

Warszawa, 14. 09. 2023 r.

Dr hab. Joanna Gruszczyńska, prof. SGGW
Katedra Genetyki i Ochrony Zwierząt
Instytut Nauk o Zwierzętach
Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

RECENZJA

rozprawy doktorskiej mgr inż. Sonii Hiller
pt. „Analiza polimorfizmu genów kodujących białka z rodziny katelicydyn w odniesieniu do cech użytkowości bydła”

Niniejszą recenzję pracy doktorskiej sporządziłam na zlecenie Rady Dyscypliny Zootechnika i Rybactwo Zachodniopomorskiego Uniwersytetu Technologicznego w Szczecinie zgodnie z pismem L.dz. WBiHZ/95/2023 z dnia 17 lipca 2023r. na podstawie otrzymanego egzemplarza pracy doktorskiej.

Praca doktorska została wykonana w Katedrze Genetyki pod kierunkiem dr hab. Ingi Kowalewskiej, prof. ZUT (promotor).

1. Formalna ocena pracy

Przedłożona mi do oceny praca doktorska spełnia wymagania postawione pracom naukowym w dziedzinie nauk rolniczych, dyscyplinie zootechnika i rybactwo. Niniejsza praca została przygotowana w formie cyklu publikacji powiązanych tematycznie. Zasadniczą część manuskryptu (30 stron) stanowi podsumowanie publikacji, wchodzących w skład dysertacji, składające się z następujących rozdziałów: „Streszczenie” w jęz. polskim i angielskim (każde prawie na 2 strony), „Wstęp”, „Hipoteza badawcza i cel pracy”, „Materiał i metody”, „Wyniki i omówienie publikacji wchodzących w skład rozprawy doktorskiej”, „Podsumowanie i wnioski”, „Literatura”, „Spis rycin”, „Załączniki”. Spis publikacji wykorzystanych do rozprawy doktorskiej oraz wykaz stosowanych skrótów poprzedzają ogólny wstęp. Spis literatury obejmuje 28 pozycji w jęz. angielskim. Kolejność poszczególnych rozdziałów i podrozdziałów jest właściwa, co świadczy o przemyślanej koncepcji pracy doktorskiej. Poszczególne rozdziały i podrozdziały stanowią zwarty materiał informacyjno-wynikowy, osadzony w piśmiennictwie naukowym związanym z realizowanym tematem pracy doktorskiej. Na końcu manuskryptu umieszczono 5 publikacji naukowych (36 stron), które stanowią podstawę rozprawy doktorskiej wraz z oświadczeniami Pani mgr inż. Sonii Hiller i współautorów pracy zespołowej (7 stron), wskazujące na ich wkład w realizację badań do pracy doktorskiej Pani mgr inż. Sonii Hiller. Podstawą recenzowanej rozprawy

doktorskiej są publikacje wieloautorskie w liczbie 5, które ukazały się w latach 2020, 2022, 2023:

1. Hiller S., Kowalewska-Łuczak I., Czerniawska-Piątkowska E. 2020. Associations between *CATHL2* gene polymorphism and milk production traits and somatic cell count in dairy cattle. *Russian Journal of Genetics*, 56 (3), 383-386. DOI:10.1134/S1022795420030072.
2. Hiller S., Kowalewska I. 2022. Identification of single nucleotide polymorphism within *bactencin-5* and *bactencin-7* coding genes in association with milk production traits. *Acta Scientiarum Polonorum Zootechnica*, 21 (4), 17-22. DOI:10.21005/asp.2022.21.4.02.
3. Hiler S Kowalewska I. 2022. Polymorphism in *BMAP-27* and *BMAP-28* genes and their relationship with milk production traits in cattle. *Folia Pomeranae Universitatis Technologiae Stetinensis*, 366 (65), 29-35. DOI:1021005/AAPZ2023.65.1.3.
4. Hiller S., Kowalewska I., Czerniawska-Piątkowska E., Banaszewska D. 2023. Analysis of the effect of polymorphism within the *CATHL7* gene on dairy performance parameters. *Journal of Veterinary Research*, 67, 123-129. DOI: 10.2478/jvetres-2023-0018.
5. Hiller S., Kowalewska I., Czerniawska-Piątkowska E., Wrzecińska M., Banaszewska D. 2023. *CATHL2* polymorphism and milk production and reproductive traits in dairy cattle. *Animal Science Papers and Reports*, 41 (1),27-38.

Sumaryczny współczynnik wpływu Impact Factor (IF) wg bazy Journal Citation Reports (JCR) powyższych publikacji zgodny z rokiem ukazania się pracy wynosi **3,827**.

Sumaryczna liczba punktów czasopism naukowych wg listy czasopism obecnie Ministerstwa Edukacji i Nauki (MEiN), a do 1 stycznia 2021r. Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego (MNiSW), powyższych publikacji jest zgodna z wykazem list czasopism punktowanych z roku: 2020, 2022, 2023 dla cyklu prac wynosi **340 punktów**. Pragnę przy okazji zwrócić uwagę, że na stronie 4 Doktorantka, błędnie zakwalifikowała publikację nr 1., jako tę będącą na liście Ministerstwa Edukacji i Nauki, gdyż w 2020 r. było to jeszcze Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego.

Dobór publikacji jest właściwy tematycznie i merytorycznie związany z tematem dysertacji doktorskiej i nie budzi zastrzeżeń. Wszystkie publikacje mają charakter wieloautorski. Należy jednak podkreślić, że Pani mgr Sonia Hiller we wszystkich ww publikacjach jest pierwszym autorem, a Jej udział został określony od 50% do 70% (tj. publikacja nr 1. – udział 60%, nr 2. – 70%, nr 3. 70%, nr 4. – 55%, nr 5. – 50%).

Współautorzy powyższych publikacji, w zamieszczonych oświadczeniach, potwierdzili, że Doktorantka pełniła wiodącą i znaczącą rolę w tworzeniu koncepcji badań, planowaniu doświadczeń, przeprowadzeniu analiz genetycznych, planowaniu koncepcji pracy, analizie statystycznej i interpretacji uzyskanych wyników, napisaniu manuskryptu i przygotowaniu publikacji do druku, ponadto wypełniała wszystkie obowiązki spoczywające na autorze korespondencyjnym. Fakt ten świadczy o dużej samodzielności naukowej Pani mgr inż. Sonii Hiller.

2. Ocena merytoryczna pracy

Rozprawa doktorska mgr inż. Sonii Hiller dotyczy bardzo ważnego zagadnienia współczesnej zootechniki, jakim jest poszukiwanie powiązania polimorfizmów w obrębie genów kodujących białka z rodziny katelicydyn z cechami użytkowości bydła. Informacje o związku polimorfizmów w obrębie badanych genów (*CATHL2*, *CATHL3*, *CATHL5*, *CATHL6*, *CATHL7*) z cechami użytkowości bydła będą mogły zostać wykorzystane w doskonaleniu genetycznym tych cech u badanego gatunku.

W dość syntetycznym wstępie dysertacji Autorka dokonała charakterystyki katelicydyn, ich roli jaką odgrywają w układzie immunologicznym bydła, możliwości wykorzystania ich jako alternatywnej profilaktyki, jak i leczenia różnych chorób. Katelicydyny mogą zostać wykorzystane jako markery pozwalające na identyfikację subklinicznego, czy też klinicznego *mastitis*, a także w selekcji wspomaganą markerami, jako cenne narzędzie wspierające standardowe programy hodowlane.

Pani mgr inż. Sonia Hiller postawiła następującą hipotezę badawczą: Polimorfizmy zidentyfikowane w obrębie genów: *CATHL2*, *CATHL3*, *CATHL5*, *CATHL6*, *CATHL7* mogą potencjalnie wpływać na właściwości i działanie kodowanych peptydów. Można zatem założyć, iż może mieć to związek z cechami użytkowości bydła mlecznego. Mam drobną uwagę co do postawionego celu podjętych badań. Autorka pisze: „Celem pracy była analiza polimorfizmów występujących w obrębie genów: *CATHL2*, *CATHL3*, *CATHL5*, *CATHL6*, *CATHL7* u bydła mlecznego rasy polskiej holsztyńsko-fryzyjskiej odmiany czarno-białej oraz ustalenie potencjalnych zależności pomiędzy genotypami analizowanych fragmentów genów a cechami użytkowości bydła mlecznego.” Mam uwagę do sformułowania „...genotypami analizowanych fragmentów genów...” jest to niezręczność językowa, gdyż genotyp ma dany osobnik a nie gen. Końcowa część zdania też powinna być zmieniona, gdyż Doktorantka nie analizowała powiązań genotypów zwierząt ze wszystkimi cechami użytkowości bydła mlecznego, tylko z wybranymi cechami. Dlatego też proponuję przereformułowanie celu pracy

na następujący „... genotypami zwierząt pod względem badanych genów a wybranymi cechami użytkowości bydła mlecznego”.

Przedstawiona mi do oceny dysertacja jest wynikiem kilkuletnich badań prowadzonych przez mgr inż. Sonię Hiller w dwóch stadach bydła rasy holsztyńsko-fryzyjskiej odmiany czarno białej, będącej pod oceną Polskiej Federacji Hodowców Bydła i Producentów Mleka. Publikacja pierwsza i piąta dotyczyła badań wykonanych z wykorzystaniem materiału badawczego pobranego od krów ze stada znajdującego się w Polsce zachodniej i liczącego, odpowiednio 543 krów (publikacja 1.), będących w pierwszej laktacji i 539 krów (publikacja 5.), będących w 4 laktacji. Natomiast w publikacji 2, 3, 4 pobrano materiał badawczy od 279 krów ze stada znajdującego się w województwie opolskim, od krów znajdujących się w drugiej laktacji. Krowy były żywione „standardowo” w stadzie opisywanym w pierwszej i piątej publikacji (poproszę o wyjaśnienie co to znaczy wg Pani Doktorantki „standardowo”), a w stadzie opisywanym w publikacji 2, 3, 4 przy użyciu systemu Total Mixed Ration (TMR). Udoju dokonywano dwa razy dziennie przy użyciu mechanicznej dojarki.

Pani mgr inż. Sonia Hiller wykorzystując zestaw komercyjny wyizolowała genomowy DNA z krwi krów, pobranej z żyły jarzmowej, przeprowadziła analizę jakości otrzymanych izolatów. Przy wykorzystaniu programu Primer 3 zaprojektowała do reakcji PCR stosowne startery, a następnie dokonała symulacji programem NEBCutter cięcia wybranymi enzymami restrykcyjnymi odpowiednich miejsc SNP w badanych sekwencjach następujących genów: *CATHL2*, *CATHL3*, *CATHL6*, i *CATHL7*. Dla każdej pary starterów zostały dobrane specyficzne warunki łańcuchowej reakcji polimerazy. Po uzyskaniu produktu PCR Doktorantka zastosowała w metodzie PCR-RFLP specyficzne enzymy restrykcyjne dedykowane odpowiedniemu SNP w badanych genach.

Oceniając pracę należy podkreślić, że metody laboratoryjne a także analizy bioinformatyczne zastosowane w badaniach zostały przemyślane i właściwie dobrane, dzięki czemu umożliwiły poprawne przeprowadzenie badań. Godna podziwu jest pracowitość Pani mgr inż. Sonii Hiller, gdyż wyizolowała Ona DNA od 822 osobników, wykonała około 2500 reakcji PCR, nie licząc tych, które musiała wykonać ustalając warunki termiczne reakcji, a także około 2500 reakcji cięcia produktu PCR specyficznymi enzymami restrykcyjnymi. Zarówno produkty PCR jak i produkty cięcia endonukleazami musiały zostać poddane rozdziałowi elektroforetycznemu, co także wymagało od Doktorantki umiejętności posługiwania się metodami laboratoryjnymi i czasu, który musiała poświęcić dokonując analiz laboratoryjnych.

Dane na temat użytkowości mlecznej krów zostały Doktorantce udostępnione, dzięki temu mogła ona użyć je do przeprowadzenia analiz statystycznych i wykorzystać w pracy doktorskiej. Na podstawie otrzymanych danych oszacowała podstawowe parametry statystyczne takie jak średnia arytmetyczna i odchylenie standardowe. Niestety w pracy Doktorantka nie wspomina w rozdziale „Materiał i metody”, że obliczyła frekwencję poszczególnych alleli i genotypów, a takie wyniki obliczeń zostały zawarte w każdej publikacji. W analizach statystycznych Doktorantka wykorzystwała informacje dotyczące wybranych cech i parametrów takich jak: wydajność mleczna, zawartość procentowa białka i tłuszczu, stosunek tłuszczu względem białka, zawartość laktozy oraz liczba komórek somatycznych. W przypadku jednego polimorfizmu *CATHL2/MseI* w badaniach uwzględniono: okres między wycieleniowy, okres między ciążowy, długość trwania ciąży, długość okresu zasuszania, okres spoczynku poporodowego, okres usługi inseminacyjnej oraz indeks inseminacyjny.

Wszystkie analizy statystyczne wykonano z wykorzystaniem programu Statistica v.12 (Statsoft).

Na podstawie przeprowadzonych badań w poprawny i przejrzysty sposób Doktorantka opisała otrzymane wyniki w rozdziale „Wyniki- omówienie publikacji wchodzących w skład rozprawy doktorskiej”. Natomiast w poszczególnych publikacjach Doktorantka w sposób poprawny przeprowadziła dyskusję własnych badań, szczegółową analizę wyników odnosząc je zarazem do literatury naukowej. Wykonując badania do pracy doktorskiej i pisząc pracę doktorską Pani mgr inż. Sonia Hiller wykazała się dużym zrozumieniem tematyki badań.

Wykorzystując metodę PCR-RFLP w analizie polimorfizmu wybranych genów: *CATHL2*, *CATHL3*, *CATHL6*, i *CATHL7* u rasy bydła holsztyńsko-fryzyjskiej zastosowała następujące enzymy restrykcyjne: gen *CATHL2*: – enzym *MseI* – (publikacja 1. i 5.), enzymy: *HhaI*, *DdeI* i *RsaI* (publikacja 2.), gen *CATHL3* – enzymy: *TspI*, *NlaII*, *HinfI* (publikacja 2.), gen *CATHL5* – enzym *TaqI* (publikacja 3.), gen *CATHL6* – enzymy *TspRI*, *RsaI* (publikacja 3.), gen *CATHL7* – enzymy *HhaI*, *HinfI* (publikacja 4.), wykazując dla każdego badanego polimorfizmu dwa allele.

Doktorantka dowiodła, iż:

- Istnieją wysoko istotne lub istotne ($P \leq 0,01$, $P \leq 0,05$) różnice między liczbą komórek somatycznych w mleku krów heterozygotycznych, i obu rodzajów homozygot pod względem polimorfizmów: *CATH2/MseI*, *CATH2/HhaI*, *CATH2/RsaI*, *CATHL6/TspRI*. U osobników heterozygotycznych zaobserwowano najniższą liczbę komórek somatycznych w mleku.

Autorka sugeruje, że osobniki heterozygotyczne pod względem ww polimorfizmów powinny być preferowane w programach selekcyjnych.

- Występują wysoko istotne lub istotne ($P \leq 0,01$, $P \leq 0,05$) różnice między osobnikami o genotypach: *CATHL2/MseI* – GA, *CATHL6/RsaI* – GG, *CATH7/HhaI* – CC, a pozostałymi osobnikami pod względem wydajności mlecznej i liczbie komórek somatycznych. Osobniki o wspomnianych genotypach miały wyższą wydajność i jednocześnie mniejszą liczbę komórek somatycznych.

- wysoko istotnie wyższą zawartość białka i istotnie wyższą zawartość laktozy w mleku jednocześnie z tendencją najmniejszej liczby komórek somatycznych w mleku u krów o genotypie CC pod względem polimorfizmu *CATHL7/Hinfl*.

- Badając związek polimorfizmu *CATHL2/MseI*, zaobserwowała tendencję do pogorszenia parametrów rozrodu bydła mlecznego kosztem wysokiej wydajności mlecznej, jednak różnice między osobnikami o określonych genotypach nie były istotne statystycznie.

Wnioski odnoszą się do przeprowadzonych badań, mają charakter ogólny, w większości trafnie odpowiadają na cele postawione w pracy.

3. Uwagi krytyczne i dyskusyjne

Język pracy jest poprawny, jakkolwiek zauważa się drobne nieścisłości w tekście, które jednak nie umniejszają wartości naukowej niniejszej pracy.

W tekście pojawiają się rusycyzmy, Doktorantka stosuje często określenie „dla” np.: wniosek 5. – „...Dla krów o genotypach heterozygotycznych zaobserwowano tendencje...”, a powinno być „u krów”, czy wniosek 6. „... dla większości badanych polimorfizmów...”, a powinno być „... pod względem większości badanych polimorfizmów...”

Nasuwają się także następujące uwagi:

Dotyczące

Do rozdziału 2. Wstęp:

- str. 12 wątpliwości budzi określenie „mleko mastisowe” – powinno być „mleko mastitisowe”

- str. 13 zdanie „Wykorzystanie metod biologii molekularnej w badaniach zootechnicznych umożliwia poprawienie efektów hodowlanych, dzięki wykorzystaniu markerów molekularnych, które są powiązane z wybranymi cechami użytkowymi zwierząt.” Bardzo proszę Doktorantkę o przybliżenie, jakie efekty hodowlane miała na myśli?

Do rozdziału 3. Materiał i metody:

- str. 16 – brak dokładnego opisu lokalizacji badanych stad. Nie jest to uwzględnione ani w opisie podsumowującym w dysertacji, ani w publikacjach. Z publikacji 1 i 5 dowiadujemy się, że jedno stado jest z zachodniej Polski, a z 2., 3. i 4. publikacji, że drugie stado pochodzi z województwa opolskiego. Taki opis uważam za zbyt skąpy. Ponadto, Doktorantka w opisie żywienia zwierząt badawczych nadmieniła, że wykorzystano system TXM, jest to błędny skrót od Total Mixed Ration, powinno być TMR. Jednakże w publikacjach 1. i 5. Doktorantka zamieściła informacje, że zwierzęta były żywione standardowo, a wiosną i lato spędzały na pastwisku, natomiast stado opisane w publikacjach 2., 3., 4. w oborze wolnostanowiskowej. Czyli dwa stada były utrzymywane w różnym systemie i były różnie żywione. Bardzo proszę Doktorantkę o wyjaśnienie, co miała na myśli pisząc w publikacjach 1. i 5. - „żywione standardowo”?

W charakterystyce materiału badawczego/zwierzęcego Doktorantka nie podała, jakie było spokrewnienie w danym stadzie, czy były grupy półsióstr? Obecność takich grup może zmienić obraz sytuacji i obciążyć tym wyniki i wnioskowanie.

Ani w opisie, ani w publikacjach nie zamieszczono informacji, gdzie wykonywano badania molekularne, w opisie brakuje informacji odnośnie rodzaju zestawu komercyjnego, jaki został wykorzystany do izolacji DNA, rodzaju termocyklera, w podsumowaniu nie podano w ilu % żelu agarozowym dokonywano rozdzielania elektroforetycznego.

- str. 17 - określenie „parametry mleczne” jest skrótem myślowym

- str. 17 - w analizach statystycznych nie uwzględniono czynników stado, rok, sezon, a jest to konieczne, gdyż nie jest to możliwe, aby wszystkie osobniki z badanych stad były utrzymywane w jednej oborze. Są też różnice jeśli chodzi o nr laktacji branej/ych do analiz. W publikacji 1. widnieje informacja, że wyniki produkcyjne krów badanych w 1. publikacji pochodzą od krów z pierwszej laktacji, a w 5 publikacji z czterech laktacji, natomiast dopiero w czwartej publikacji dowiadujemy się, że krowy z publikacji 2, 3 i 4 były w drugiej laktacji.

Do rozdziału 4 Wyniki i omówienie publikacji wchodzących w skład rozprawy doktorskiej

- str. 19 Ad. publikacja 1.

Proszę, aby Pani Doktorantka wytłumaczyła następujący wynik swoich analiz - zwierzęta o genotypie AA wykazywały istotnie wyższą zawartość % białka i wyższą zawartość % tłuszczu. Proszę to zjawisko wyjaśnić w kontekście ujemnej korelacji pomiędzy tymi cechami.

- str. 20 Ad. publikacja 2.

Ta sama uwaga i pytanie dotyczy polimorfizmu: *CATHL2/DdeI*, gdzie zwierzęta o genotypach AA i AT miały najwyższą zawartość % białka i % tłuszczu ($p > 0,01$).

-str. 21. Ad publikacja 3.

Podobna uwaga i pytanie dotyczy polimorfizmu *CATHL6/TspRI*, gdzie stwierdzono najwyższą zawartość % tłuszczu i białka u osobników o genotypie TT ($p > 0,01$).

Str. 21 – ostatnie zdanie wymaga przeredagowania, uważam, że stwierdzenie „... odnotowano istotność statystyczną...” jest skrótem myślowym. Powinno być „... różnice były statystycznie istotne...”

- str. 23. Ad. Publikacja 5.

Podobna uwaga i pytanie dotyczy polimorfizmu *CATHL2/MseI*, gdzie w kolejnych laktacjach stwierdzono istotnie wyższą zawartość % tłuszczu i białka u osobników o genotypie AA.

Proszę wytłumaczyć czym to może być spowodowane?

-str. 23 . Mam drobną uwagę do sformułowania „ ilość dni”, powinno być „liczba dni”.

Cennym wydaje mi się stwierdzenie Doktorantki w ostatnim zdaniu, gdzie zwraca uwagę czytelnika na fakt niekorzystnego wpływu wysokiej wydajności bydła mlecznego na wskaźniki rozrodu.

Do Rozdziału 6. Podsumowanie i wnioski

W dwóch ostatnich wnioskach znajduję pewien dysonans i prosiłabym Doktorantkę o wyjaśnienie. A mianowicie Doktorantka pisze we wniosku 5. że: u krów heterozygotycznych pod względem badanych polimorfizmów zaobserwowano tendencje do wysokiej wydajności mlecznej, przy jednocześnie wysokiej zawartości białka, tłuszczu i laktozy w mleku oraz niskiej liczbie komórek somatycznych w mleku. Jednak we wniosku 6. Zaznacza, że krowy o genotypach homozygotycznych pod względem badanych polimorfizmów wykazywały najwyższą zawartość tłuszczu i laktozy.

W jednym ze zdań na str. 25 znajduje się powtórzenie słów „w hodowli bydła”.

Uwagi do rozdziału 7. Literatura

W tekście pominięto 1 publikację ze spisu literatury – pozycja nr 15 Kowalczyk i wsp., 2018.

Niestety Autorka w spisie literatury nie zamieściła cytowania programów bioinformatycznych i baz danych.

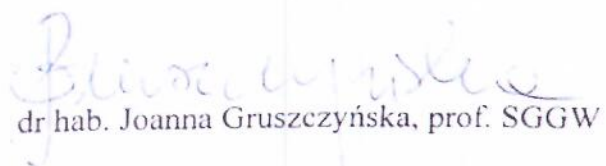
Uważam za zbędne zamieszczenia „Spisu rycin”, skoro Doktorantka zamieściła w tej części pracy tylko 1 rycinę.

4. Podsumowanie i wniosek końcowy

Pracę doktorską pt. „Analiza polimorfizmu genów kodujących białka z rodziny katelicydyn w odniesieniu do cech użytkowości bydła”, autorstwa Pani mgr inż. Soni Hiller oceniam pozytywnie. Stanowi ona oryginalny, znaczący, o znamionach innowacyjności dorobek naukowy. Rozprawa wnosi do literatury przedmiotu wiele istotnych, udokumentowanych informacji w zakresie m.in. identyfikacji polimorfizmów w obrębie genów *CATHL2*, *CATHL3*, *CATHL5*, *CATHL6*, *CATHL7*, a także możliwości późniejszego wykorzystania określonych alleli w doskonaleniu genetycznym cech związanych z użytkownością bydła. Stwierdzam, że Doktorantka ma dobre przygotowanie merytoryczne, w wystarczającym stopniu opanowała metody badawcze zarówno laboratoryjne jak i bioinformatyczne. Na podkreślenie zasługuje fakt, iż we wszystkich artykułach naukowych odgrywała wiodącą rolę, co podkreślają współautorzy ww artykułów. O ogromnej pracowitości Doktorantki świadczą także liczby przeprowadzonych analiz laboratoryjnych.

Stwierdzam, że przedstawiona mi do oceny rozprawa naukowa spełnia wymogi stawiane kandydatom ubiegającym się o stopień naukowy doktora nauk rolniczych, dyscyplina zootechnika i rybactwo, określone w Ustawie z dnia 14 marca 2003 roku o stopniach i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. z 2003 r. Nr 65, poz.595 z późniejszymi zmianami; tj. Dz. U. z 2014 r. poz. 1852, tekst jedn. Dz. U. z 2017 r., poz.1789), a w przypadku, gdy rozprawę doktorską stanowi samodzielna i wyodrębniona część pracy zbiorowej zgodnie z § 6 ust.5 Rozporządzenia Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 19 stycznia 2018r. w sprawie szczegółowego trybu i warunków przeprowadzania czynności w przewodzie doktorskim, w postępowaniu habilitacyjnym oraz postępowaniu o nadanie tytułu profesora (Dz. U. 2018 poz. 261) – zgodnie z art.179 ust. 1 ustawy z dnia 3 lipca 2018 r. „Przepisy wprowadzające ustawę – Prawo o szkolnictwie wyższym (Dz. U. z 2018r. poz.1669).

W związku z powyższym przedkładam Wysokiej Radzie Dyscypliny Zootechnika i Rybactwo Zachodniopomorskiego Uniwersytetu Technologicznego w Szczecinie wniosek o dopuszczenie mgr inż. Sonii Hiller do dalszych etapów przewodu doktorskiego.


dr hab. Joanna Gruszczyńska, prof. SGGW

