

Zakład Fitopatologii

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin –

Państwowy Instytut Badawczy

Radzików

Recenzja

rozprawy doktorskiej **mgr Klaudii Goriewej-Duby**

pt. **„Zmienność fenotypowa i genotypowa mieszańców pszenicy
zwyczajnej i orkiszu oraz wybranych gatunków pszenicy”**

wykonanej pod kierunkiem Promotora: prof. dr hab. Mariana Wiwarta

na Wydziale Kształtowania Środowiska i Rolnictwa Uniwersytetu

Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie

1. Ogólna charakterystyka rozprawy

Rozprawa doktorska mgr Klaudii Goriewej-Duby pt. „*Zmienność fenotypowa i genotypowa mieszańców pszenicy zwyczajnej i orkiszu oraz wybranych gatunków pszenicy*” jest 88-stronicowym opracowaniem. Na początku pracy znajduje się spis treści oraz *Streszczenie* i *Abstract* w języku angielskim. W opracowaniu wyróżniono 7 rozdziałów; *Wstęp, Materiał roślinny, Hipotezy badawcze i cele prowadzonych badań, Najważniejsze wyniki przeprowadzonych badań, Podsumowanie uzyskanych wyników i wnioski, Wybrane pozycje piśmiennicwa... oraz Wykaz publikacji składających się na pracę doktorską*. Załączniki (publikacje z dodatkowymi informacjami, oświadczenie Doktorantki, oświadczenia współautorów) umieszczono w wersji elektronicznej na płycie.

Na pracę doktorską składają się trzy publikacje opublikowane w języku angielskim w czasopiśmie naukowych:

1. Goriewa-Duba, K., Duba, A., Wachowska, U., & Wiwart, M. (2018). The Never-Ending Story of the Phylogeny and Taxonomy of Genus *Triticum* L. *Russian Journal of Genetics*, 54(12), 1429-1437. Impact Factor=0.559.

2. Goriewa-Duba, K., Duba, A., Wachowska, U., Wiwart, M. (2018). An Evaluation of the Variation in the Morphometric Parameters of Grain of Six *Triticum* Species with the Use of Digital Image Analysis. *Agronomy* 8(12): 296. Impact Factor=2.259.
3. Goriewa-Duba, K., Duba, A., Kwiatek, M., Wiśniewska, H., Wachowska, U., Wiwart, M. (2018). Chromosomal distribution of pTa-535, pTa-86, pTa-713, 35S rDNA repetitive sequences in interspecific hexaploid hybrids of common wheat (*Triticum aestivum* L.) and spelt (*Triticum spelta* L.). *PloS One* 13(2): e0192862. Impact Factor=2.776.

W pracach tych Doktorantka jest pierwszym autorem, w dwóch autorem korespondencyjnym. Zgodnie z oświadczeniami ma we wszystkich udział większościowy.

W 5-stronicowym Wstępie przedstawiono filogenezę i taksonomię rodzaju *Triticum* (omówienie publikacji 1), zróżnicowanie fenotypowe i genotypowe pszenicy, badania cytogenetyczne pszenicy, znaczenie reliktowych gatunków pszenic oraz mieszańce pszenicy z orkiszem. Na następnej stronie opisano materiał roślinny wykorzystany w badaniach przedstawionych w publikacjach 2 i 3. Na kolejnej stronie zaprezentowano hipotezy badawcze i cele prowadzonych badań. Następnie na 4 stronach przedstawiono najważniejsze wyniki badań. Na zakończenie zredagowano rozdział zatytułowany: *Podsumowanie uzyskanych wyników i wnioski*. Całość rozprawy zamyka spis wybranych najważniejszych pozycji literatury. W spisie tym znajduje się 38 pozycji; w tym 36 - z angielskojęzycznym tytułem. Większość cytowanych prac zostało opublikowane w ostatnich latach. Na zakończenie przedstawiono trzy publikacje składające się na pracę doktorską wraz z oświadczeniami Doktorantki oraz współautorów publikacji.

2. Ocena szczegółowa rozprawy

W pierwszym podrozdziale Wstępu przedstawiono filogenezę i zagadnienia związane z różnymi systemami taksonomicznymi gatunków z rodzaju *Triticum*. Jest to w skrócie omówienie pierwszej publikacji przeglądowej: „The never-ending story of the phylogeny and taxonomy of genus *Triticum* L.”. Doktorantka opisuje znaczenie allopoliploidyacji w ewolucji roślin uprawnych a przede wszystkim rodzaju *Triticum*, na który składają się gatunki di-, tetra- oraz heksaploidalne. Następnie omówione jest pochodzenie i ewolucja głównych gatunków uprawnych z rodzaju *Triticum*: płaskurki (*Triticum turgidum* ssp. *dicoccum*), pszenicy twardej

(*T. t. ssp. durum*), pszenicy samopszy (*T. monococcum ssp. monococcum*), orkisz (*T. aestivum ssp. spelta*) i pszenicy zwyczajnej (*T. a. ssp. aestivum*).

Doktorantka podaje, że pierwszym udomowionym gatunkiem był *T. t. ssp. dicoccoides*, bezpośredni przodek pszenicy płaskurki. Należałoby dodać, że w zbliżonym czasie udomowiono również pszenicę samopszą pochodzącą z tego samego regionu geograficznego. Przodkiem samopszy był dziki gatunek *T. m. ssp. aegilopoides*. Doktorantka używa tu synonimu *T. boeoticum*. Nazwa ta należy do innego systemu nazewnictwa (wg. Dorofiejewa) niż użyty w podrozdziale (wg. Mac Key/van Slageren). Tymczasem w publikacji we fragmencie dotyczącym pochodzenia pszenicy samopszy użyta jest nazwa *T. m. ssp. aegilopoides*.

Doktorantka pisze: „Wcześniej uważano, że płaskurka również dała początek heksaploidalnej pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum ssp. aestivum* L.) na drodze hybrydyzacji z diploidalnym gatunkiem *Aegilops tauschii* (Dvorak et al. 1998) (donorem genomu D). Obecnie uważa się jednak, że to heksaploidalna pszenica orkisz (*Triticum aestivum ssp. spelta* L., $2n=42$, genomy BBAADD) jest taksonem, z którego na drodze mutacji powstała najpowszechniej uprawiana dziś pszenica zwyczajna (Golovnina et al. 2007; Dvorak et al. 2012).” Stwierdzenie to jest to skrótem myślowym nie do końca zgodnym z np. publikacją Dvorak i in. (2012). Według jej autorów początek pszenicy zwyczajnej dała tetraploidalna nieoplewiona pszenica poprzez hybrydyzację z *Ae. tauschii*. Potomny heksaploidalny gatunek był oplewiony i na skutek mutacji przekształcił się w pszenicę zwyczajną. Nie był on tożsamy z orkiszem, jako gatunkiem a jedynie do populacji heksaploidalnej niewymłacalnej pszenicy z Iranu.

W dalszej części podrozdziału (również w publikacji) Doktorantka podaje ciekawe informacje o najnowszym podejściu do pochodzenia pszenicy orkisz i pszenicy zwyczajnej. Gatunek/podgatunek pszenicy heksaploidalnej określany, jako orkisz składa się z dwóch populacji – azjatyckiej i europejskiej o różnym pochodzeniu. Orkisz azjatycki pochodzi z hybrydyzacji nieoplewionej pszenicy tetraploidalnej z *Ae. tauschii*, natomiast orkisz europejski z hybrydyzacji nieoplewionej pszenicy zwyczajnej *T. a. ssp. aestivum* z oplewioną płaskurką *T. t. ssp. dicoccum*.

W kolejnym podrozdziale Doktorantka omawia różnicowanie fenotypowe i genotypowe pszenicy. Część dotycząca cech fenotypowych skupia się przede wszystkim badaniu kształtu i koloru ziarniaków. Kształt ziarniaków i ich wyrównanie mają bezpośredni związek z plonem i jakością technologiczną ziarna Kolor ziarniaków świadczy obecności lub

braku grzybów patogenicznych wpływających na jakość ziarna a także możliwość skażenia ziarna mykotoksynami. Cechy morfologiczne ziarna pozwalają również odróżnić poszczególne gatunki pszenicy/zbóż np. w przypadku domieszek. Część ta stanowi wprowadzenie do publikacji drugiej: "An Evaluation of the Variation in the Morphometric Parameters of Grain of Six *Triticum* Species with the Use of Digital Image Analysis". W publikacji tej przedstawiono wyniki badań cech morfologicznych ziarniaków 6 gatunków/podgatunków z rodzaju *Triticum*.

W następnej części Doktorantka przedstawia w skrócie wykorzystanie markerów molekularnych różnego typu w badaniach zmienności genetycznej wewnątrz różnych gatunków rodzajów *Triticum*, a także zmienności między gatunkowej. Metody te wykorzystywane są w taksonomii molekularnej, która umożliwia dokładniejsze określenie pokrewieństwa między gatunkami, miejsca ich udomowienia i odtworzenia ścieżki rozprzestrzeniania się gatunku. Tematyka ta jest szeroko omówiona w publikacji 1 w rozdziałach „Wheat Taxonomy” i „Centers of Origin and Genetic Diversity in Diploid and Tetraploid Species of the Genus *Triticum* and Closely Related Species “.

Podrozdział 1.3 dotyczy badań cytogenetycznych pszenicy. Dzięki tym badaniom określono liczbę chromosomów pszenicy. Utworzono kolekcje aneuploidów, linii delecyjnych, substytucyjnych i addycyjnych. Linie te wykorzystywane były i są w licznych badaniach genetycznych dotyczących np. lokalizacji genów na chromosomach pszenicy. Badania cytogenetyczne były również wykorzystywane do ustalenia pochodzenia poszczególnych genomów pszenicy. Jak dotąd z dużą pewnością ustalono pochodzenie genomów A i D. Co do genomu D nie ma nadal pewności. W dalszej części Doktorantka omawia metodę fluorescencyjnej hybrydyzacji in situ (FISH) zastosowanej w publikacji 3 oraz wykorzystanie sekwencji repetytywnych do tworzenia fizycznych map genomu.

W Podrozdziale 1.4 *Reliktowe gatunki pszenic* Doktorantka znaczenie wykorzystania „starych” gatunków z rodzaju *Triticum*. Mają one znaczenie zarówno dla badań naukowych nad ewolucją rodzaju *Triticum*, ale także mogą być wykorzystane w pracach hodowlanych. Gatunki takie jak samopsza, płaskurka, orkisz posiadają cechy, których brak u najczęściej uprawianych gatunków, czyli pszenicy zwyczajnej i pszenicy twardej. Są to np. odporność na choroby, ale przede wszystkim cechy jakościowe ziarna takie jak zawartość białka, kwasów tłuszczowych, skład aminokwasowy, zawartość składników mineralnych. Ziarno tych gatunków charakteryzuje się również niejednokrotnie lepszą strawnością lub jest mniej alergizujące ze względu na skład białek glutenowych np. u samopszy. Informacje te są istotne, ponieważ pokazują znaczenie prac podjętych przez Doktorantkę dla praktycznej hodowli.

Uzasadniają one celowość reintrodukcji do uprawy gatunków *Triticum* innych niż pszenica zwyczajna, która w toku wieloletnich prac hodowlanych nakierowanych głównie na plon ziarna utraciła wiele swoich cennych właściwości. Gatunki te były do tej pory uprawiane głównie w gospodarstwach ekologicznych na znikomym areale. O tym, że sytuacja się zmienia świadczy fakt, że w COBORU od jakiegoś czasu rejestrowane są odmiany orkiszu. Obecnie w rejestrze znajdują się 5 odmian – 3 ozime i 2 jare (w tym jedna z UWM w Olsztynie).

Następny podrozdział dotyczy już szczegółowo orkiszu i jego wykorzystania do poprawy, jakości żywieniowej ziarna pszenicy zwyczajnej. Mąka orkiszowa ma niższą wartość wypiekową w promowaniu do pszenicy zwyczajnej. Niższa jest objętość ciasta i wydajność mąki. Jednakże charakteryzuje się wysokimi walorami smakowymi i zapachowymi, dlatego często obecnie stosowana jest, jako domieszka do pieczywa pszennego.

Doktorantka słusznie podkreśla unikatowość materiału, jaki stanowią zawansowane (pokolenie F₇) mieszańce pszenicy z orkiszem uzyskane z 3 odmian pszenic i kilku linii hodowlanych orkiszu poprzez dwukierunkowe krzyżowania. Unikatowe jest również cytogenetyczne opracowanie tych materiałów. Dalsze badania tych linii mogą być cenne zarówno pod względem naukowym, jaki i hodowlanym.

Po zapoznaniu się z przedstawionym przeglądem literatury, przeglądową publikacją 1 (pochodzenie pszenicy, taksonomia rodzaju *Triticum* zróżnicowanie genetyczne gatunków), oraz przeglądami literatury w publikacjach 2 (wykorzystanie analizy obrazu w rolnictwie) i 3 (znaczenie reliktowych gatunków, cechy żywieniowe orkiszu) można stwierdzić, że wszystkie aspekty zagadnienia ściśle związanego z przedmiotem badań własnych zostały wnikliwie rozpoznane i opisane przez Doktorantkę. Przeglądy literatury oparte na aktualnych, głównie zagranicznych artykułach zostały wykonane i przedstawiony ze szczególną starannością. Świadczy to o dobrych predyspozycjach Autorki do zgłębiania tematu. Dokonano, bowiem szczegółowej analizy dotychczasowych doniesień na podstawie szerokiego przeglądu publikacji dotyczących filogenezy i taksonomii rodzaju *Triticum*, zróżnicowania genetycznego wewnątrz poszczególnych gatunków *Triticum*, znaczenia reliktowych gatunków pszenicy dla poprawy jakości pszenicy zwyczajnej i produkcji żywności prozdrowotnej, zastosowania metod analizy obrazu do identyfikacji gatunków oraz oceny zdrowotności ziarna.

Rozdział 2 *Materiał Roślinny* przedstawia materiały wykorzystane w badaniach przedstawionych w publikacjach 2 i 3. W pierwszej części przedstawione są linie sześciu gatunków/podgatunków z rodzaju *Triticum* wykorzystane w badaniach nad zmiennością kształtu i koloru ziarniaków. Wszystkie obiekty określone są, jako linie pochodzące z kolekcji

banków genów. Brak niestety bliższej informacji o tych liniach. Czy były to odmiany (szczególnie w przypadku pszenicy zwyczajnej i twardej), odmiany lokalne, materiały hodowlane. Niestety brak tej informacji również w publikacji 2. W badaniach wykorzystano jedynie dwie linie(?) pszenicy zwyczajnej i 3 twardej. Tymczasem pszenicy polskiej było 17 linii, a płaskurki 23 linie. Dobór materiału mógł mieć wpływ na uzyskane wyniki pokazujące np. bardzo małe zróżnicowanie pszenicy zwyczajnej i twardej. W drugiej części scharakteryzowano mieszańce pszenno-orkiszowe poddane analizie cytogenetycznej. Tu jedynie przydałaby się informacja o liczbie linii mieszańcowych. Oczywiście w publikacji linie te są szczegółowo scharakteryzowane.

W kolejnym rozdziale (3) umieszczono hipotezy badawcze i cele prowadzonych badań. I tak celem głównym pracy było **scharakteryzowanie kolekcji własnej pszenic składającej się z linii należących do sześciu taksonów pszenicy, mieszańców pszenno-orkiszowych i ich komponentów rodzicielskich w celu oszacowania ich zmienności na poziomie fenotypowym i genotypowym**. Ponadto wprowadzeniem do badań było przedstawienie ewolucji najważniejszych gatunków z rodzaju *Triticum* oraz obowiązujących obecnie systemów taksonomicznych z uwzględnieniem najnowszych zmian.

Sformułowano cztery hipotezy badawcze. Trzy dotyczące cech morfologicznych ziarna – różnic międzygatunkowych, zmienności wewnątrzgatunkowej i możliwości wykorzystania cyfrowej analizy obrazu dyskryminacji gatunkowej. Czwarta hipoteza dotyczyła stabilności genomu mieszańców pszenno-orkiszowych oraz polimorfizmu sekwencji repetytywnych w obrębie chromosomów.

Rozdział 4 przedstawia najważniejsze wyniki badań zaprezentowanych w publikacji 2 (cyfrowa analiza obrazu ziarna) oraz w publikacji 3 (analiza cytogenetyczna mieszańców pszenno-orkiszowych).

Podrozdział 4.1 rozpoczyna się od charakterystyki deskryptorów kształtu i koloru, szczegółowo przedstawionej w załączonej tabeli. Moim zdaniem ten fragment powinien znaleźć się w rozdziale 2, który mógłby mieć tytuł *Materiał roślinny i zastosowane metody*. W publikacji ten fragment (wraz z tabelą) znajduje się w „Materials and Methods” w podrozdziałach „Shape Analysis” i „Color Analysis”.

Najważniejszymi cechami zaobserwowanymi u reliktowych gatunków pszenicy było mniejsze zaokrąglenie w porównaniu do pszenicy zwyczajnej i twardej oraz większa nieregularność kształtu. Jeżeli chodzi o kolor, to najciemniejsze były ziarniaki orkiszu i płaskurki o odcieniu przesuniętym w kierunku czerwieni. Ziarno pszenicy zwyczajnej miało

średnie wartości nasycenia i jasności, ale podobny odcień. Najjaśniejszą barwą charakteryzowało się ziarno pszenicy twardej z odcieniem przesuniętym w kierunku koloru zielonego. Autorka stwierdza, że gatunki reliktowe wykazały większą zmienność cech fenotypowych ziarna. Niestety, jak wspomniano powyżej, nie znamy kryteriów wyboru linii (odmian?) do analiz. Inny dobór materiału mógłby mieć wpływ na uzyskane wyniki.

Na podstawie wartości deskryptorów kształtu wykonano analizę hierarchiczną, która podzieliła badane obiekty na dwa główne klastry. Dwa klastry zostały wydzielone przede wszystkim na podstawie powierzchni ziarniaków. Klaster pierwszy obejmował linie o większej powierzchni i różnym stopniu wydłużenia ziarniaków, co wpłynęło na tworzenia klastrow drugorzędnych. Pierwszy – pszenica zwyczajna o dużych zaokrąglonych ziarniakach, drugi – pszenica twarda, polska i płaskurka oraz orkisz o większych ziarniakach niż pszenica zwyczajna, trzeci – pszenica polska o najdłuższych, nieregularnych ziarniakach. Drugi klaster grupowała linie o mniejszych słabo zaokrąglonych ziarniakach. Była tu głównie samopsza, płaskurka i pszenica polska. Analiza koloru podobnie podzieliła obiekty na dwa główne klastry. Pierwszy obejmowała linie o jasnych lub średnio zabarwionych ziarniakach (pszenica zwyczajna, polska, samopsza i twarda). W drugim znalazły się linie o ziarniakach ciemniejszych (orkisz, płaskurka).

Nie stwierdzono istotnych korelacji między zasiedleniem ziarna przez grzyby pleśniowe a kolorem okrywy ziarniaków. Mogło to wynikać z ogólnego słabego porażenia ziarniaków grzybami pleśniowymi, wśród których dominowała *Alternaria alternata*. Gatunek ten występował praktycznie na ziarnie wszystkich badanych linii, nie miał, więc wpływu na zróżnicowanie pomiędzy nimi. Występowały również grzyby z rodzaju *Fusarium*, które mogą bardzo silnie modyfikować kolor i kształt ziarniaków. W tym przypadku były to jednakże gatunki o małej patogeniczności - *F. poae* i *F. sporotrichioides*.

Podsumowaniem wyników jest analiza składowych głównych, która pozwoliła na wyraźne wydzielenie 6 grup zawierających większość linii poszczególnych gatunków. Najbardziej jednorodne były grupy dla pszenicy zwyczajnej, twardej, samopszy i orkiszu. Bardziej zróżnicowane były pszenica polska i płaskurka. Kilka linii znalazło się w grupie orkiszu lub nie należało do żadnej z grup. Przedstawione wyniki pokazują dużą skuteczność dyskryminacyjną analizy obrazu ziarniaków w

Podrozdział 4.2 przedstawia wyniki analizy cytogenetycznej mieszańców pszenicy zwyczajnej jarej z orkiszem jarym (publikacja 3). Podrozdział rozpoczyna się od sformułowania trzech celów pracy: określenie kariotypu mieszańców i form rodzicielskich,

identyfikacja aberracji chromosomowych, analiza polimorfizmu rozmieszczenia sekwencji repetytywnych. Ten fragment powinien moim zdaniem znaleźć się w rozdziale 3 *Hipotezy badawcze i cele prowadzonych badań*, który powinien przedstawiać bardziej szczegółowo cele badań. Należy zauważyć, że w podrozdziale 4.1 nie przedstawiano szczegółowych celów badań. Dodatkowo niepotrzebnie powtórzono listę badanych genotypów przedstawioną już w rozdziale 2 *Material roślinny*.

Zgodnie z oczekiwaniami analiza kariotypu potwierdziła układ genomu BBAADD u wszystkich badanych obiektów, zarówno u pszenicy zwyczajnej, orkisz, jak i mieszańców. Nie stwierdzono żadnych aberracji chromosomowych u form rodzicielskich jak i mieszańców. Badano również obecność translokacji 1BL/1RS występujących u wielu odmian pszenicy zwyczajnej. Nie zidentyfikowano jej w żadnym z badanych obiektów.

Wzory hybrydyzacji sekwencji powtarzalnych u mieszańców i form rodzicielskich były zbliżone do występujących u standardowej odmiany pszenicy Chinese Spring. Obserwowano pewne różnice w zakresie intensywności sygnałów i obszarów polimorficznych. Cztery zastosowane sondy DNA dawały różne liczby specyficznych sygnałów na chromosomach należących do poszczególnych genomów A, B i D. Najbardziej zróżnicowanym genomem był genom B. Obszary polimorficzne na chromosomach tego genomu obserwowano u wielu mieszańców, a także komponentów rodzicielskich. Nie zidentyfikowano obszarów polimorficznych na chromosomach genomu D. Wyniki te pokazują, że niektóre linie mieszańcowe mogą stanowić źródło zmienności genetycznej dla hodowli pszenicy.

Wzory hybrydyzacji dla sondy pTa-535 u pszenicy zwyczajnej i orkisz były bardzo podobne na chromosomach genomów A i D. Mogą być używane do identyfikacji tych chromosomów w mieszańcach pszenica zwyczajna x orkisz i orkisz x pszenica zwyczajna. Wyniki analizy schematów hybrydyzacji sond pTa-535, pTa-86, pTa-713 i 35S rDNA sugerują istnienie bliskiego związku między pszenicą zwyczajną a orkiszem.

Po przeczytaniu tego rozdziału i publikacji 3 nasuwa się uwaga, co do tytułu rozprawy. Sugeruje on, że badano również zmienność fenotypową mieszańców pszenicy zwyczajnej i orkisz. Tymczasem w pracy i publikacjach nie znalazłem takich informacji. Zmienność fenotypowa (ziarniaki) wybranych gatunków *Triticum* była badana, natomiast w części przeglądowej znajdujemy dużo informacji o zmienności genetycznej tych gatunków.

Końcowe punkty rozprawy to rozdział zatytułowany *Podsumowanie uzyskanych wyników i wnioski*. Składa się on z sześciu punktów, które wskazują, że przyjęte hipotezy badawcze zostały potwierdzone. Cyfrowa analiza obrazu ziarniaków skutecznie wyróżniała

badane gatunki z rodzaju *Triticum*. Określono poziom ziemności wewnątrzgatunkowej kształtu i koloru ziarniaków. Mieszańce pszenno-orkiszowe były stabilne pod względem organizacji genomu (brak aberracji chromosomowych). Wykazano średni lub wysoki poziom polimorfizmu zależnie od chromosomu, głównie na genomach A i B).

Interesujący jest wniosek pierwszy pokazujący, że mimo rozwoju zaawansowanych technik badań genetycznych nadal nie utworzono uniwersalnej taksonomii rodzaju *Triticum*. W powszechnym użyciu są dwa różne systemy nazewnictwa gatunków/podgatunków, co zresztą widać w publikacjach wchodzących w skład rozprawy.

Mam nadzieję, że wniosek 6 zostanie zrealizowany i prace nad orkiszem i innymi gatunkami z rodzaju *Triticum* będą dalej prowadzone przez Doktorantkę.

3. Uwagi edycyjne

Brak wcięcia pierwszego wiersza akapitu oraz brak odstępu między podtytułami a tekstem utrudnia nieco czytanie pracy. Np. w podrozdział 4.2 ma formę jednego długiego akapitu, nie widać, kiedy kończy się akapit z celami pracy a zaczyna z wynikami. Podobnie słabo wyróżnione są punkty podsumowania (rozdział 5).

4. Zagadnienia do wyjaśnienia w czasie obrony

- 1) Bardziej szczegółowe informacje o liniach (odmianach) wykorzystanych w publikacji nr 2 do badania zróżnicowania kształtu i koloru ziarniaków.
- 2) Jaka była zmienności fenotypowa (kształt ziarniaków, oplewienie) mieszańców pszenno-orkiszowych.
- 3) W przypadku mieszańców, kiedy możemy powiedzieć, że mamy do czynienia z orkiszem a kiedy z pszenicą zwyczajną. Czy decyduje o tym jedynie oplewienie ziarniaków?
- 4) Czy analizy cytogenetyczne pozwalają zidentyfikować daną linię, jako orkisz lub jako pszenicę zwyczajną?

5. Wniosek końcowy

Wnioskuje o uznanie, że rozprawa **mgr Klaudii Goriewej-Duby** pt. „*Zmienność fenotypowa i genotypowa mieszańców pszenicy zwyczajnej i orkisz oraz wybranych gatunków pszenicy*” spełnia wymagania przedstawione w Ustawie z dnia 14 marca 2003 r. o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki [DZ. U. nr 65, 2003, poz. 595, z późn. zm.].

Treść rozprawy potwierdza wiedzę teoretyczną Doktorantki, a sprecyzowanie tezy, celu i zakresu badań, ich zaplanowanie i opis oraz przygotowanie trzech publikacji w punktowanych czasopismach naukowych w języku nakielskim świadczą o dojrzałości naukowej Doktorantki i umiejętności do samodzielnego prowadzenia pracy naukowej. Zatem wnioskuje do Rady Wydziału Kształtowania Środowiska i Rolnictwa Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie o dopuszczenie **mgr Klaudii Goriewej-Duby** do dalszego postępowania kwalifikacyjnego przewidzianego w procedurze do uzyskania stopnia doktora.



Dr hab. Tomasz Góral