



Poznań, 04.12.2023 r.

Dr hab. Stanisław Spasibionek, prof. IHAR-PIB  
Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy  
Oddział w Poznaniu, Zakład Roślin Oleistych  
ul. Strzeszyńska 36  
60-479 Poznań

**Recenzja rozprawy doktorskiej mgr inż. Ady Dorczyk  
pt. „Piramidyzacja genów odporności w pszenicy jarej”**

**Podstawa wykonania recenzji**

Rada Dyscypliny Rolnictwo i Ogrodnictwo uchwałą nr 77.RO.2023 z dnia 5 września 2023 r., w oparciu wymagania określone w art. 178 ust. 1 i 2 oraz art. 192 ust. 2 Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (tekst jednolity Dz.U. 2021 poz. 478), trybu postępowania w sprawie nadania stopnia naukowego doktora będącego załącznikiem do Uchwały nr 31/2023 Senatu Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu z dnia 26 maja 2023 r. postanowiła o powołaniu mojej osoby na recenzenta rozprawy doktorskiej Pani mgr inż. Ady Dorczyk. Pismo z dnia 07 września 2023 r. podpisane przez Przewodniczącą Rady Dyscypliny Rolnictwo i Ogrodnictwo prof. dr. hab. Cezarego Kabały.

Recenzja dotyczy rozprawy doktorskiej wykonanej w firmie Hodowla Roślin Smolice Sp. z o.o. Grupa IHAR, pod kierunkiem dr hab. inż. Kamili Nowosad prof. Uczelni, pracownika Katedry Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu.

**Tematyka badawcza rozprawy**

Jednym z priorytetów programów hodowlanych jest wytwarzanie odmian gatunków roślin uprawnych odpornych na choroby co mieści się w obecnie preferowanym nurcie badań na rzecz rolnictwa. Wiąże się to między innymi ze zmianą filozofii produkcji rolnej poprzez



ograniczenie jej chemizacji. Wprowadzenie od 1 stycznia 2014 r. obowiązku integrowanej ochrony roślin przyczyniło się do obniżenia ilości stosowanych środków ochrony roślin. W ramach Zielonego Ładu Komisja Europejska 20 maja 2020 r. przyjęła dwie strategie „Od pola do stołu” oraz „Na rzecz bioróżnorodności”. W tych strategiach zaleca się obniżenie stosowania środków ochrony roślin przed agrofagami o 50% w ciągu 10 lat. Nawożenie mineralne powinno zostać ograniczone o 20%. Ponadto wycofuje się wiele związków chemicznych dotąd dopuszczanych do produkcji środków ochrony roślin. W zamian proponuje się wykorzystanie w ochronie roślin nowoczesnych środków biologicznych. Przyszłością są jednak odmiany odporne na patogeny i odmiany tolerancyjne. Hodowla takich odmian jest trudna i długotrwała, wymaga poszukiwania źródeł odporności, a następnie włączenia ich do programów hodowlanych.

Ułatwieniem w długotrwałej selekcji mogą być markery genetyczne jednocześnie przyczyniając się do obniżenia kosztów hodowli. Drugim ważnym problemem jest bezpieczeństwo żywnościowe kraju.

Celem głównym recenzowanej pracy doktorskiej jest pogłębienie wiedzy na temat molekularnych mechanizmów odporności na najczęściej występujące choroby grzybowe pszenicy do których zaliczana jest rdza brunatna (*Puccinia recondita* f. sp. *tritici*) powodowana przez patogen *Puccinia triticina*, rdza żółta (*Puccinia striiformis*) powodowana przez grzyb *Puccinia striiformis* Westend. f. sp. *tritici* Eriks i mączniaka prawdziwego traw (*Blumeria graminis* f. sp. *tritici*) i w konsekwencji wytypowanie funkcjonalnych markerów odporności na te patogeny u pszenicy jarej. Rdza brunatna powoduje straty plonów szacowane na około 10%, które w przypadku ciężkiej infekcji mogą wynosić ponad 40%. W warunkach Polski straty sięgają średnio 9,1% rocznie. Obecnie ponad 35% powierzchni upraw pszenicy na świecie jest dotkniętych chorobą rdzy żółtej. Natomiast mączniak prawdziwy, przy warunkach sprzyjających rozwojowi patogena, może powodować straty sięgające nawet do 50%. Kwestia ochrony plonów wiąże się z bezpieczeństwem żywnościowym świata. Areal uprawy pszenicy w świecie na przestrzeni ostatnich lat utrzymuje się na poziomie 200 mln hektarów. Pszenica jest gatunkiem dominującym w strukturze zasiewów zbóż w Polsce i w Unii Europejskiej. Kraje wchodzące w skład Unii Europejskiej produkują ponad 143 mln ton pszenicy, o 15% więcej niż





Chiny, o 35% więcej niż Indie, i 60% więcej niż Stany Zjednoczone. W Polsce w ostatnich latach powierzchnia uprawy pszenicy utrzymuje się na podobnym poziomie około 2,4 mln ha przy rocznych zbiorach około 10,0 mln ton. W naszym kraju, w uprawie, dominuje forma ozima pszenicy zwyczajnej, która uzyskuje plony wyższe niż forma jara, jednak o gorszej jakości.

Pszenica jest podstawowym pożywieniem dla 40% światowej populacji. Przewiduje się, że ze względu na wzrost liczby ludności i dobrobytu, popyt na pszenicę będzie rósł do roku 2050 w tempie 1,6% corocznie. Pszenica stanowi połowę kalorii spożywanych przez ludzi, a także dużą część ich wartości odżywczych dlatego szacuje się, że średni globalny plon pszenicy będzie musiał wzrosnąć z 3 ton do około 5 ton z hektara. Prognoza wzrostu zapotrzebowania na pszenicę uwarunkowana jest również zmianami trendów w populacji, nawyków żywieniowych oraz warunków gospodarczych i społeczno-gospodarczych, zwłaszcza w Afryce i Azji. Ziarno pszenicy jest również wykorzystywane do destylacji alkoholu, jako surowiec do biopaliw, a słoma pszenna używana jest jako ściółka oraz do produkcji pasz dla zwierząt. Zatem utrata części plonu wskutek każdej z omawianych chorób ma wpływ na wiele elementów gospodarki. W związku z tym wyhodowanie odmian odpornych na patogeny może znacznie zmniejszyć wykorzystanie pestycydów w produkcji rolnej co ma pozytywny wpływ na środowisko oraz na zdrową żywność poprzez ograniczone skażenie płodów rolnych metabolitami patogenów i szkodników.

W powyższą problematykę wpisują się badania przedstawione w recenzowanej pracy, które prowadzą do pogłębienia wiedzy na temat molekularnych mechanizmów odporności na rdzę brunatną, rdzę żółtą, mączniaka prawdziwego i septoriozę oraz wytypowania funkcjonalnych markerów odpornych/tolerancyjnych na te patogeny. Selekcja roślin z wykorzystaniem tych markerów pozwoli zintensyfikować i przyspieszyć proces wytwarzania nowych odmian.

#### **Ocena formalna rozprawy**

„Tytuł rozprawy” został sformułowany właściwie i dobrze odpowiada tematyce przeprowadzonych badań.



Całość rozprawy mieści się na 103 stronach maszynopisu, jej układ jest zgodny z normami przyjętymi dla tego typu opracowań. Recenzowana rozprawa doktorska składa się z następujących rozdziałów: wprowadzenie wraz z celem pracy (4<sup>1/2</sup> str.), przegląd literatury podzielony na tematyczne podrozdziały (15 str.), materiał i metody podzielony na tematyczne podrozdziały (11 str.), wyniki podzielone na podrozdziały (39<sup>1/2</sup> str.), dyskusja (6<sup>1/2</sup> str.), wnioski (1 str.), streszczenia w języku polskim (1 str.) i angielskim (1 str.), spis literatury i źródeł internetowych (17 str.), spis rysunków, rycin i tabel (4 str.).

Wyniki badań przedstawiono na podstawie zamieszczonych 32 tabel oraz 28 rysunków i rycin. Przegląd literatury jest obszerny, w sumie w pracy cytowanych jest 184 pozycji.

#### **Ocena merytoryczna rozprawy**

W zredagowanym przez Doktorantkę „**Wprowadzeniu**” przedstawione zostały zagadnienia dotyczące znaczenia gospodarczego pszenicy, rejony jej uprawy oraz zagrożenia jakie niosą czynniki biotyczne i abiotyczne na wysokość plonowania ziarna. Autorka prezentuje poszukiwania w genomach różnych gatunków zbóż źródeł indukowania nowej zmienności na potrzeby hodowli odpornościowej pszenicy, a także przedstawia możliwość wykorzystania do tego celu hodowli rekombinacyjnej, połączonej z wykorzystaniem narzędzi biotechnologicznych w tworzeniu nowych bardziej produktywnych i odpornych na stresy biotyczne i abiotyczne odmian.

W dalszej części rozprawy określony został „**Cel pracy**” polegający na zbudowaniu bazy linii hodowlanych do tworzenia nowych odmian pszenicy odpornych na choroby grzybowe. Posłużyła do tego piramidyżacja genów odporności na rdzę brunatną, rdzę żółtą i mączniaka prawdziwego wykorzystując techniki wielokrotnego krzyżowania przy jednoczesnej selekcji wspomaganą markerami molekularnymi oraz selekcji fenotypowej.

Piramidyżacja genów w jednej linii hodowlanej może znacznie zwiększyć zakres odporności na różne rasy (patotypy) tego samego patogena, jak również może rozszerzyć zakres odporności na inne patogeny. Kumulacja różnych kombinacji genów warunkujących odporność na ważne z punktu widzenia rolniczego choroby, w tym również genów o charakterze ilościowym, może





się przyczynić do zmniejszenia presji selekcyjnej na patogena dając jednocześnie możliwość uzyskania długotrwałej i kompleksowej odporności w nowo wytworzonej odmianie.

„Przegląd literatury” jest obszerny i wyczerpujący podjętą tematykę badawczą. Podzielony został na tematyczne podrozdziały dotyczące pochodzenia gatunku oraz jego znaczenie gospodarcze. W następnym podrozdziale dotyczącym chorób szeroko zostało omówione zjawisko odporności roślin na patogeny ze szczególnym uwzględnieniem głównych sprawców: rdzy brunatnej, rdzy żółtej i mączniaka prawdziwego, a następnie opisane zostały genetyczne i molekularne podstawy odporności roślin powołując się na znane badania w tym aspekcie. Zwłaszcza cenny jest podrozdział szeroko opisujący podłoże genetyczne odporności omawianych patogenów w pszenicy oraz podrozdział dotyczący tworzenia piramid genowych poprzez kumulację efektywnych genów odporności w jednym genotypie zapewniających trwałą odporność rośliny na patogena.

„Materiał i metody” wykorzystane w badaniach Doktorantka opisała w rozdziale 3. Doświadczenia polowe prowadzone były w latach 2012 - 2020 na polu hodowlanym w firmie Hodowla Roślin Smolice Sp. z o.o. Grupa IHAR, leżącym w województwie wielkopolskim. Przedmiotem badań było 5 odmian pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.), form jarych (Henika, Parabola, Santa, Hena, Triso). Formy te zostały wytypowane ze względu na obecność genów odporności na mączniaka prawdziwego (*Pm3d*, *Pm5*), rdzę brunatną (*Lr1*, *Lr11*, *Lr18*, *Lr20*, *Lr46*) i rdzę żółtą (*Yr5*, *Yr29*) oraz o bardzo dobrych cechach rolniczych i użytkowych. Odmiany te stanowiły podstawę do przeprowadzenia programu krzyżowań w celu uzyskania mieszańców złożonych, czteroliniowych. Finalnie w wyniku przeprowadzonej selekcji w warunkach szklarniowych i polowych Doktorantka uzyskała mieszańce pokolenia F4 wykazujące odporność/tolerancję na badane choroby.

Zastosowane w trakcie realizacji prac analizy statystyczne i molekularne są jak najbardziej właściwe i nie budzą zastrzeżeń merytorycznych.

W celu opracowania markerów molekularnych do identyfikacji genów odporności *Lr1*, *Lr46*, *Pm3d*, *Pm5*, *Lr18*, *Lr20*, *Yr5*, *Yr29*, zidentyfikowanych u 5 odmian wykorzystano 8 starterów ISSR z listy UBC#9 (University of British Columbia).



Do analizy statystycznej wyników genotypowania wykorzystany został program R (R Development Core Team, 2008). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL. Do zobrazowania dystansu genetycznego pomiędzy badanymi obiektami Doktorantka wykorzystwała metodę konstrukcji drzewa opartą o odległość – metodę średnich połączeń UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean). Do zobrazowania dystansu w postaci „mapy cieplnej” (ang. heat map) wykorzystano funkcję heatmap.2 z pakietu gplots. Rozdział z „**Wynikami badań**” został podzielony na 4 podrozdziały. W pierwszym z nich Autorka omówiła zmienne analizy wariancji dla badanych cech ze względu na kombinacje krzyżowania oraz mieszańców w oparciu o testy Levene’a i Kruskala-Wallis. Następnie Doktorantka przeprowadziła analizę korelacji markerów PCR z cechami odporności na mączniaka prawdziwego, brunatnej plamistości liści, rdzy żółtej i septoriozy, wykorzystując algorytm Spearmana. Do genotypowania Autorka wybrała markery molekularne na podstawie danych literaturowych, które były sprzężone z genami odporności na te choroby. Wyliczenia te wykazały jedynie istotną korelację między dwoma zidentyfikowanymi markerami molekularnymi, a brunatną plamistością liści zbóż oraz septoriozą liści. Marker *Pm\_3d\_240* był istotnie skorelowany z cechą porażenia przez septoriozę liści, natomiast marker *Pm\_3d\_407* wykazywał istotną korelację z brunatną plamistością liści zbóż. Jak sugeruje Doktorantka, brak istotnych korelacji między większością analizowanych markerów genetycznych a fenotypem linii może wynikać z faktu, iż znaczna liczba badanych linii wykazywała wysoką odporność na patogeny grzybowe i tym samym nie wykazywała symptomów porażenia. Doktorantka przypuszcza, że może to wynikać z istnienia odporności krzyżowej, a także z obecności innych genów związanych z odpornością materiału badawczego. W tabeli 24 Doktorantka precyzyjnie zestawiała liczbę linii pszenicy jarej wyprowadzonych z poszczególnych kombinacji krzyżowań (mieszańców), u których zidentyfikowano obecność markerów genów związanych z odpornością na poszczególne choroby. Na podstawie wyników genotypowania wykonano analizę dystansu genetycznego na podstawie której zidentyfikowano 23 linie najbardziej odległe genetycznie od pozostałych analizowanych obiektów. Następnie Autorka podjęła





próbę wyznaczenia subpopulacji w badanym materiale na podstawie kryterium Baysianskiego - BIC (ang. Bayesian Information Criterion). W oparciu o analizę składowych głównych obliczonych na podstawie danych markerowych badane obiekty podzielono na 5 klastrow. Do podziału obiektów na klastry wykorzystane zostały 3 metody Kmeans'a: w oparciu o analizę składowych głównych obliczonych na podstawie danych markerowych (metoda I Kmeans'a), w oparciu o analizę skalowania wielowymiarowego na podstawie wartości dystansu genetycznego (metoda II Kmeans'a), w oparciu o analizę DAPC (Discriminant Analysis of Principal Components) z wykorzystaniem danych markerowych (metoda III Kmeans'a). Opierając się na wynikach z wielowymiarowej analizy wariancji MANOVA stwierdzono istotne różnice pomiędzy pięcioma wydzielonymi klastrami. Przeprowadzone badania symulacyjne Monte Carlo wykazały, że struktury populacji otrzymane za pomocą metod I, II i III Kmeans'a są również istotne statystycznie. Wyniki uzyskane z zastosowaniem metody I i III Kmeans'a były identyczne. Grupowanie uzyskane za pomocą tych metod wyjaśniało 23,3% obserwowanej zmienności wobec 20,7% wyjaśnianej przez grupowanie uzyskane za pomocą metody II. Następnie każdy z opracowanych modeli grupowania obiektów przetestowano za pomocą funkcji 'randtest' i symulacji Monte Carlo. Wszystkie trzy zastosowane modele grupowania linii w populacji wydzielały podgrupy linii, które istotnie różniły się statystycznie na poziomie 0.01. Wyniki tych grupowań Doktorantka zaprezentowała na rycinach 24 - 26. Dodatkowo dla porównania uzyskanych wyników badane obiekty podzielono na 5 klastrow na podstawie podziału drzewa dystansu genetycznego, przynależności każdego z badanych genotypów (linii) do jednej z 4 rodzin (kombinacji krzyżówkowej) oraz losowego podziału badanych linii na 5 równo liczących klastrow. Wyniki tego grupowania Doktorantka zamieściła w tabeli 26 na podstawie których stwierdziła, że każdy z zaproponowanych podziałów (poza losowym) nie był przypadkowy i w jakimś stopniu wyjaśniał istniejącą strukturę populacji badanego materiału. Najkorzystniejsze wyniki (o najwyższych wartościach wyjaśnionej analizy wariancji) zostały odnotowane dla wyników uzyskanych z wykorzystaniem metody I Kmeans'a w oparciu o analizę składowych głównych obliczonych na podstawie danych markerowych oraz metody III Kmeans'a w oparciu o analizę DAPC z wykorzystaniem danych markerowych.

Po dogłębnej analizie treści rozdziału „Dyskusji” stwierdzam, że uzyskane wyniki badań własnych zostały przez Panią mgr inż. Adę Dorczyk poddane właściwej dyskusji z rezultatami uzyskanymi przez innych autorów. Jedynie moim zdaniem, Autorka niepotrzebnie w tym rozdziale zamieszcza obszerny wstęp, przygotowany na podstawie źródeł literaturowych. Fragmenty te powinny się raczej znaleźć w części „Wprowadzenie” jako szersze omówienie genetyki badań lub w rozdziale „Przegląd literatury”.

Osiągnięte wyniki badań własnych pozwoliły Doktorantce na wyciągnięcie i poprawne sformułowanie ośmiu „Wniosków”, z których do najważniejszych zaliczam:

- W oparciu o wyniki genotypowania linii pszenicy zastosowane różne algorytmy pozwoliły na wydzielenie pięciu subpopulacji o statystycznie istotnej strukturze.
- Wykazano statystycznie istotną korelację między markerem *Pm\_3d\_240* a odpornością na septoriozę liści oraz markerem *Pm\_3d\_407* a odpornością na brunatną plamistość liści zbóż.
- Zidentyfikowane markery *Pm\_3d\_240* oraz *Pm\_3d\_407* mogą mieć praktyczne zastosowanie w programach hodowlanych pszenicy jarej jako źródła na stworzenie piramidy genowej (*Pm\_3d\_240* + *Pm\_3d\_407*).
- Dobór odpowiednich komponentów rodzicielskich oraz wyselekcjonowane w wyniku krzyżowań liczne linie pszenicy jarej z różnymi genami odporności na patogeny dają możliwość tworzenia piramid genowych, które w znacznym stopniu mogą ograniczyć porażenie roślin przez najczęściej występujące choroby grzybowe.

„Streszczenie pracy” jest bardzo ogólne i nie odzwierciedla zakresu badań, nie daje informacji o większości uzyskanych wyników.

Dobór „Literatury” jest właściwy. Piśmiennictwo odzwierciedla stan wiedzy dotyczący podjętej problematyki. Literatura zestawiona jest na ogół poprawnie i zgodnie z przyjętymi zasadami, stwierdzono jednak pewne nieścisłości.

- 4 pozycje w spisie literatury nie są przytaczane w pracy (poz. 7, 58, 81, 109),
- Publikacja Hovhannisyan i in. 2011 jest w spisie literatury wymieniona dwa razy (poz. 55 i 56),
- Jedna cytowana praca jest pominięta w piśmiennictwie (Flor. 1956),





- Poz. 36, błędnie podano nazwisko autora; jest Fones, powinno być Fones,
- Poz. 165, błędnie podano nazwisko autora; jest Trawal, powinno być Tratwal,
- Pozycje literaturowe są sformatowane na dwa sposoby (poz. 1 – 99 bez tabulacji, dalej do poz. 184 z tabulacją).

Nasuwiają się też inne uwagi do pracy, typu redakcyjnego:

- Str. 5, niepoprawne sformułowanie, „powierzchnia pod pszenicą wynosiła” – powinno być „areal uprawy pszenicy wynosił”,
- Str.8, w celu pracy zostały wymienione 3 choroby natomiast wyniki przedstawiono dla 5 sprawców chorób,
- Błędnie są cytowani autorzy w kolejności od początku pracy: jest (Stadlmeier, 2019) powinno być (Stadlmeier i in., 2019); jest (Jasińska, 2003) powinno być (Jasińska i Kotecki, 20003); jest (Ravi, 2016) powinno być (Rawi i in., 2016); jest (Chen 2014) powinno być (Chen i in., 2014); jest (Shakra, 2020) powinno być (Shakra i in., 2020); jest (Dimmock, 2002), powinno być (Dimmock i Gooding, 2002); jest (Tomkowiak, 2017) powinno być (Tomkowiak i in., 2017); jest (Gao, 2018) powinno być (Gao i in., 2018); jest (Zaho, 2020) powinno być (Zaho i in., 2020); jest (Hovhannisvan i in., 2011) powinno być (Hovhannisyan i in., 2011); jest (McIntoh i in., 2003) powinno być (McIntosh i in., 2003); jest (Ellis J. i in., 2014) powinno być (Ellis i in., 2014); jest (Gebrewahid 2017) powinno być (Gebrewahid i in., 2017); jest Jombart T. (2008) powinno być (Jombart, 2008); jest (Schliep K.P. 2011) powinno być (Schliep, 2011); jest (Paradis E., Claude J. & Strimmer K. 2004) powinno być (Paradis i in., 2004); jest (Tester 2010) powinno być (Tester i Langridge, 2010); jest (He 2013) powinno być (He i in., 2013); jest (Chen, 2014) powinno być (Chen i in., 2014); jest (Sharma-Poudyal, 2013) powinno być (Sharma-Poudyal i in., 2013); jest (Lantos C, 2013) powinno być Lantos i in., 2013); jest (Prabhu K. 2009) powinno być (Prabhu i in., 2009),
- W metodyce i wynikach pisownie testów: Levene’a i Wilcoxon oraz symulacji Monte Carlo są nieprawidłowe,
- Str. 54, omawiane wyniki dotyczą tabeli 22 a nie 18,



- Niektóre tabele np. 8, 9, 11, i ryciny np. 11, 14. są niewłaściwie dzielone co utrudnia odbiór,
- Jest wiele mechanicznych błędów w postaci np. literówek, braku spacji itp.

Przedstawione w recenzji uwagi, wykazane nieścisłości i elementy dyskusyjne nie obniżają merytorycznej wartości oceny pracy, ale mogą posłużyć Doktorantce do doskonalenia warsztatu badawczego i wykorzystania przy publikowaniu wyników badań.

W trakcie obrony chciałabym usłyszeć od Kandydatki odpowiedzi na poniższe pytania:

1. W jaki sposób chce Pani wykorzystać uzyskane wyniki oraz jakie są dalsze plany naukowe, w kontekście zrealizowanych badań?
2. Jakie są możliwości wykorzystania w hodowli pszenicy jarej krzyżowań oddalonych do poszerzania zmienności genetycznej, przykłady ?
3. Ze względu na coraz większe koszty i zbyt długi proces selekcji, jakie są możliwości włączenia do hodowli pszenicy efektywnego sposobu wytwarzania podwojonych haploidów metodą androgenezy *in vitro*?

### **Wniosek końcowy**

Podsumowując, praca doktorska mgr inż. Ady Dorczyk była skoncentrowana na otrzymywaniu nowej zmienności genetycznej pszenicy jarej wytworzonej przy pomocy metod krzyżowania i metod genetyki molekularnej. Doktorantka wykazała się umiejętnością powiązania różnych metod badawczych i hodowlanych podczas przeprowadzania doświadczeń polowych i laboratoryjnych, w tym z wykorzystaniem elementów biologii molekularnej, a także znajomością narzędzi statystycznych. Cały zaplanowany proces badawczy należał do nietrywialnych, czasochłonnych i wymagający bardzo dobrze przeprowadzonego fenotypowania. Podjęty problem badawczy ma duże znaczenie, zarówno w wymiarze poznawczym, jak i aplikacyjnym. Realizowane badania przez Doktorantkę nastawione były na rozwiązywanie konkretnych problemów badawczych, wytworzeniu źródeł odporności na rdzę brunatną, rdzę żółtą, mączniaka prawdziwego, septoriozę liści i brunatną plamistość liści których rezultaty





mogą być wykorzystane do programów hodowlanych nowych odmian pszenicy jarej przez Polskie Spółki Hodowlane.

Stwierdzam, że przedstawiona do recenzji rozprawa doktorska mgr inż. Ady Dorczyk pt. „Piramidyzacja genów odporności w pszenicy jarej” spełnia wymagania określone w art. 187 Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (tekst jednolity Dz.U. z 2021 r. poz. 478) stawiane rozprawom doktorskim, dlatego też zwracam się do Rady Naukowej Dyscypliny Rolnictwo i Ogrodnictwo Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu z prośbą o dopuszczenie Pani mgr inż. Ady Dorczyk do dalszych etapów przewodu doktorskiego.

*Stanisław Spasibionek*

Dr hab. Stanisław Spasibionek, prof. IHAR-PIB