



Zofia Szwejkowska-Kulińska, Prof. Dr Hab.

Poznań, 8.06. 2025

Recenzja pracy doktorskiej mgr Izabeli Perkowskiej zatytułowanej “*Rola i mechanizm regulacji ekspresji genów kodujących dioksygenazy w adaptacji roślin do wzrostu i rozwoju w warunkach panujących na łądzie*”

Przedstawiona do recenzji praca doktorska została przygotowana w Zakładzie Ochrony i Biotechnologii Roślin Międzyuczelnianego Wydziału Biotechnologii Uniwersytetu Gdańskiego i Gdańskiego Uniwersytetu Medycznego pod opieką prof. dr hab. Ewy Łojkowskiej (promotor) i dr Anny Ihnatowicz (promotor pomocniczy). Praca dotyczy badań nad wzajemnymi zależnościami pomiędzy genotypami rośliny modelowej *Arabidopsis thaliana* (rzodkiewnik pospolity), abiotycznymi i biotycznym stresami środowiskowymi, a metabolizmem wtórnym i poziomem metabolitów wtórnych, w tym w szczególności z fenylopropanoidami, które odgrywają istotną rolę w strategiach adaptacyjnych roślin do niekorzystnych warunków środowiskowych. Autorka skupiła się nad kumarynami – związkami wykazującymi właściwości chelatujące jony żelaza, a także mającymi działanie antyoksydacyjne i przeciwdrobnoustrojowe. Łącząc ze sobą różne podejścia omiczne, Autorka postanowiła odpowiedzieć na kilka pytań, które były celem Jej pracy doktorskiej:

1. Zbadanie korelacji między akumulacją kumaryn, genotypami roślin (naturalne akcesje i mutanty) oraz czynnikami stresu środowiskowego (w tym dostępność żelaza i obrona przed patogenami) by lepiej zrozumieć adaptacje metaboliczne i reakcję na stres *A. thaliana*.
2. Przeprowadzenie kompleksowej analizy sieci regulacyjnej, kontrolującej przełączanie między biosyntezą kumaryn i lignin w *A. thaliana* w warunkach stresu osmotycznego i niskiego pH, z zastosowaniem zintegrowanych podejść transkryptomicznych i metabolomicznych.
3. Charakterystyka funkcjonalna dwóch dioksygenaz *A. thaliana* DOXC21-A, jej NAT (Natural Antisense Transcript) i DOXC21-B potencjalnie zaangażowanych w orto-hydroksylację prekursorów kumaryny i ligniny.
4. Charakterystyka UDP-glukozylotransferazy 79B9 *A. thaliana* zaangażowanej w odpowiedź rośliny na niedobór żelaza i reakcję na stres osmotyczny.

W moim przekonaniu Kandydatka wszystkie te cele zrealizowała, poszerzając naszą wiedzę na temat roli metabolitów wtórnych syntetyzowanych przez szlak fenylopropanoidowy w odpowiedzi na stresy abiotyczne i biotyczne.

W pierwszej pracy, opublikowanej w *Molecules*, Autorka pomierzyła zawartość kumaryn w 28 akcesjach *A. thaliana* stosując ultrawysokosprawną chromatografię cieczową sprzężoną ze spektrometrią mas (UHPLC-MS). Badania wykazały duże różnice w zawartości kumaryn

zarówno w liściach jak i korzeniach roślin. Skopoletyna i jej glikozylowana forma są obecne w największych ilościach w tkankach *Arabidopsis*, a obecność umbelliferonu w korzeniach tej rośliny została udokumentowana po raz pierwszy. Natomiast obecność eskuletyny i eskuliny zidentyfikowano jedynie w ilościach śladowych jedynie w niektórych akcesjach. Chciałabym zapytać o stabilność kumaryn podczas ekstrakcji – czy mają podobną czy różną stabilność, która może rzutować na izolowane ilości poszczególnych kumaryn? Kumaryny są syntetyzowane w korzeniach. Ich obecność w liściach wskazuje na ich transport na dalekie odległości z korzeni do pędu i funkcje inne niż wspomaganie pobierania substancji odżywczych, najprawdopodobniej związanych z ich rolą jako antyoksydantów i związków zapobiegających infekcjom. Czy znany jest sposób transportu kumaryn z korzeni do liści? Głębsza analiza wskazała, że akumulacja kumaryn może być efektem zmienności genetycznej w akcesjach, a także efektem selekcji ekologicznej w adaptacji roślin do różnych warunków środowiskowych. Prace były prowadzone na akcesjach *Arabidopsis thaliana* z Europy, Ameryki Północnej, Azji i Afryki. W podsumowaniu pracy, jak również w opublikowanym artykule, nie poświęcono wystarczająco dużo uwagi koncepcji, w jaki sposób wybrano 28 akcesji. W artykule znajduje się krótkie wyjaśnienie, że akcesje można podzielić według czynników klimatycznych, takich jak maksymalna wysokość npm, średnia minimalna temperatura zimowa, średnia maksymalna temperatura letnia i średnie roczne opady. Należy również pamiętać, że wszystkie rośliny analizowano jako 34-dniowe rośliny, uprawiane najpierw na podłożu stałym (10 dni), a potem płynnym (24 dni), a zatem wszystkie rośliny były bardzo zestresowane. Według mnie, trudno mówić to o naturalnej odpowiedzi tych roślin. Zaobserwowano zmienność genetyczną w warunkach reakcji na stres dla wszystkich akcesji. Jak wyglądały rośliny po zakończeniu wzrostu w podłożu płynnym? Chciałabym uzyskać komentarz od Kandydatki na ten temat.

Powyższe wyniki opublikowano w czasopiśmie *Molecules*, autorami tej pracy jest 8 osób, a rola IP w sekcji „Wkład autorów” przedstawiała się następująco: **I.P.**, J.S. and A.O.; investigation, **I.P.**, J.S., A.O. and J.G.; writing—original draft preparation, **I.P.**, E.L. and A.I.; writing—review and editing. Główna rola Kandydatki jest widoczna, nie brała Ona udziału w tworzeniu koncepcji tej pracy.

Z uwagi na otrzymane wyniki, Kandydatka postanowiła zbadać wpływ kumaryn (chelatujących żelazo) na wydajność infekcji *A.thaliana* bakterią *Dickeya* spp, która wiadomo, że produkuje siderofory chelatujące żelazo. Do badań wykorzystano ekotyp *A.thaliana* Col-0 w formie dzikiej i dwa mutanty, z których jeden niósł uszkodzenie w kluczowym genie biosyntezy kumaryn, a drugi w transporcie kumaryn do ryzosfery. Rośliny hodowano w warunkach podaży i braku podaży jonów żelaza w warunkach hydroponiki, a także w dwóch, znacząco różniących się składem chemicznym glebach naturalnych, głównie stopniem zasolenia. Wyselekcjonowano również do badań dwa szczepy *Dickeya* spp. - referencyjny i bardziej wirulentny (*D. dadantii* 3937 i *D. solani* IFB0099). Powtórzono badania przeprowadzone już wcześniej, które potwierdziły, że brak jonów żelaza wpływa stymulująco na ekspresję genów związanych z syntezą i transportem kumaryn, a także potwierdzono wzrost stężenia wybranych kumaryn. Jednak mutanty roślin niosące uszkodzenia w genach biosyntezy kumaryn *F6'H1* lub *S8H*, charakteryzowały się większą

podatnością na infekcję bakteryjną niż rośliny typu dzikiego rosnące w warunkach niedoboru żelaza.

Rośliny rosnące na glebie naturalnej niezasolonej rosły prawidłowo (WT, i mutanty *f6'H1*, *s8h* i *pdr9*), natomiast na glebie zasolonej radziły sobie znacznie gorzej, często obumierając. Co ciekawe, w glebie z większym zasoleniem mutant *pdr9* (uszkodzony transport kumaryn do ryzosfery) wykazywał najłagodniejsze symptomy zakażenia bardziej wirulentnym szczepem *Dickeya* spp. Natomiast w glebie mniej zasolonej wszystkie mutanty charakteryzowały się łagodniejszymi efektami zakażenia wirulentnym szczepem niż rośliny typu dzikiego.

Obserwacje te wydają się bardzo ciekawe, zwłaszcza w kontekście faktu, że nie obserwowano takich różnic w przypadku infekcji referencyjnym szczepem *Dickeya* spp. Ciekawa byłaby zdania Kandydatki na temat dalszych doświadczeń jakie należałoby wykonać by zrozumieć opisany wynik. Co ciekawe, w teście wzrostu bakterii na płytkach CAS-agar (Chrom Azurol S) bakterie bardziej wirulentne lepiej chelatowały żelazo w obecności homogenatu z roślin *f6'h1* w porównaniu do zazwyczaj gorszej zdolności chelatowania jonów Fe (II) przez *D. dadantii* 3937. Czy jest jakieś racjonalne wytłumaczenie tego faktu?

Ważnym jednak wnioskiem z tych prac jest ten, że kumaryny ograniczają zdolności infekcyjne *Dickeya* spp. poprzez ograniczanie podaży żelaza dla bakterii. Wydaje się więc zasadnym wniosek Doktorantki, że badania te mogą mieć wpływ na hodowlę odmian bardziej odpornych na infekcję poprzez zwiększenie ilości kumaryn w roślinach. Należy jednak pamiętać, że kumaryny nie są uważane za zdrowe, zwłaszcza w większych dawkach (ograniczają krzepliwość krwi, mają właściwości hepatotoksyczne). Natomiast przyjmowane w niewielkich dawkach mogą mieć pozytywny wpływ na organizm człowieka, ponieważ działają przeciwzakrzepowo i przeciwbakteryjnie. Jestem ciekawa o jakich dawkach mówimy w przypadku zwiększenia zawartości kumaryn w roślinach (zestresowanych) w kontekście dawek szkodliwych dla zdrowia człowieka?

Wyniki te zostały opublikowane w Int. J. Mol. Sci. gdzie Kandydatka jest pierwszą autorką i była główną wykonawczynią doświadczeń.

W kolejnej pracy postanowiono bardziej zgłębić powiązania gen – metabolit w kontekście biosyntezy kumaryn, wykorzystując przy tym podejście omiczne: ukierunkowane profilowanie metabolitów, analizę ekspresji genów i sekwencjonowanie genomowe. Wybrano trzy akcesje *A.thaliana* różniące się zawartością wybranych kumaryn (skopoletyny i umbelliferonu oraz ich glikozylowanych pochodnych skopoliny i skimminy) i przebadano ich zawartość w korzeniach i liściach roślin rosnących na pożywce płynnej i w glebie. Zgodnie z oczekiwaniem zaobserwowano najwyższe stężenia badanych kumaryn w korzeniach roślin hodowanych *in vitro* na pożywce płynnej, jak również w roślinach rosnących w glebie gdzie stężenia te były znacząco niższe w liściach niż w korzeniach. Co ciekawe, zawartość kumaryn była zdecydowanie najniższa w japońskiej akcesji Tsu-1 (Tsushima 1). Analiza ekspresji wybranych genów Tsu-1 związanych z biosyntezą kumaryn pokazuje, że jeden z nich (*F6'H2/ACT2*) ulega bardzo niskiej ekspresji zarówno w korzeniach roślin hodowanych *in vitro* jak i w glebie. Jestem ciekawa czy przebadano i porównano promotory lub czynniki transkrypcyjne wiążące się z promotorami genów *F6'H2/ACT2* pochodzących z różnych akcesji?

Wyniki te zostały opublikowane w pracy, która ukazała się w BMC Biology, a Kandydatka jest w niej trzecią autorką. W tej pracy Pani Izabela Perkowska nie odegrała znaczącej roli jako eksperymentatorka i zastanawiam się czy praca ta nie powinna się znaleźć bardziej w Jej dorobku naukowym niż w samym doktoracie: „IP analyzed data, contributed to the manuscript writing, was a major contributor in figures preparation.” Nie do końca rozumiem co się kryje pod hasłem „przeanalizowała dane”. Bardzo proszę o wyjaśnienie podczas obrony pracy.

Główną część pracy doktorskiej stanowią badania dotyczące roli i mechanizmu genów *DOXC21-A*, jego cis- antysensownego RNA (*NAT*) i genu *DOXC21-B* w adaptacji roślin do warunków lądowych. Są to dwa paralogi dioksygenaz z klasy C zależnych od kwasu 2-oksoglutarynowego. Tworzą one osobny kład w drzewie filogenetycznym genów kodujących dioksygenazy z grupy DOXC, a ich ortologi występują u przedstawicieli mszaków, paprotników, nagonasiennych i innych gatunków roślin okrytonasiennych. Autorka wskazuje, że geny te w drzewie filogenetycznym dioksygenaz *A.thaliana* sąsiadują z kładem obejmującym dioksygenazy dotąd badane przez Doktorantkę i związane z biosyntezą kumaryny (*F6'H1*, *F6'H2* i *S8H*). Stało się to impulsem do wykonania badań nad tymi dwiema dioksygenazami. Zastosowane zostało kompleksowe podejście do tego problemu: wykorzystano mutanty KO genów *DOXC21-A* i *NAT* oraz *DOXC21-B* i hodowano rośliny w warunkach stresu niedoboru substancji odżywczych, chłodu i stresu oksydacyjnego, suszy, zarówno w warunkach hydroponiki jak i stosując dwa rodzaje gleby. Przeprowadzono badania RNAseq, potwierdzono ekspresję wybranych genów RT-qPCR. Ponadto oba geny poddano heterologicznej nadekspresji by sprawdzić ich aktywność *in vitro* i *in vivo* w ekspresji przejściowej w *N.benthamiana*.

Przeprowadzona przez Kandydatkę analiza ekspresji badanych genów wykazała, że *DOXC21-A* ulega w warunkach normalnego wzrostu większej ekspresji w pędzie niż w korzeniu, podczas gdy *DOXC21-B* ulega ekspresji równomiernej w różnych częściach rośliny. Natomiast pod wpływem warunków stresu abiotycznego ekspresja obu genów zmienia się znacząco, mianowicie pierwszy z nich ulega indukcji pod wpływem chłodu, a światło UV silnie hamuje jego ekspresję. Natomiast drugi z nich (*DOXC21-B*) ulega silnej indukcji w obecności światła UV. Oba ulegają nieznacznej indukcji w pędach pod wpływem suszy. Dla obu genów wykonano sieć oddziaływań białko-białko stosując program STRING i proponując interaktory. Warto zauważyć, że grupa interaktorów jest różna za wyjątkiem białek związanych z biosyntezą gibereliny GA1.

Przeanalizowano zachowanie się badanych zmutowanych roślin w stresie suszy. Choć zdziwił mnie wybór akurat tego stresu abiotycznego z uwagi na wyniki analizy ekspresji obu genów w tych warunkach (Ryc. 3A), to jednak zaobserwowano znaczące różnice w tolerancji niedoboru wody wśród badanych mutantów: *doxc21-A* okazał się najwrażliwszy na niedobór wody podczas gdy mutanty *nat* i *doxc21-B* znacząco lepiej znoszą stres suszy. Obserwacje te znalazły swoje potwierdzenie w parametrach takich jak wartość świeżej masy, zawartość wody w liściach, zdolność do regeneracji po rehydratacji czy stabilność błon komórkowych. Prześledzenie szczegółowe ekspresji *DOXC21-A* i *DOXC21-B* w roślinach typu dzikiego w warunkach niedoboru wody wykazało, że pierwszy z nich ulega silnej ekspresji, a drugi nie

ulega zmianie gdy rośliny rosną w glebie, natomiast w warunkach *in vitro* silnej ekspresji, niezależnie od warunków, ulegał *DOXC21-B*. Bardzo dobrze, że Doktorantka takie badania wykonała, gdyż na podstawie analizy ekspresji genów z zastosowaniem mikromacierzy ekspresyjnej nie wybrałabym tego stresu do dalszych badań. Co skłoniło Kandydatkę do przyjrzenia się jednak stresowi niedoboru wody?

Analiza ekspresji genów *DOXC21-A* i *DOXC21-B* w tle mutantów *nat1* i *nat2* przyniosła zaskakujące wyniki: w tle mutantu *nat2* ekspresja *DOXC21-A* była znacząco podwyższona, natomiast w tle mutantu *nat1* ekspresja *DOXC21-A* ulegała redukcji. Jeśli dobrze rozumiem Ryc. 1A, to *DOXC21-A* generuje dwie izoformy mRNA, a mutacja *nat2* uszkadza 5' UTR izoformy *DOXC21-A.1* podczas gdy mutacja *nat1* tego efektu nie niesie. Czy badała Pani poziom ekspresji obu izoform razem czy niezależnie? Mogłoby to dać pewne wyjaśnienia co do roli *NAT*. Obie insercje T-DNA w *NAT* wpływają znacząco na promotor genu *DOXC21-A*. Czy sądzi Pani, że w przypadku mutantu *nat2* ekspresja może być pod kontrolą promotora z T-DNA, a w przypadku *nat1* już nie? Czy w takim razie prawdziwy efekt roli *NAT* widzielibyśmy w mutancie *nat1*? Tyle że oba mutanty *nat* tak samo lepiej znoszą niedobór wody niż rośliny typu dzikiego, a różnie wpływają na poziom ekspresji *DOXC21-A*. Czy w mutancie *doxc21-a* widzi Pani ekspresję *NAT*? Czy ma Pani jakieś wytłumaczenie tej obserwacji?

NAT zawiera sekwencję o bardzo dużym podobieństwie do *ath-miR844*. Czy rejon otaczający tę sekwencję tworzy strukturę spinki do włosów, co mogłoby uprawdopodobnić hipotezę, że *NAT* generuje aktywny *miR844*? Bądź też, czy któraś z insercji T-DNA w *NAT* niszczy sekwencję *miR844*/strukturę spinki do włosów, z której mógłby być generowany mikroRNA? I jeszcze jedno pytanie: czy sekwencja *miR844* nachodzi na 5'UTR *DOXC21-A*, a jeśli tak, to jak długi jest rejon generujący potencjalny dwuniciowy RNA o idealnej komplementarności na poziomie transkryptów?

Badania *in vitro* opisanych wyżej mutantów poddanych stresowi osmotycznemu w niskim pH, symulującym niedobór substancji odżywczych wskazały na wielką wrażliwość mutantu *doxc21-a* do życia w tych warunkach, natomiast mutanty *nat1* i *nat2* radziły sobie w tych warunkach stresowych lepiej niż rośliny WT. Wyniki te sugerowałyby, że *NAT* jest negatywnym regulatorem odpowiedzi roślin na stres. Pomiary świeżej masy badanych roślinnych mutantów wykazały najmniejszy przyrost masy w tle *doxc21-a*, a największy w tle *nat1*. Z kolei pomiar zawartości antocyjanów, wskazał na podwyższoną zawartość w mutancie *doxc21-a*, a w stresie nie zmieniał się w żadnym z badanych mutantów. Przeprowadzono analizę RNA seq dla roślin WT, *doxc21-a*, *nat1* i *nat2* rosnących w warunkach kontrolnych i stresu osmotycznego, i wyłoniono geny ulegające różnicowej ekspresji (DEG). Mutant *doxc21-a* wykazał najwyższą liczbę genów, które uległy represji pod wpływem stresu. W opisie analizy DEG nie rozumiem jednego zdania: „Interestingly, in *nat2* mutant line expression level of *DOXC21-A* was significantly upregulated in comparison to all other lines including COL-0 WT, *nat1* and *nat2* ko.” Czym różni się mutant *nat2* od mutantu *nat2* ko?

Analiza porównawcza różnicowej ekspresji genów pomiędzy mutantami i typem dzikiem wskazała na interesujące różnice w signalingu hormonalnym, odpowiedzi na stres i produkcję

drugorzędowych metabolitów. Co intrygujące, różnice w ekspresji genów zaobserwowano porównując między sobą mutanty *nal* i *nat2*. Nadal ciekawa jestem bardzo wytłumaczenia tego faktu.

Autorka dokonała również analizy zdarzeń alternatywnego splicingu, alternatywnej inicjacji (TSS) i terminacji transkrypcji (TTS). Wśród zidentyfikowanych zdarzeń obserwowanych w mutantach vs roślina dzika dominowały alternatywne TSS, TTS i IR (zatrzymanie intronu). To ostatnie jest typowe w roślinach poddanych stresowi. Różnice pewne w częstości tych zdarzeń zaobserwowano również pomiędzy mutantami *doxc21-a*, *nal* i *nat2*. Zmiany te zaobserwowano przede wszystkim w transkryptach genów związanych z regulacją transkrypcji, odpowiedzią na stres i procesami metabolicznymi.

Przeanalizowano również metabolity roślin WT i mutantów rosnących w warunkach kontrolnych i stresu osmotycznego. Co ciekawe, mutanty *nat2* akumulowały w dużej ilości metabolity powstałe na ścieżce metabolicznej związanej z syntezą fenylopropanoidów. Niestety, badania nad aktywnością obu dioksygenaz (DOXC21-A i DOXC21-B) w układzie heterologicznym nie przyniosły rozstrzygnięcia co do ich enzymatycznej aktywności. Czy są te enzymy bezpośrednio zaangażowane w syntezę kumaryn – czy raczej pośrednio, pozostaje do wyjaśnienia.

Praca ta, w przygotowaniu do druku nie została jeszcze opublikowana (przynajmniej niewidoczna w bazie danych PubMed). Jest to praca wieloautorska, a Kandydatka jest pierwszą autorką, współodpowiedzialną za koncepcję pracy, metodykę, przeprowadzenie badań, analizę danych i przygotowanie wstępnej wersji manuskryptu.

Piąta praca, w przygotowaniu, zaprezentowana w pracy doktorskiej dotyczy charakterystyki glukozylotransferazy 79B9 *A.thaliana* zaangażowanej w odpowiedź rośliny na niedobór żelaza i stres osmotyczny. Dotychczas rola tego białka była zupełnie nieznana. Transkrypt kumuluje się w korzeniach, gdzie zachodzi biosynteza kumaryn. Podobnie jak w poprzedniej pracy, wykonano przejściową nadekspresję *AthUGT79B9* w *N.benthamiana*, przeanalizowano mutanty KO, a także uzyskane linie komplementujące i nadekspresyjne tego genu pod kątem drugorzędowych metabolitów w korzeniach i ich eksudatach i odpowiedzi roślin na stresy niedoboru wody i osmotyczny. Wyniki pokazały, że badana glukozylotransferaza jest nie tylko związana z odpowiedzią rośliny na niedobór żelaza ale i na stres suszy: mutanty z unieczynnioną glukozylotransferazą *UGT79B9* lepiej tolerowały niedobór wody w glebie niż rośliny typu dzikiego i nadekspresyjne. W różnych warunkach podaży jonów Fe, zauważalne były zmiany w metabolitach glikozylowanych pochodzących z flawonoli, fenylopropanoidów i kumaryn. Zaobserwowano również wspólne cechy metaboliczne w korzeniach i eksudatach badanych genotypów roślin uprawianych w warunkach niedoboru Fe *in vitro*. Doktorantka sugeruje, że *UGT79B9* może działać jako przełącznik metaboliczny w odpowiedzi na stres osmotyczny i niedobór Fe, potencjalnie wpływając na akumulację metabolitów wtórnych, takich jak kumaryny, zaangażowanych w tolerancję na stres.

W przygotowywanej pracy Kandydatka jest pierwszą Autorką, współprojektowała badania, przeprowadziła eksperymenty, analizowała dane i brała udział w pisaniu manuskryptu. Do wszystkich zaprezentowanych prac współwykonawcy zadeklarowali swój udział w pracach, zasadniczo pokrywający się z opisem udziału w opublikowanych lub



przygotowanych do publikacji pracach. W pracach tych, udział Kandydatki jest wyraźnie opisany i ogólnie uważam, że znaczący dla wykonanych prac.

Praca doktorska jest napisana ładnym, jasnym językiem, po angielsku. Prace są skoncentrowane wokół zrozumienia procesów biosyntezy kumaryn w odpowiedzi na stresy biotyczne i abiotyczne, takie jak infekcja bakteriami *Dickeya ssp.*, niedobór żelaza (chelatowanego przez kumaryny), susza i stres osmotyczny. Uzyskane wyniki po części przyczyniają się do lepszego zrozumienia roli kumaryn i ich indukowanej biosyntezy, ale także, z uwagi na „omiczne” podejście, otwierają nowe pola eksploracji tej tematyki. Praca poszerza naszą wiedzę dotyczącą roli dioksygenaz i glukozylotransferaz w biosyntezie kumaryn i ich roli w adaptacji roślin do warunków środowiska lądowego. Choć prace wykonano na modelowej roślinie *A.thaliana*, to z uwagi na zachowawczość ewolucyjną badanych genów można je wykorzystać w badaniach wybranych roślin użytkowych. Wyniki, które oceniłam powyżej zawarto w trzech opublikowanych już pracach oraz w dwóch manuskryptach praktycznie gotowych do wysłania, co uznaję za satysfakcjonujące i ponadprzeciętne na poziomie pracy doktorskiej. Zwracam się zatem do Rady Dyscypliny Biotechnologia Uniwersytetu Gdańskiego o nadanie mgr Izabeli Perkowskiej stopnia doktora w dziedzinie nauki ścisłe i przyrodnicze w dyscyplinie biotechnologia.

Zofia Szweykowska-Kulińska