

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

Recenzja rozprawy 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”**

Niniejsza recenzja została przygotowana w następstwie uchwały Rady Dyscypliny Rolnictwo i Ogrodnictwo Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie z dnia 28.02.2024. powołującej recenzentów rozprawy doktorskiej mgr inż. Anety Koroluk. Przedłożona do recenzji praca doktorska została wykonana w Instytucie Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie, a przeważającą część badań zrealizowano w ramach projektu naukowego dofinansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi pt. „Mapowanie sprzężeniowe i asocjacyjne owsa zwyczajnego” (temat realizowany w ramach ministerialnego programu badań podstawowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej). Promotorem pracy jest dr hab. Edyta Paczos-Grzęda prof. UPL, a promotorem pomocniczym dr Sylwia Sowa.

Przedmiotem badań mgr Anety Koroluk był owies zwyczajny (*Avena sativa* L.). Owies to zboże, które początkowo towarzyszyło człowiekowi jako chwast w uprawach najwcześniej udomowionych gatunków pszenicy i jęczmienia. W wyniku ekspansji działalności rolniczej na tereny charakteryzujące się niekorzystnymi warunkami dla produkcji pszenicy i jęczmienia, owies zamiast chwastem, stał się wartościową alternatywą dla pierwotnych roślin uprawnych i został udomowiony. Szczególnie korzystnym dla owsa regionem uprawy była centralna i północna Europa, gdzie dominują lekkie gleby o odczynie kwaśnym. Owies ma niewielkie wymagania glebowe i nie potrzebuje do rozwoju wysokich temperatur. Jego najważniejszą „słabą” stroną są wymagania wodne – ze względu na mało oszczędny sposób wykorzystania zasobów wodnych (względnie wysoki współczynnik transpiracji) wymaga do wytworzenia plonu dość obfitych i regularnych opadów. Z tego względu najwyższe plony owsa osiągnęte są w krajach wyspiarskich (Wielka Brytania, Irlandia itp.). W produkcji rolniczej w Polsce znaczenie owsa jest wciąż duże, chociaż systematycznie spada. Powierzchnia uprawy owsa na przestrzeni ostatniego wieku uległa ograniczeniu z poziomu ok. 2 mln. ha do niespełna 500 tys. ha. Za główną przyczynę tego procesu uważa się spadek znaczenia koni jako zwierząt pociągowych – owies to doskonała pasza dla tego gatunku zwierząt, a rozwój mechanizacji znacząco zmniejszył ich pogłowie w naszym kraju. Drugą przyczyną to zmiany klimatyczne: w Polsce coraz częściej mamy problem z okresowym niedoborem wody, a tradycyjne odmiany owsa reagują na ten czynnik silnym spadkiem plonowania. Zmiany klimatyczne, których jesteśmy świadkami, stanowią wyzwanie dla nauk rolniczych, ale też rolnictwa jako działu gospodarki. Pojawia się dylemat, czy intensyfikować starania o zachowanie w

strukturze zasiewów gatunków tradycyjnych, takich jak owies i próbować je dostosowywać do zmian środowiskowych, czy może lepiej sięgnąć po gatunki egzotyczne, które dobrze się zaadaptują w nowych warunkach. Nie można nie zauważyć, że pochodząca z Nowego Świata kukurydza, która przez wiele lat była w Polsce uprawiana dość sporadycznie, w czasie minionej dekady uzyskała status jednego z najważniejszych zbóż. Dla zachowania bioróżnorodności wskazane jest, aby popularyzacja nowych upraw nie prowadziła do wyeliminowania tradycyjnych dla polskiego rolnictwa gatunków (żyto, owies, łubin żółty itp.) O konkurencyjności odmian gatunków tradycyjnie uprawianych w Polsce decyduje postęp hodowlany, którego efektywność zależy w dużym stopniu od wiedzy na temat genetycznego potencjału i możliwości jego poszerzenia. Badania podjęte przez mgr Anetę Koroluk dotyczyły charakterystyki genetycznej współczesnych polskich materiałów hodowlanych owsa na tle form historycznych oraz pochodzących z innych krajów, a także obejmowały próbę poszerzenia zmienności genetycznej owsa zwyczajnego na drodze krzyżowań międzygatunkowych z owsem głuchym. Tym samym, poza ważnym aspektem naukowym, wyniki tych badań są cenne dla praktyki rolniczej tworząc bazę teoretyczną dla efektywniejszego tworzenia nowych odmian owsa. Bez nowych, konkurencyjnych odmian uprawa tego cennego zboża będzie podlegała dalszemu ograniczaniu. Z uwagi na fitosanitarną rolę owsa w płodozmianie oraz jego różnorodne wykorzystanie w przemyśle przetwórczym (owies ma cenne walory żywieniowe i znajduje bogate zastosowanie w przemyśle kosmetycznym) starania o utrzymanie udziału tego gatunku w strukturze zasiewów jest ważnym zadaniem dla badań prowadzonych w dyscyplinie naukowej „Rolnictwo i Ogrodnictwo”.

Wstępna, opisowa część rozprawy mieści się na 40 stronach maszynopisu i zawiera syntetyczną charakterystykę wykonanych badań i uzyskanych rezultatów. W tej części rozprawy znalazło się osiem podrozdziałów: „Streszczenie” w języku polskim i jego anglojęzyczny odpowiednik („Summary”), „Wprowadzenie” zawierające przegląd literatury, „Hipotezy i cele badawcze”, „Materiał i metody badawcze”, „Omówienie wyników z elementami dyskusji”, „Stwierdzenia i wnioski” oraz „Bibliografia”. Uzupełnieniem rozprawy, a właściwie zasadniczą jej część stanowią przedruki trzech tematycznie powiązanych artykułów naukowych, które zostały opublikowane w stosunkowo krótkim okresie obejmującym lata 2022-2023 oraz oświadczenia współautorów pozwalające na określenie wkładu Doktorantki w powstanie każdej z tych publikacji. Cykl publikacji będących podstawą ocenianej rozprawy obejmuje następujące pozycje:

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. *IF*: 3,7; *MEiN*: 100 pkt
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. *IF*: 5,6; *MEiN*: 140 pkt
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 *IF*: 3,6; *MEiN*: 100 pkt

Prace te są ze sobą merytorycznie powiązane i stanowią cykl publikacji w pełni spójny tematycznie. Wszystkie trzy artykuły opublikowano w czasopismach naukowych o zasięgu międzynarodowym, których wartości współczynnika Impact Factor (IF) mieściły się w granicach od 3,6 do 5,6, a punktacja MEiN z lat opublikowania to 100-140 pkt. Sumaryczny wskaźnik IF prac wchodzących w skład rozprawy doktorskiej należy uznać za bardzo znaczący dla publikacji w dyscyplinie „Rolnictwo i Ogrodnictwo”, jako że osiągnął wartość 12,9. Wszystkie trzy prace miały charakter wielo-autorski, ale we wszystkich publikacjach Doktorantka była pierwszą autorką, a załączone oświadczenia współautorów jednoznacznie wskazują na Jej wiodący wkład w powstanie każdego artykułu (w tym: współdziałanie w opracowaniu koncepcji badań i realizacja przeważającej części zadań o charakterze eksperymentalnym, a także analiza i interpretacja wyników).

Wstępna część pracy napisana jest bardzo poprawnie od strony językowej, jest przejrzysta i dostarcza wszystkich niezbędnych informacji na temat wykonanych badań, których bardziej szczegółowy opis znajduje się we wspomnianych powyżej artykułach naukowych. Szczególnie chciałbym tu docenić rozdział „Wprowadzenie”, w którym na zaledwie siedmiu stronach maszynopisu Autorce udało się w sposób bardzo syntetyczny dokonać przeglądu literatury i dzięki temu bardzo zwięźle, a jednocześnie wystarczająco szeroko scharakteryzować obiekt badań. Znalazły się tu różnorodne informacje dotyczące owsa: opisane są kwestie ewolucyjne, historia udomowienia i hodowli, aktualny stan hodowli i uprawy, znaczenie dzikich gatunków w hodowli, jak również zarys badań zmienności genetycznej na poziomie molekularnym. Wszystko oparte o bogate piśmiennictwo naukowe, ale opisane krótko, treściwie i w bardzo klarowny sposób.

Znajdujące się na stronie 17 manuskryptu hipotezy badawcze zostały ujęte w siedmiu punktach. Osobiście często sceptycznie podchodzę do konieczności artykułowania hipotez badawczych, gdyż w wielu przypadkach można się ich łatwo domyślić zapoznając się z celami pracy. W pierwszym odruchu wydawało mi się, że tak będzie również w przypadku rozprawy mgr. A. Koroluk, gdyż liczba sformułowanych celów jest dokładnie taka sama, jak liczba hipotez badawczych. Kiedy zapoznałem się z całością pracy musiałem zmienić zdanie – stwierdzenia zawarte w hipotezach nie zawsze są oczywiste, a jednocześnie wyznaczone cele tworzą z hipotezami i z końcowymi wnioskami bardzo spójną całość. Dostrzegłem jednocześnie w tych hipotezach i celach pewne zagadnienia, które chciałbym osobiście przedyskutować z Autorką przy okazji publicznej obrony pracy doktorskiej. Nie będę szczegółowo streszczał wszystkich hipotez i celów, a pozwolę sobie na skoncentrowanie uwagi na tych, które chciałbym bardziej szczegółowo przedyskutować.

W hipotezie nr 4 mgr Koroluk założyła, że korelacja wyników podobieństwa genetycznego oszacowanego z pomocą markerów molekularnych z pokrewieństwem opartym na podstawie rodowodów jest niska. Uzyskane wyniki potwierdzają słuszność tego założenia i nie jest to pierwszy taki przypadek w badaniach naukowych, ale w powszechnym mniemaniu analiza podobieństwa genetycznego powinna nam przecież dostarczać wiedzy o pokrewieństwie. W genetyce człowieka markery molekularne są powszechnie używane do ustalania ojcostwa i innych relacji dotyczących pokrewieństwa. Stąd moje pytanie do Doktorantki: jakie były przyczyny postawienia takiej hipotezy i jak można wytłumaczyć, że

to co dobrze się sprawdza w badaniach genetycznych człowieka, zawodzi w badaniach nad owsem?

W treści hipotezy i celu nr 6 pojawia się sugestia, że ukierunkowana selekcja wywołuje zmiany w genomie owsa. Zasadniczo zmiany w genomach (oraz wszelkie mutacje) uważane są za rezultat zdarzeń o charakterze spontanicznym lub są wynikiem zadziałania czynników stresowych (w tym czynników mutagennych). Klasyczna hodowla ukierunkowana na poprawę określonych cech nie wydaje mi się być czynnikiem stresowym indukującym mutacje. W mojej opinii prace selekcyjne w hodowli, w których oceniane są bardzo liczne i genetycznie zróżnicowane rośliny pozwalają na wyłowienie tych nielicznych unikatów, które powstały na drodze naturalnych zdarzeń mutacyjnych i zwiększenie ich frekwencji. W publikacji nr 2 w języku angielskim nie znalazłem tak jednoznacznej sugestii, że ukierunkowana selekcja wywołuje zmiany. Może więc te zmiany genetyczne są nie tyle wywoływane przez ukierunkowaną selekcję, a raczej efektywnie namnażane? Moja prośba do Doktorantki dotyczy bardziej szczegółowego wyjaśnienia mechanizmów: jak w Jej ocenie przebiega proces zmian ewolucyjnych, które zostały stwierdzone w czasie badań.

Trzecie moje pytanie do Doktorantki dotyczy hipotezy i celu nr 7, a może raczej celu nr 7 i tego co nie znalazło się w hipotezie nr 7. W ramach działań opisanych w pracy nr 3: wykonane zostały krzyżowania zwrotne (dwukierunkowe) między roślinami owsa zwyczajnego (*Avena sativa* L.) polskiej odmiany 'Sam' z pochodzącym z Peru ekotypem owsa głuchego (*Avena fatua* L.) '51532'. Do zweryfikowania hipotezy nr 7 absolutnie wystarczające byłyby krzyżowania wykonane w jednym kierunku z formą uprawną po stronie matecznej. Wykonanie krzyżowań w obu kierunkach było więc prawdopodobnie wynikiem hipotezy, która nie została sformułowana w rozprawie: źródło cytoplazmy (forma mateczna mieszańca) może mieć wpływ na wartość gospodarczą uzyskanych mieszańców międzygatunkowych. Wyniki badań mgr Anety Koroluk wskazują, że cytoplazma gatunku dzikiego (*Avena fatua* L.) nie wpływała negatywnie na cechy agronomiczne mieszańców z owsem zwyczajnym. To ważna obserwacja, gdyż u większości badanych mieszańców międzygatunkowych zbóż obserwowano negatywny wpływ genów cytoplazmatycznych pochodzących od form dzikich. Co istotne, badany mieszańiec powstał na skutek krzyżowania między ekotypami o skrajnie odmiennym pochodzeniu geograficznym (Polska vs. Peru). Stąd moje pytanie: czy można przyjąć na podstawie wyników opisanych w pracy nr 3, że geny cytoplazmatyczne w gatunku *Avena fatua* L. nie wpływają w sposób istotny na wartość rolniczą mieszańców z owsem siewnym i kierunek krzyżowania nie ma tu istotnego wpływu na wartość gospodarczą mieszańców międzygatunkowych? Czy może należy w tej kwestii zachować ostrożność i prowadzić dalsze badania (a jeśli tak, to dlaczego)?

Materiał i metody badawcze zostały przez mgr inż. Anetę Koroluk opisane w skróconej formie na stronach 18-22 manuskryptu (pełniejsze dane zawarte zostały w publikacjach). Od strony merytorycznej rozdział został opracowany w pełni poprawnie, ale drobne niedociągnięcia na poziomie edytorskim daje się zauważyć. Np. na str. 18 wkradł się tzw. „czeski błąd” z przestawieniem czcionek (zamiast „wyhodowane w latach 1983-2008” powinno być „wyhodowane w latach 1893-2008”) oraz błędny szyk zdania (zamiast „mieszańce pokoleń F2” powinno być „pokolenia F2 mieszańców”). Drobne niedoskonałości zauważyłem też w sposobie cytowania źródeł: z treści zdania i połączonego z nim cytowania na str. 18 można wywnioskować, że autorami programu MS Excel są Wang i Lu (2006), a na

stronie 21, że współczynnik wylegania opracował Milczarski (2008). W rzeczywistości cytowane artykuły opisują wykorzystanie określonych narzędzi, ale same narzędzia zostały opracowane wcześniej przez kogoś innego (stosowne źródła można znaleźć w bibliografiach tych prac). Są to jednak drobne nieścisłości o charakterze redakcyjnym i nie wpływają na merytoryczną wartość pracy. Tym bardziej, że dotyczą głównie tego jednego rozdziału rozprawy.

Wyniki badań streszczone zostały na stronach od 23 do 36 manuskryptu, a w pełnej wersji zaprezentowane w cyklu publikacji.

Opisana w publikacji nr 1 analiza rodowodów współczesnych polskich odmian i rodów hodowlanych owsa wykazała kluczowe znaczenie pięciu historycznych źródeł: 'Markiche Landsorte', 'selekcja z owsa Ligowo', 'Franks Svarthavre', 'Blanche de Siberie' i 'selekcja z Schleswig-Holstein'. Tym samym tradycyjna polska hodowla owsa została oparta w przeważającej części na dość wąskiej grupie źródeł odmianowych pochodzących głównie z Niemiec i Szwecji oraz krajowych odmian miejscowych. Bardzo ciekawych informacji dostarczyła analiza molekularna odmian historycznych i współczesnych, którą oparto o markery ISSR i REMAP. Struktura genetyczna odmian owsa na przestrzeni około 120 lat hodowli uległa zauważalnej przebudowie. Odmiany wyhodowane przed rokiem 1970 tworzą grupę odrębną od odmian powstałych w czasie ostatnich 50 lat. Najwidoczniej lata 70-te XX wieku były okresem, gdy hodowla owsa została zintensyfikowana. Współcześnie uprawiane odmiany owsa wykazywały w analizach ISSR i REMAP dość duże podobieństwo genetyczne, ale wśród najnowszych odmian pojawiała się dodatkowa, nowa zmienność. Te obserwacje wskazują, że hodowcom owsa udało się jak dotąd skutecznie unikać tzw. erozji genetycznej. Selekcja hodowlana ukierunkowana jest na wybór genotypów o najlepszych cechach gospodarczych, co powoduje, że hodowcy z różnych firm wybierają i rozmnażają dość podobne rośliny. W rezultacie dochodzi do upodabniania odmian na poziomie fenotypowym, a przez to do niezamierzonego ograniczania zmienności genetycznej. Wyniki opisane w publikacji nr 1 wskazują, że w pierwszej połowie XX wieku proces ten nie był specjalnie widoczny, ale zaczął przyspieszać w latach 1945-1969. Intensyfikacja prac hodowlanych po 1970 roku została połączona z szerszą zakrojonymi krzyżowaniami odmian owsa zwyczajnego o zróżnicowanym pochodzeniu oraz wprowadzaniem nowej zmienności genetycznej na drodze krzyżowań międzygatunkowych. W rezultacie udało się uniknąć zawężania zmienności genetycznej materiałów hodowlanych – w miejsce utraconych w wyniku erozji genetycznej alleli występujących w odmianach historycznych wprowadzono nowe allele. Tym samym utrzymano wysoki potencjał tkwiący w zasobach genowych, dzięki czemu możliwy jest dalszy postęp w hodowli owsa.

W publikacji nr 2 kontynuowano wcześniejsze badania w celu lepszego scharakteryzowania struktury genetycznej w obrębie nowych rodów hodowlanych tworzonych w ramach programów prowadzonych w trzech polskich spółkach (Hodowla Roślin DANKO, Małopolska Hodowla Roślin i Hodowla Roślin Strzelce). Badane rody porównywano z odmianami historycznymi oraz odmianami współcześnie zarejestrowanymi w Polsce i za granicą. Metoda genotypowania użyta w tej pracy była znacznie wydajniejsza niż w publikacji nr 1: zastosowano wysokoprzepustowe genotypowanie metodą DArTseq (usługa oferowana przez zarejestrowaną w Australii firmę Diversity Arrays Technology Pty Ltd). W czasie pojedynczej analizy metoda DArTseq pozwala na otrzymanie danych dotyczących

kilkudziesięciu tysięcy markerów SNP, których polimorfizm jest efektem mutacji w obrębie pojedynczych nukleotydów. Badane rody i odmiany były bardzo wyrównane wewnętrznie (badane były zarejestrowane odmiany i wysoce homozygotyczne linie hodowlane). Uzyskane wyniki pozwoliły na wyróżnienie dwóch, częściowo odrębnych pul genowych. Do pierwszej z nich zaliczono około 80% badanych obiektów, wśród których przeważały odmiany historyczne, współczesne odmiany z polskiej i europejskiej hodowli oraz linie hodowlane z aktualnie prowadzonych programów wszystkich trzech w/w spółek hodowlanych. W drugiej grupie (ok. 20% badanych genotypów) znalazły się przede wszystkim odmiany zagraniczne spoza Europy, ale też część rodów wytworzonych w spółce HR Strzelce (co wskazuje, że w programie hodowlanym HR Strzelce pula genetyczna jest poszerzana m. in. w oparciu o źródła pochodzące z odległych regionów świata). Z drugiej strony, analiza występowania alleli unikalnych wykazała, że najwięcej nowych wariantów genetycznych nieobecnych w aktualnie zarejestrowanych odmianach znaleziono w rodach pochodzących z Hodowli Roślin DANKO. Tego rodzaju allele były też obecne w materiałach hodowlanych tworzonych w pozostałych spółkach. Wyniki badań opisanych w pracy nr 2 wskazują, że hodowcy z różnych polskich firm hodowlanych, realizując niezależne programy, starają się zadbać o utrzymanie niezbędnej zmienności genetycznej i skutecznie zapobiegają procesowi erozji genetycznej.

Trzecia publikacja wchodząca w skład rozprawy opisuje wyniki badań nad mieszańcami międzygatunkowymi owsa zwyczajnego (*Avena sativa* L.) z owsem głuchym (*Avena fatua* L.). Celem wytworzenia tych mieszańców było wprowadzenie nowej zmienności genetycznej do materiałów hodowlanych owsa zwyczajnego, co stanowi jedną z metod zapobiegania erozji genetycznej. Uzyskane mieszańce wykazywały w pokoleniu F₂ efekt transgresji w odniesieniu do licznych cech o charakterze użytkowym, co pozwala mieć nadzieję, że znajdą w przyszłości zastosowanie w praktycznej hodowli. Bardzo ciekawą obserwacją (o czym wspominałem już wcześniej) było stwierdzenie, że kierunek krzyżowania nie miał wpływu na wartość agronomiczną analizowanych mieszańców (z wyjątkiem długości dokłosa). Co więcej, problem osypywania ziarna u niektórych mieszańców (cecha dziedziczona po *Avena fatua* L.) wydaje się być łatwy do rozwiązania ze względu na jednogenowy mechanizm dziedziczenia i brak korelacji tej cechy z większością cech o znaczeniu praktycznym.

Streszczone powyżej wyniki badań zostały przez Autorkę rozprawy podsumowane w trzynastu trafnie sformułowanych punktach opatrzonych wspólnym tytułem „Stwierdzenia i wnioski”.

Manuskrypt opisowej części rozprawy kończy bardzo bogata Bibliografia obejmująca 159 pozycji literatury (w większości są to pozycje anglojęzyczne).

Wniosek końcowy

Wyniki zawarte w rozprawie doktorskiej pani mgr Anety Koroluk zostały otrzymane w oparciu o bardzo dobrze zaplanowane, poprawne metodycznie badania naukowe. Opracowanie statystyczne i bioinformatyczne zostało wykonane z zastosowaniem zróżnicowanych metod, a interpretacja wyników nie budzi wątpliwości. Postawione w pracy doktorskiej cele zostały osiągnięte, a sformułowane wnioski są w pełni poprawne. W mojej ocenie rozprawa stanowi oryginalne rozwiązanie sformułowanego w formie hipotez badawczych i celów pracy konkretnego problemu naukowego. Treść rozprawy autorstwa mgr inż. Anety Koroluk świadczy, że posiada ona niezbędną ogólną wiedzę teoretyczną w

dyscyplinie „Rolnictwo i ogrodnictwo” i wykazuje umiejętność samodzielnego prowadzenia pracy naukowej w tej dyscyplinie. Tym samym, w mojej ocenie, praca mgr inż. Anety Koroluk w pełni spełnia wymogi stawiane rozprawom doktorskim w art. 187 Ustawy „Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce” z dnia 20 lipca 2018 r. (Dz. U. 2018 poz. 1668 z późn. zmianami). Dlatego **wniosuję do Rady Dyscypliny Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie o dopuszczenie mgr inż. Anety Koroluk do dalszych etapów przewodu doktorskiego.**

Jednocześnie, w związku z dużym znaczeniem uzyskanych wyników dla nauki oraz dla praktyki hodowlanej, **zwracam się z wnioskiem do Rady Dyscypliny o rozpatrzenie możliwości wyróżnienia tej rozprawy.**

Szczecin, 8.04.2024.

Stefan Stojalowski