

prof. UPP dr hab. Aneta Sawikowska

Poznań 2.09.2025

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych

ul. Wojska Polskiego 28

60-637 Poznań

e-mail: aneta.sawikowska@up.poznan.pl

tel. 606-611-914

RECENZJA

rozprawy doktorskiej mgr Ewy Sybilskiej

pt. „*Molekularne mechanizmy sygnalizacji kwasu abscysynowego (ABA) podczas kiełkowania ziarniaków jęczmienia zwyczajnego (*Hordeum vulgare* L.) ze szczególnym uwzględnieniem roli jądrowego kompleksu wiążącego czapeczkę mRNA (CBC)*”

Promotor: prof. UŚ dr hab. Agata Daszkowska-Golec

1. Podstawa formalna recenzji

Podstawę sporządzenia recenzji stanowi pismo z dnia 11.07.2025 r. Rady Instytutu Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach informujące o powołaniu mnie na recenzenta rozprawy doktorskiej mgr Ewy Sybilskiej w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauki biologiczne.

2. Przedmiot i znaczenie podjętej problematyki

Rozprawa dotyczy sygnalizacji ABA w czasie kiełkowania jęczmienia oraz roli jądrowego kompleksu wiążącego czapeczkę mRNA (CBC). Temat jest aktualny i ważny dla biologii nasion oraz fizjologii roślin uprawnych, z potencjalnymi implikacjami dla praktyki rolniczej. Umieszczenie CBC w centrum narracji sprawia, że praca prowadzi czytelnika od bodźca hormonalnego (ABA), przez konkretne działania na poziomie mRNA (wiązanie czapeczki, splicing, eksport), aż po obserwowany efekt, spójnie łącząc zjawiska molekularne z fenotypem kiełkowania; w rezultacie pokazano nie tylko współwystępowanie zjawisk, lecz ciąg przyczynowo-skutkowy. Autorka integruje obserwacje na poziomie transkryptomu (RNA-seq) i metabolomu (LC-MS/MS), co wzmacnia wnioskowanie biologiczne.

Znaczenie pracy jest wielowymiarowe:

- (i) poznawcze – pogłębia rozumienie osi $ABA \leftrightarrow CBC$ w zarodkach zbóż;
- (ii) metodyczne – pokazuje, jak spójnie łączyć transkryptomikę z metabolomiką w ujęciu zdefiniowanych w pracy grup kontrastowych;
- (iii) aplikacyjne – wnioski mogą inspirować poszukiwanie markerów regulacyjnych dla praktyk hodowlanych i technologii związanych z kiełkowaniem (np. słodownictwo, wczesna tolerancja na stres).

3. Charakterystyka rozprawy i dorobku publikacyjnego

Dysertacja ma formę cyklu opublikowanych, powiązanych tematycznie artykułów, uzupełnionych autoreferatem i spójnym układem rozdziałów łączących. Wykorzystano jasno zdefiniowane warunki traktowania (warunki kontrolne oraz w obecności 75 μ M ABA) oraz $n = 4$ powtórzenia biologiczne na każdy warunek. Analizy przeprowadzono w zdefiniowanych

w pracy grupach kontrastowych, co porządkuje wnioskowanie i sprzyja przejrzystości interpretacji.

Warstwa eksperymentalna (RNA-seq, LC-MS/MS) jest uzupełniona o systematyczną warstwę bioinformatyczną: kontrolę jakości danych, analizy różnicowe ekspresji (DEG/DET/DAS/DTU), adnotację funkcjonalną (GO/KEGG), analizę potencjalnych regulatorów (np. PlantRegMap) oraz bogate wizualizacje (mapy cieplne, diagramy Venna, sieci PPI). „Inwentarz narzędzi” (Tabela 1; m.in. clust, Venny, pheatmap, ggplot2, topGO, clusterProfiler, BioMart, BLAST, STRING, Cytoscape, ComplexUpset) potwierdza stosowanie uznanych i adekwatnych metod.

Warstwa tematyczna rozprawy jest spójna i logicznie poprowadzona: od autoreferatu i celów, przez materiał i metody, po wyniki z dyskusją oraz wnioski. Tytuły rozdziałów są sformułowane poprawnie i adekwatnie, stanowiąc wierne odzwierciedlenie treści poszczególnych części. Sekcje łączące publikacje dobrze porządkują narrację, a przejścia między rozdziałami są naturalne i ułatwiają śledzenie wywodu. Opisy rycin i tabel są informacyjne, a układ pracy sprzyja czytelności i weryfikowalności wniosków.

4. Metodyka i rzetelność badań

Dobór metod laboratoryjnych i analitycznych jest adekwatny do postawionych pytań badawczych. Liczebności ($n = 4$ powtórzenia biologiczne na warunek) stanowią minimalny akceptowalny standard dla badań omicznych, a opis przetwarzania i integracji danych jest

wystarczająco szczegółowy, by umożliwić odtworzenie analiz. Warstwa wizualizacyjna jest czytelna i dobrze powiązana z wnioskami biologicznymi. Mocną stroną pracy jest poprawność i znaczenie wykonanej analizy bioinformatycznej. Ta warstwa analityczna nadaje wynikom solidne oparcie statystyczne i zwiększa ich wartość poznawczą. Pewne wątpliwości budzi jedynie część omówiona w pkt 7, co nie podważa ogólnej, pozytywnej oceny metodycznej pracy.

5. Oryginalność i wkład własny Doktorantki

Z oświadczeń współautorów i opisu w publikacjach wynika znaczący wkład własny Doktorantki w: planowanie doświadczeń, prowadzenie badań, interpretację danych oraz warstwę wizualizacyjną (w Scientific Reports 2024 – samodzielnie; w BMC Plant Biology 2025 – współautorsko). Elementy infrastrukturalne (np. LC-MS/MS; integracja Iso-Seq/RTD) były realizowane w ramach współpracy ze wskazanymi zespołami – co zostało transparentnie udokumentowane. Całość pozwala jednoznacznie przypisać Doktorantce kluczową rolę merytoryczną w powstaniu przedstawionych wyników.

6. Najważniejsze wyniki

Praca przekonująco pokazuje, że traktowanie ABA prowadzi do szerokich zmian transkryptomicznych w zarodkach jęczmienia, w szczególności w szlakach hormonalnych i regulacyjnych, a także do towarzyszących im zmian metabolomicznych. Zidentyfikowano zestawy genów i procesów funkcjonalnych, których aktywność jest spójna z hamowaniem kiełkowania i modulacją odpowiedzi na stres. Zastosowanie integracji omicznych wzmacnia interpretację: zgodność kierunków zmian w warstwie

transkryptomicznej i metabolomicznej oraz analiza potencjalnych regulatorów tworzą spójną narrację. Na tej podstawie praca wskazuje kandydatów na markery i kierunki dalszych badań.

7. Uwagi merytoryczne

Raportowana korelacja $r = 0,99$ między metabolomem a transkryptomem (Ryc. 6) budzi wątpliwości interpretacyjne. Przy $n = 4$ powtórzeniach biologicznych na warunek traktowania i wyraźnym rozdziale próbek na warunki kontrolne oraz w obecności $75 \mu\text{M}$ ABA, tak wysoka zgodność może przede wszystkim odzwierciedlać efekt warunku, a nie globalną zgodność sygnałów obu warstw omicznych. Po pierwsze, w integracji zastosowano metodę PLS-DA, co sprzyja silnemu rozdziłowi grup; korelowanie wyników próbek (scores) uzyskanych z modelu PLS-DA potrafi sztucznie zawyżać współczynnik korelacji, jeśli głównym źródłem zmienności jest „warunek”. Po drugie, z opisu metod nie wynika jednoznacznie co dokładnie korelowano oraz jaką miarę korelacji zastosowano — w tekście pojawia się wartość $r = 0,99$ oraz próg $r = 0,9$ dla wizualizacji powiązań, bez specyfikacji metryki (Pearson/Spearman), co utrudnia ocenę wyniku.

8. Uwagi edytorskie i terminologiczne

W autoreferacie konsekwentnie użyto angielskiego terminu „p-value” (np. „skorygowanym p-value $< 0,01$ ”; „p-value $\leq 0,05$ ”). Poprawna forma w języku polskim: „p-wartość” (np. „skorygowana p-wartość $< 0,01$ ”; „p-wartość $\leq 0,05$ ”). Ponadto drobne niespójności typograficzne jednostek i interpunkcji nie wpływają na odbiór treści.

9. Konkluzja i wniosek

W mojej ocenie rozprawa spełnia wymagania art. 187 ustawy – Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (oryginalność, poprawność metodologiczna, znaczenie wyników, poprawność formalna), a przedstawione publikacje i oświadczenia współautorów pozwalają na rzetelną ocenę wkładu własnego Doktorantki.

Rozprawę mgr Ewy Sybilskiej oceniam bardzo wysoko i składam wniosek do Rady Naukowej Instytutu Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach o przyjęcie rozprawy doktorskiej i dopuszczenie mgr Ewy Sybilskiej do publicznej obrony w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauki biologiczne.

Biorąc pod uwagę interdyscyplinarność i zakres wykonanych badań (fizjologia nasion, transkryptomika, metabolomika), umiejętność interpretacji wyników opartą na rzetelnie i poprawnie zrealizowanej warstwie bioinformatycznej, bogate i aktualne osadzenie w literaturze, wysoką jakość opracowania graficznego i edytorskiego oraz oryginalne ujęcie z centralną rolą CBC, które pozwala prześledzić ciąg przyczynowo-skutkowy od sygnału ABA do zmian w mRNA i fenotypu kiełkowania, a także spójność konstrukcji pracy i dobrze udokumentowany wkład własny Doktorantki **składam do Rady Naukowej Instytutu Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach wniosek o wyróżnienie rozprawy doktorskiej mgr Ewy Sybilskiej.** Zgłoszone w recenzji uwagi mają charakter doprecyzowujący i nie podważają bardzo wysokiej oceny całości. Aktywność

pozapublikacyjną Doktorantki oceniam jako ponadprzeciętną i spójną z tematyką rozprawy (regularne prezentacje konferencyjne, działania popularyzujące, staże i szkolenia) co dodatkowo uzasadnia wniosek o jej wyróżnienie.



prof. UPP dr hab. Aneta Sawikowska