

Prof. dr hab. Marcin Rapacz
Katedra Fizjologii, Hodowli Roślin i Nasiennictwa
Uniwersytet Rolniczy *im. H. Kołłątaja* w Krakowie

Recenzja rozprawy doktorskiej Pani mgr Ewy Sybilskiej

Podstawa prawna

Recenzja dotyczy rozprawy doktorskiej 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)”,* wykonanej przez Panią mgr Ewę Sybilską w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauki biologiczne. Rozprawa została przygotowana w jednostce afiliowanej przy Uniwersytecie Śląskim pod kierunkiem dr hab. Agaty Daszkowskiej-Golec, prof. UŚ. Niniejsza recenzja została sporządzona w związku z powołaniem mnie w dniu 27 czerwca 2025 przez Radę Dyscypliny Nauk Biologicznych Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach na recenzenta w postępowaniu o nadanie stopnia doktora Pani Ewie Sybilskiej.

Przedmiot rozprawy i jego znaczenie

Przedmiotem ocenianej rozprawy było zbadanie roli kwasu abscysynowego (ABA) w regulacji procesu kiełkowania nasion jęczmienia zwyczajnego, ze szczególnym uwzględnieniem funkcji jądrowego kompleksu wiążącego czapeczkę mRNA (CBC) w tym procesie. Tematyka ta ma duże znaczenie zarówno poznawcze, jak i potencjalnie praktyczne. ABA jest kluczowym fitohormonem odpowiedzialnym za regulację procesu spoczynku nasion. Choć hamująca rola ABA została dobrze udokumentowana, dotychczas brakowało szczegółowej wiedzy o molekularnych mechanizmach działania tego hormonu u zbóż, w tym u jęczmienia. Brakowało również informacji o szlakach regulacyjnych regulowanych w kiełkujących nasionach pod wpływem ABA. Jęczmień jest rośliną o dużym znaczeniu gospodarczym co uzasadnia to potrzebę podjęcia badań w tym zakresie.

Doktorantka podjęła ważne zagadnienie dotyczące mechanizmów sygnalizacji hormonalnej i kontroli rozwoju roślin. Zrozumienie, w jaki sposób kompleks CBC wpływa na reakcję nasion jęczmienia na ABA, może mieć dalekosiężne implikacje. Wyniki badań poszerzają istotnie wiedzę na temat regulacji procesu kiełkowania i spoczynku nasion. Dodatkowo z perspektywy praktycznej, lepsze poznanie tych mechanizmów może w przyszłości przełożyć się na opracowanie metod kontroli kiełkowania ziarniaków (np. zapobieganie porastaniu) lub poprawę tolerancji roślin na stresy abiotyczne. Reasumując, tematyka rozprawy jest istotna i aktualna, wpisuje się w nurt badań nad hormonalną regulacją rozwoju roślin oraz ich odpornością na niekorzystne czynniki środowiskowe. Fakt podjęcia tego zagadnienia oceniam bardzo pozytywnie.

Formalny aspekt rozprawy

Rozprawę stanowi cykl trzech powiązanych tematycznie publikacji naukowych:

Publikacja 1 (P1): *“Alternative splicing in ABA signaling during seed germination”*, Frontiers in Plant Science 14:1144990 (2023), której autorami są E. Sybilska i A. Daszkowska-Golec. Praca ta ma charakter przeglądowy i podsumowuje obecny stan wiedzy na temat roli alternatywnego splicingu w szlaku sygnalizacji ABA podczas kiełkowania nasion (co stanowi znakomite teoretyczne podłoże pod badania eksperymentalne podjęte w rozprawie).

Publikacja 2 (P2): *“The cap-binding complex modulates ABA-responsive transcript splicing during germination in barley (Hordeum vulgare)”*, Scientific Reports 14(1):18278 (2024), autorstwa E. Sybilskiej, A. Collin, B.S. Haddadi, L.A.J. Mur, M. Beckmann, W. Guo, C.G. Simpson i A. Daszkowskiej-Golec. Jest to oryginalna praca badawcza prezentująca wyniki eksperymentów dotyczących wpływu kompleksu CBC na profil transkryptomiczny kiełkujących nasion jęczmienia w odpowiedzi na ABA, ze szczególnym uwzględnieniem zmian w alternatywnym splicingu mRNA.

Publikacja 3 (P3): *“Mapping the molecular signature of ABA-regulated gene expression in germinating barley embryos”*, BMC Plant Biology 25(1):619 (2025), autorstwa E. Sybilskiej, B.S. Haddadi, L.A.J. Mur, M. Beckmann, S. Hryhorowicz, J. Suszyńskiej-Zajczyk, M. Knaur, A. Pławski i A. Daszkowskiej-Golec. Ten artykuł (bardzo świeży, opublikowany w 2025 roku) przedstawia kompleksową analizę zmian ekspresji genów regulowanych przez ABA w kiełkujących zarodkach jęczmienia. W pracy tej zastosowano nowatorskie podejście, łącząc klasyczne analizy transkryptomiczne z techniką *transkryptomiki przestrzennej* (Visium, 10× Genomics), dzięki czemu uzyskano mapę aktywności genów w różnych obszarach zarodka w warunkach obecności ABA.

Wszystkie trzy powyższe publikacje ukazały się w recenzowanych czasopismach o zasięgu międzynarodowym i dobrych wskaźnikach oddziaływania. Łączna suma ich Impact Factor z roku opublikowania wynosi 12,8. W polskim wykazie MNiSW dwie są wycenione na 140 pkt, a jedna - P1 na 100 pkt. Należy podkreślić, że we wszystkich publikacjach Pani Ewa Sybilska figuruje jako pierwszy autor, co świadczy o jej wiodącym wkładzie w planowanie badań, wykonanie eksperymentów oraz przygotowanie manuskryptów. Fakt pomyślnego opublikowania wyników w renomowanych czasopismach dowodzi również, że zastosowane metody badawcze i uzyskane rezultaty zostały pozytywnie zweryfikowane przez niezależnych recenzentów naukowych.

Omówienie opracowania podsumowującego rozprawę

Opracowanie podsumowujące zostało napisane w języku polskim. Zawiera ono streszczenia w języku polskim i angielskim, wykaz stosowanych skrótów, autoreferat i bibliografię. Objętość zasadniczej części tego opracowania jest umiarkowana i wynosi 54 strony maszynopisu. Ponadto zamieszczono też prace naukowe wchodzące w skład cyklu stanowiącego podstawę rozprawy doktorskiej oraz wykaz osiągnięć naukowych doktorantki.

Struktura tego opracowania jest logiczna i spójna. Jednakże, zapewne pomyłkowo, nie zachowano logiki numeracji, gdyż autoreferat (rozdział 6) zawiera jedynie podrozdział „Wprowadzenie” (rozdział 6.1). W faktycznym autoreferacie (rozdziały 6 – 11) zachowana została pełna spójność z publikacjami stanowiącymi rozprawę doktorską. Nie stwierdziłem żadnych rozbieżności czy nieścisłości między streszczeniem rozprawy a opublikowanymi wynikami.

Język autoreferatu jest poprawny i komunikatywny, a styl narracji odpowiednio formalny i rzeczowy. Ewa Sybilska posługuje się terminologią fachową z zakresu biologii molekularnej roślin

poprawnie i swobodnie. Tekst czyta się dobrze, choć miejscami pojawiają się drobne uchybienia językowe i stylistyczne (np. sporadyczne literówki, czy nieco zawile konstrukcje zdań). Nie wpływają one jednak znacząco na zrozumiałość wyводу.

Kompozycja edytorska autoreferatu nie budzi większych zastrzeżeń: układ jest przejrzysty, czcionki czytelne, rysunki i tabele są odpowiednio opisane i czytelne. Bibliografia jest obszerna i aktualna obejmując najważniejsze prace z ostatnich lat (w większości anglojęzyczne artykuły z renomowanych czasopism). Szacunkowo liczy ona nieco ponad 150 pozycji, co świadczy o umiejętności Autorki wyboru najbardziej istotnych i wartościowych źródeł, unikając nadmiernego gromadzenia dziesiątek pobocznych odniesień. Dane bibliograficzne są kompletne, znaleźć można jedynie drobne niekonsekwencje formatowania w kilku pozycjach (np. skróty nazw czasopism).

Tytuł pracy jest rozbudowany, lecz poprawnie oddaje treść i zakres badań. Zamieszczone streszczenia dobrze charakteryzują najważniejsze aspekty pracy.

Rozdział „Wprowadzenie” stanowi rzetelny przegląd literatury przedmiotu i punkt wyjścia do podjętych badań. Doktorantka szczegółowo przedstawiła aktualny stan wiedzy dotyczący roli ABA w procesie kiełkowania nasion, mechanizmów molekularnych sygnalizacji ABA oraz funkcji kompleksu CBC u roślin. Na początku omówiono krótko biologiczne znaczenie hamowania kiełkowania przez ABA w warunkach stresowych, zaznaczając, że mimo wielu dotychczasowych badań wciąż nie znamy wszystkich elementów tej skomplikowanej układanki sygnalizacyjnej. Następnie autorka przytoczyła najważniejsze ustalenia dotyczące molekularnych efektorów ABA w nasionach, m.in. opisała znane szlaki transdukcji sygnału ABA prowadzące do zahamowania kiełkowania i indukcji spoczynku. Doktorantka wskazała, że istotnym, a słabiej zbadanym aspektem jest poziom posttranskrypcyjny regulacji ekspresji genów przez ABA, w tym zwłaszcza wpływ ABA na proces alternatywnego splicingu mRNA (AS). W przeglądzie literatury słusznie podkreślono, że alternatywny splicing stanowi mechanizm zwiększający różnorodność transkryptów i może znacząco modyfikować odpowiedź nasion na ABA. Przytoczono wyniki prac wskazujących, że czynniki splicingowe oraz powstające w wyniku AS różne izoformy transkryptów mogą modulować dynamikę kiełkowania i wrażliwość na ABA. To płynnie prowadzi do tematyki kompleksu CBC. Autorka wyjaśniła, czym jest kompleks Cap-Binding Complex i jakie są znane funkcje CBC w komórce roślinnej (m.in. udział w dojrzywaniu mRNA, eksporcie transkryptów z jądra, inicjacji translacji, a także wpływ na efektywność splicingu). We „Wprowadzeniu” zwrócono uwagę na badania w modelu *Arabidopsis thaliana*, gdzie mutacje w genach kodujących CBC (np. mutant *abh1* w genie *CBP80*) wykazują fenotypy związane z sygnalizacją ABA co stanowiło ważną przesłankę do podjęcia podobnych badań u jęczmienia.

Autorka potrafiła krytycznie przedstawić literaturę, wskazując zarówno ustalone fakty, jak i obszary kontrowersyjne czy niewystarczająco zbadane (właśnie do tych ostatnich należy rola CBC). Świadczy to o tym, że Doktorantka w pełni orientuje się w najnowszych osiągnięciach naukowych w dziedzinie biologii nasion i sygnalizacji ABA. Nie ograniczyła się przy tym do prostego streszczenia źródeł, gdyż tekst ma charakter syntezujący i krytyczny. Na podstawie literatury uzasadniono, dlaczego postawione cele badawcze są ważne i w jaki sposób wyniki rozprawy mogą wypełnić istniejącą lukę poznawczą.

Należy stwierdzić, że Autorka dysponuje rozległą wiedzą teoretyczną z zakresu tematyki rozprawy i potrafi tę wiedzę wykorzystać do zbudowania solidnych podstaw dla własnych badań.

W autoreferacie Doktorantka prawidłowo sformułowała cel rozprawy i dostosowała do niego logiczny zestaw zadań badawczych, a postawione hipotezy były pełne i właściwe. Celem głównym rozprawy było poznanie molekularnych mechanizmów sygnalizacji ABA podczas

kiełkowania jęczmienia, ze szczególnym uwzględnieniem roli kompleksu CBC. Cel ten wynika bezpośrednio ze zidentyfikowanej luki w wiedzy i został osadzony w kontekście aktualnego stanu badań. Doktorantka zrealizowała cel główny poprzez wyznaczenie serii konkretnych zadań badawczych, które składają się na spójny plan eksperymentalny. Do szczegółowych celów można zaliczyć m.in.: (1) określenie wpływu mutacji w genach kodujących podjednostki CBC na zdolność kiełkowania nasion w obecności ABA (analizy fizjologiczne kiełkowania), (2) zbadanie zmian ekspresji genów oraz zdarzeń alternatywnego splicingu (AS) w kiełkujących zarodkach jęczmienia w odpowiedzi na ABA w zależności od obecności/braku kompleksu CBC (analizy transkryptomowe), oraz (3) zidentyfikowanie potencjalnych interakcji sygnałowych pomiędzy szlakiem ABA a szlakami dla innych hormonów roślinnych w czasie kiełkowania (integracja danych transkryptomowych z analizami metabolomicznymi, w tym dotyczącymi hormonów z grupy brasinosteroidów).

Sformułowane cztery hipotezy badawcze były adekwatne do powyższych celów i wynikały z przesłanek literaturowych. W pracy wyszczególniono cztery hipotezy. Hipoteza H1 zakładała, że kompleks CBC uczestniczy w regulacji ekspresji genów na poziomie posttranskrypcyjnym, w szczególności kontrolując alternatywne splicing mRNA podczas odpowiedzi nasion na ABA. Hipoteza H2 dotyczyła roli kompleksu CBC w modulowaniu interakcji pomiędzy szlakiem sygnalizacji ABA a innymi fitohormonami, co wpływa na kontrolę zdolności kiełkowania nasion jęczmienia. Hipoteza H3 zakładała, że ABA indukuje specyficzne zmiany w ekspresji genów i metabolomie w kiełkujących zarodkach jęczmienia, pełniąc funkcję sygnału molekularnego, który koordynuje reakcje adaptacyjne i interakcje fitohormonalne w odpowiedzi na stres. Hipoteza H4 głosiła, że ekspresja genów zależnych od ABA wykazuje tkankową specyficzność w różnych obszarach kiełkujących zarodków jęczmienia.

Wszystkie hipotezy zostały sformułowane w sposób logiczny i były weryfikowalne zaproponowanymi metodami. Co istotne, uzyskane wyniki w pełni je potwierdziły.

W rozdziale „Materiał badawczy, warunki eksperymentalne i metody” szczegółowo przedstawiono przebieg eksperymentów oraz zastosowane różnorodne i komplementarne metody badawcze. Przedstawiono charakterystykę materiału biologicznego, opisano warunki kiełkowania oraz sposób pobierania materiału do badań. Opisano procedurę izolacji całkowitego RNA, oceny jakości i ilości materiału oraz przygotowania bibliotek do sekwencjonowania RNA. Przedstawiono informacje dotyczące technologii sekwencjonowania, platformy użytej w analizie oraz liczby uzyskanych odczytów. Opisano proces mapowania odczytów na referencyjny transkryptom jęczmienia oraz analizę różnicowanej ekspresji genów i zdarzeń alternatywnego splicingu. Opisano też sposób przeprowadzenia walidacji wybranych wyników RNA-seq za pomocą metody qRT-PCR, w tym dobór genów referencyjnych i starterów. Scharakteryzowano też sposób analiz metabolomu, integracji danych transkryptomowych i metabolomicznych oraz analizy porównawczej transkryptomów. Omówiono też zastosowaną technikę transkryptomiki przestrzennej. Sposób przedstawienia użytych metod badawczych świadczy o jej bardzo dobrej znajomości przez Doktorantkę oraz wskazuje na to, że Doktorantka faktycznie odegrała wiodącą rolę przy przeprowadzaniu części eksperymentalnej swojej pracy.

Następnie w autoreferacie znajdziemy rozdział, w którym Doktorantka syntetycznie podsumowała i przedyskutowała najważniejsze wyniki swoich badań. Rozdział ten został przygotowany bardzo dobrze, stanowi jasne zamknięcie klamrą całej pracy i pokazuje zdolność Autorki do krytycznej interpretacji uzyskanych danych w szerokim kontekście biologicznym.

Część końcowa autoreferatu zawiera jednoznacznie sformułowanych siedem wniosków wpływających z przeprowadzonych badań. Są one zwarte, ale jednocześnie obejmują całość uzyskanych rezultatów. Wnioski odpowiadają na pytania postawione w pracy: potwierdzają istotną rolę kompleksu CBC w reakcjach kiełkowania na ABA, wskazują na zidentyfikowane mechanizmy (kontrola alternatywnego splicingu, modulacja crosstalk hormonalnego) oraz podkreślają nowatorstwo tych ustaleń. Sformułowania wniosków są precyzyjne i wyczerpujące.

Ocena merytorycznej wartości rozprawy

Nie ma potrzeby, abym jako recenzent rozprawy doktorskiej szczegółowo streszczał tutaj każdą z prac stanowiących rozprawę doktorską, ani wchodził w rolę recenzenta wydawniczego. Pozwolę sobie jednak podkreślić najważniejsze ich osiągnięcia w kontekście całości rozprawy.

Publikacja 1 dostarcza gruntownej analizy teoretycznej wskazującej, że alternatywny splicing jest integralnym elementem odpowiedzi nasion na ABA i że mógłby być potencjalnym punktem kontrolnym modulowanym przez różne czynniki (w domyśle, także przez kompleks CBC).

Publikacja 2 przedstawia przekonujące dowody eksperymentalne na rolę kompleksu CBC w kontroli alternatywnego splicingu transkryptów ABA-regulowanych podczas kiełkowania jęczmienia. W pracy tej po raz pierwszy wykazano, że brak obu podjednostek CBC (w podwójnym mutancie *hvb20.ab/hvb80.b*) powoduje istotne zmiany w profilach splicingowych wielu genów w odpowiedzi na ABA, w porównaniu do roślin dzikich. Wyniki te są przełomowe, gdyż sugerują istnienie nowego poziomu regulacji sygnalizacji ABA na etapie posttranskrypcyjnym. Ponadto, P2 raportuje, że mutacja CBC wpływa także na globalną ekspresję genów ABA-regulowanych (liczba genów różnicowanie eksprymowanych wzrasta) oraz na fenotyp kiełkowania: u podwójnego mutantu zniesiony zostaje hamujący efekt ABA na kiełkowanie (nasiona kiełkują pomimo obecności hormonu). To ostatnie odkrycie jest bardzo istotne, gdyż wskazuje, że obie podjednostki CBC pełnią w pewnym stopniu redundantne, kompensacyjne role. Pojedyncze mutanty *cbp20* lub *cbp80* są nadal wrażliwe na ABA, ale wyeliminowanie obu naraz skutkuje utratą tej wrażliwości. Innymi słowy, CBC okazuje się kluczowym czynnikiem warunkującym odpowiedź kiełkowania na ABA.

Publikacja 3 uzupełnia obraz wynikający z P2, rozszerzając go o analizę przestrzenno-metaboliczną. W P3 Doktorantka skupiła się na mapowaniu zmian ekspresji genów ABA-regulowanych w obrębie zarodka jęczmienia. Zastosowanie technologii *Visium Spatial Gene Expression* pozwoliło na zidentyfikowanie, w których regionach zarodka aktywują się określone geny w odpowiedzi na ABA, a jak to wygląda w przypadku mutantu pozbawionego CBC. Co więcej, w połączeniu z analizą metabolitów hormonów, praca ta wykazała istotną interakcję między szlakiem ABA a szlakiem brasinosteroidów (BR). U podwójnego mutantu *cbp20/80* stwierdzono podwyższony poziom prekursora aktywnego brasinosteroidu, co sugeruje, że w braku CBC następuje wzmocnienie biosyntezy BR. Jednocześnie w transkryptomie zaobserwowano zmiany wskazujące na przełączenie części odpowiedzi hormonalnej z ABA na szlak BR. To bardzo interesujące spostrzeżenie, sugeruje bowiem, że kompleks CBC pośrednio reguluje równowagę hormonalną: najwyraźniej w normalnych warunkach pośredniczy on w odpowiedzi na ABA, natomiast bez CBC roślina może kompensacyjnie uruchamiać szlak brasinosteroidów, co pomaga kiełkować mimo obecności ABA. Wyniki P3 w sposób komplementarny potwierdzają wcześniejsze hipotezy (m.in. H2 o interakcji ABA z innymi hormonami) i nadają im szerszy biologiczny kontekst. Ciekawym i nowatorskim spostrzeżeniem jest również to, że odpowiedź kiełkujących zarodków jęczmienia na

egzogenny ABA wykazuje zróżnicowanie przestrzenne, czego przejawem jest specyficzna ekspresja genów w różnych tkankach zarodka.

Ogólnie rzecz biorąc, cykl publikacji Ewy Sybilskiej stanowi spójną i niezwykle wartościową całość. Każda z prac rzuca światło na inny aspekt głównego problemu badawczego, a razem tworzą one kompleksowy obraz. Dwie publikacje doświadczalne (P2 i P3) dostarczają twardych danych empirycznych, zaś poprzedzający je artykuł przeglądowy (P1) wzmacnia te wyniki od strony teoretycznej. Chciałabym również zaznaczyć, że poza wymienionymi pracami stanowiącymi trzon rozprawy, Ewa Sybilska jest współautorką innych publikacji o tematyce pokrewnej. Świadczy to o jej szerokiej aktywności naukowej i umiejętności współpracy w różnych projektach, jednakże nie wpływa bezpośrednio na ocenę rozprawy jako takiej.

Podsumowanie oceny

Przedłożona rozprawa doktorska jest dojrzałym i wartościowym opracowaniem naukowym, które wnosi istotny wkład w poznanie mechanizmów działania kwasu abscysynowego podczas kiełkowania nasion jęczmienia. Wszystkie założone cele badawcze zostały zrealizowane, a wyniki pracy w pełni potwierdziły postawione hipotezy. Zastosowane metody dobrano odpowiednio do stawianych pytań badawczych. Świadczy to o wysokich kompetencjach metodologicznych Doktorantki. Na podstawie przeprowadzonych eksperymentów udało się wypracować całościowy model opisujący, w jaki sposób kompleks CBC reguluje odpowiedź kiełkowania na ABA, m.in. poprzez wpływ na alternatywny splicing kluczowych genów oraz na równowagę między sygnałami ABA a brasinosteroidami. Wyniki te cechują się oryginalnością, gdyż do tej pory rola kompleksu CBC w tym kontekście nie była znana.

Doktorantka wykazała się rozległą wiedzą teoretyczną, umiejętnością krytycznego myślenia oraz samodzielnością w rozwiązywaniu złożonych problemów badawczych. Jej rozprawa napisana jest w sposób merytoryczny, klarowny i profesjonalny. Nieliczne uwagi krytyczne, które sformułowałem (dotyczące głównie aspektów formalnych, takich jak styl redakcyjny czy sugestie dodatkowych ułatwień dla czytelnika), mają charakter drobnych wskazówek i nie wpływają na ogólną, bardzo wysoką ocenę pracy.

Stwierdzam, że rozprawa doktorska mgr Ewy Sybilskiej spełnia wszystkie wymagania zawarte w art. 187, §1-4 ustawy z dnia 18 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz.U. 2024 poz. 1571). Rozprawa doktorska prezentuje ogólną wiedzę teoretyczną kandydatki w dyscyplinie nauki biologiczne oraz umiejętność samodzielnego prowadzenia pracy naukowej. Przedmiotem rozprawy jest oryginalne rozwiązanie problemu naukowego. Stanowi ją zbiór opublikowanych i powiązanych tematycznie artykułów naukowych. Do rozprawy doktorskiej dołączono streszczenie w języku angielskim i języku polskim.

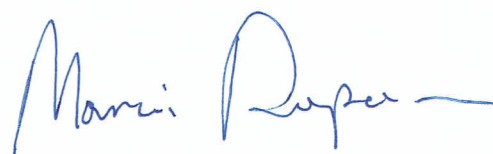
Autorka podjęła ważny temat, poprawnie zdefiniowała jego teoretyczne podstawy, dobrała właściwe metody i uzyskała nowe, cenne wyniki. Interpretując je, wykazała się wnikliwością oraz dojrzałością naukową. Jestem przekonana, że wyniki rozprawy przyczynią się do rozwoju wiedzy w zakresie biologii nasion i sygnalizacji hormonalnej u roślin. **Ocenianą rozprawę doktorską opiniuję jednoznacznie pozytywnie i wnoszę do Rady Naukowej Instytutu Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach o dopuszczenie pracy do publicznej obrony.**

Rozprawa doktorska mgr Ewy Sybilskiej spełnia nie tylko wymagania określone w art. 187 ustawy Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce, ale także odznacza się cechami uzasadniającymi jej wyróżnienie.

Praca cechuje się wysokim poziomem oryginalności, zarówno pod względem przyjętej problematyki badawczej, jak i zastosowanych nowoczesnych metod biologii molekularnej i bioinformatyki. Zintegrowane podejście do badań nad sygnalizacją ABA z uwzględnieniem elementów translacyjnej kontroli ekspresji genów poprzez kompleks CBC stanowi istotny wkład w rozwój wiedzy z zakresu biologii roślin. Szczególną wartość ma również opublikowanie wyników w renomowanych czasopismach o zasięgu międzynarodowym.

Rozprawa została przygotowana z dużą starannością merytoryczną i edytorską, a sposób prezentacji zagadnień świadczy o dojrzałości badawczej Autorki. Wyniki badań mają też potencjał aplikacyjny w zakresie poprawy odporności nasion zbóż na czynniki stresowe, co dodatkowo zwiększa wartość pracy.

W związku z powyższym wnioskuję o wyróżnienie rozprawy doktorskiej zgodnie z procedurą określoną w zarządzeniu Rektora UŚ nr 62/2025.

A handwritten signature in blue ink, appearing to read 'Marii Rupa', followed by a horizontal line.