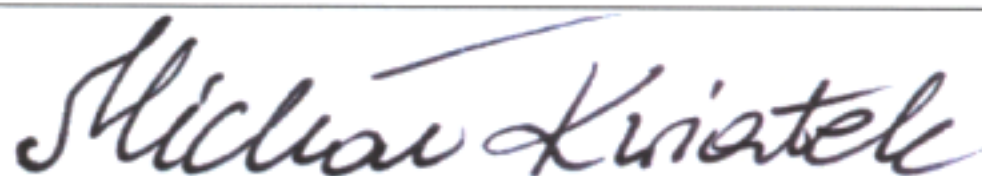
Podsumowując analizę merytoryczną wyników badań zaprezentowanych w niniejszej rozprawie doktorskiej, stwierdzam, że dostarczyły one nowych danych dotyczących struktury genetycznej polskich odmian i linii hodowlanych owsa zwyczajnego (*Avena sativa* L.). Uzyskane przez Doktorantkę wyniki mogą mieć istotne znaczenie dla zrozumienia znaczenia procesów selekcyjnych w kształtowaniu zmienności genetycznej. Autorka wykazała, że z jednej strony, presja selekcyjna, zarówno naturalna, jak i sztuczna, może prowadzić do zawężenia puli genetycznej poprzez faworyzowanie pożądanых cech. Z drugiej strony, wprowadzanie nowych alleli może poszerzać tę zmienność. Podsumowując, choć pewne elementy mogą zanikać w wyniku presji selekcyjnej, równocześnie w procesie hodowli zyskujemy nowe allele, co w szerszym ujęciu ilustruje złożoność oddziaływania człowieka na ewolucję roślin uprawnych. Niemniej istotne jest kontynuowanie badań, które objąć powinny także pozostałe taksony rodzaju *Avena*, jak na przykład gatunek *A. macrostachya*, *A. agadiriana*, itp., w celu lepszego zrozumienia związków między przedstawicielami tego rodzaju w kontekście filogenetycznym. Takie badania mogą przyczynić się do dalszego pogłębienia wiedzy na temat rodzaju *Avena* oraz umożliwić pełniejsze zrozumienie jego ewolucji i potencjału hodowlanego.

Przedstawiona do recenzji praca doktorska autorstwa mgr. inż. Anety Koroluk, zatytułowana "Charakterystyka puli genowej polskich odmian i linii hodowlanych owsa zwyczajnego (*Avena sativa* L.) oraz ocena możliwości jej poszerzenia poprzez krzyżowanie międzygatunkowe", reprezentuje oryginalne podejście do problemu naukowego. Praca ta, oprócz merytorycznych wartości, dowodzi ogólnej wiedzy teoretycznej i praktycznej Doktorantki, oraz demonstruje jej umiejętności w samodzielnym prowadzeniu pracy naukowej. Praca ta spełnia wymogi stawiane pracom doktorskim w Ustawie z 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2023 r. poz. 742

z późn. zm). Pragnę zaznaczyć, iż wymienione przeze mnie w niniejszej recenzji uwagi oraz komentarze mają charakter dyskusyjny i w żadnym stopniu nie obniżają wartości pracy, którą oceniam bardzo wysoko.

Wnioskuje do Rady Dyscypliny Rolnictwo i Ogrodnictwo Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie o dopuszczenie mgr. inż. Anety Koroluk do dalszych etapów przewodu doktorskiego.

Radzików, dnia 26 marca 2024 roku



Podpisane elektronicznie przez Prof. dr hab. Michał Tomasz Kwiatek

(Certyfikat kwalifikowany) w dniu 2024-03-26.