



**INSTYTUT HODOWLI I AKLIMATYZACJI ROŚLIN**  
**PAŃSTWOWY INSTYTUT BADAWCZY**  
**PLANT BREEDING AND ACCLIMATIZATION INSTITUTE**  
**NATIONAL RESEARCH INSTITUTE**

tel.centrala: +(4822)7253611, fax: +(4822)7254714, e-mail: [postbox@ihar.edu.pl](mailto:postbox@ihar.edu.pl),  
<http://www.ihar.edu.pl>, REGON 000079480, NIP 529-000-70-29, KRS 0000074008  
Nr konta: PEKAO I/O Błonie, 54 1240 2164 1111 0000 3561 7204

**Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych**  
PL 05-870 Błonie, Radzików  
tel. +(4822) 733 46 50

Radzików, 16-11-2023

Dr hab. Maja Boczkowska  
Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych  
Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin –  
Państwowy Instytut Badawczy  
Radzików, 05-870 Błonie

**RECENZJA**

rozprawy doktorskiej mgr inż. Michała Wojcieszka  
pt. „Składanie, adnotacja i porównanie genomów mutantów chemicznych ogórka (*Cucumis sativus* L.)”  
wykonanej pod kierunkiem prof. Dr hab. Wojciecha Pładra  
z Katedry Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin Instytutu Biologii Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w  
Warszawie

Podstawą wykonania recenzji była uchwała Rady Dyscypliny Rolnictwo i Ogrodnictwo Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie o powołanie recenzenta w przewodzie doktorskim mgr. Inż. Michała Wojcieszka z dnia 14.09.2023 przekazana pismem Dyrektora Instytutu Nauk Ogrodniczych dr hab. Dariusza Wrony, prof. SGGW z dnia 18.09.2023.

Przedstawiona do recenzji rozprawa doktorska dotyczy porównania genomów linii mutantów chemicznych ogórka z genomem linii wyjściowej w celu wykrycia różnic powstałych w wyniku działania czynnika mutagennego tj. etylenoiminy. W pracy wykorzystano trzy linie mutantów pochodzące z kolekcji Katedry Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin. Badania wchodzące w skład rozprawy doktorskiej prowadzone były w ramach projektu badawczego pt. „Genomiczne i transkryptomiczne konsekwencje różnych metod generowania zmienności u ogórka”. KGHBiR ma wieloletnią tradycję badań, w których ogórek wykorzystywany jest jako roślina modelowa. U podstaw utworzenia kolekcji mutantów ogórka leży niski poziom zmienności występującej naturalnie u tego gatunku. Kolekcja ta, jest wyjątkowym zbiorem mutantów, a jej utrzymanie i dalsza charakterystyka wchodząca m.in. w skład niniejszej dysertacji stanowią swoisty hołd dla jej inicjatorów i twórców.

**Formalny opis rozprawy**

Licząca 119 stron rozprawa została napisana w języku polskim, zawiera krótkie streszczenia w języku polskim i angielskim (1 strona), wykaz skrótów stosowanych w tekście (1 strona) i czytelny spis treści (1 strona). Dysertacja została podzielona na siedem rozdziałów. Wstęp i Przegląd literatury liczą łącznie 22 strony oraz trzy ryciny (nie figury). Następnie Doktorant przedstawił hipotezę badawczą i cel pracy. Rozdział Materiał i metody liczy dziewięć stron i zawiera dwie ryciny w tym schemat metodyki i jeden wzór. Wyniki zostały opisane łącznie na 29 stronach, przedstawione na 14 rycinach i w 21 tabelach. Dyskusja licząca 19 stron poprzedza jednostronicowe Wnioski.



Końcowa część pracy składa się ze spisu piśmiennictwa liczącego 247 pozycji umieszczonych na 16 stronach, adresów internetowych wykorzystanych programów (1 strona) i Suplementu (7 stron), w którym umieszczonych zostało sześć tabel i trzy ryciny.

## Ocena merytoryczna

### Streszczenie

Streszczenia w obu wersjach językowych są tożsame. Pojawiają się w nich jednak skróty takie jak: PVP, GO, COG i SNV, których wyjaśnienie znajdziemy dopiero w dalszych częściach rozprawy.

### Skróty i objaśnienia

Lista skrótów obejmuje 30 pozycji. W większości przypadków pełne nazwy rozwijanych skrótów podane są zarówno w języku polskim jak i angielskim. Wyjaśnienia skrótów są w zasadzie prawidłowe, choć w niektórych przypadkach brak jest jednej z dwóch wersji językowych. Widoczny jest także brak konsekwencji w formatowaniu tekstu – czasami pełna nazwa w języku angielskim zaczyna się z wielkiej a czasami z małej litery, natomiast polskie wersje nazewnictwa umieszczane są po myślniku lub bezpośrednio za nawiasem, w którym znajduje się angielskojęzyczna wersja nazwy skrótu. Przy objaśnieniu pierwszej pozycji tj. CRISPR dwukrotnie użyto skrótu ang. Brakuje także objaśnienia skrótów COG, PVP, EI i wielu innych pojawiających się w następnych rozdziałach dysertacji.

### Spis treści

Spis treści jest czytelny. Brakuje w nim jednak dwóch ostatnich części rozprawy, a mianowicie adresów internetowych wykorzystanych programów i Suplementu.

### Wstęp

Wstęp choć krótki, to jednak dobrze wprowadza czytelnika w tematykę badań wchodzących w skład rozprawy doktorskiej.

### Przegląd literatury

Przegląd literatury obejmuje pięć obszarów tematycznych ściśle powiązanych z zakresem rozprawy doktorskiej. Doktorant porusza tu kwestie dotyczące mutagenezy, obiektu badań, czyli ogórka, sekwencjonowania DNA i bioinformatycznych aspektów składania i adnotacji genomu oraz genomiki porównawczej. Jest to właściwie skonstruowana część rozprawy. Doktorant podaje najpierw informacje ogólne, a następnie przechodzi do szczegółów. Niemniej jednak występuje w niej kilka błędów, skrótów myślowych i innych drobnych niedociągnięć.

W podrozdziale „Mutageneza” znalazła się informacja na temat wpływu czynników fizycznych i chemicznych na zmiany w organizmach, w tym o wpływie sadzy na rozwój raka moszny w 1974 roku. Pozycja literaturowa dla tej informacji ma datę 1957. Autorem oryginalnej pracy na ten temat był brytyjski chirurg Percivall Pott, a informacja ukazała się w 1775 roku w opracowaniu pt. „Chirurgical observations relative to the cataract, the polypus of the nose, the cancer of the scrotum, the different kinds of ruptures, and the mortification of the toes and feet” wydanym w Londynie.

Z sekcji 2.1.1.1 „Mutacje genowe” pochodzi następujący akapit: „Transwersja – Drugi typ mutacji SNP. Polega na zmianie jednego nukleotydu na drugi między grupami zasad azotowych. (Collins i Jukes, 1994). Występuje rzadziej z tego względu, że powoduje poważniejsze zmiany.” Proszę o wyjaśnienie co dokładnie oznacza termin „poważniejsze zmiany”.

W sekcji 2.1.1.3 „Zmiany liczbowe” występuje błąd gramatyczny: jest „monoploidia” powinno być „monoploidie” skoro wcześniej jest: „euploidie – zmiany (...) które można pogrupować na”.

W sekcji 2.2.3 „Mutanty chemiczne stosowane u roślin” Doktorant używa terminów: „związki te możemy podzielić na mono-, dwu- lub poli-funkcjonalne”. Od strony językowej lepiej brzmiałoby: jedno-, dwu- lub wielofunkcjonalne albo mono- di- lub polifunkcjonalne. Dzięki czemu zachowana jest konsekwencja stosowania polskich lub pochodzących z greckiego pierwszych członów wyrazów złożonych. W obu przypadkach te przymiotniki złożone pisane są jednak łącznie.

W dalszej części tej sekcji znalazł się zapis „O-6-guanina tworzy pary zasad z tyminą zamiast z guaniną” poprawny zapis to: O-6-metyloguanina tworzy pary zasad z tyminą zamiast z cytozyną”.

W sekcji 2.2.1 „Aktualny stan wiedzy” brakuje odniesień literaturowych dotyczących fragmentu: „Mutanty uzyskiwano za pomocą mutagenezy...”

W sekcji 2.2.2 „Mutanty chemiczne KGHIBR” pierwszy i drugi akapit należy połączyć. Obecny zapis sugeruje, że badania z wykorzystaniem mutagenezy chemicznej prowadził zupełnie inny zespół niż ten



związany prof. Kubickim.

W opisie mutantu W97 w zdaniu „Poza tym, posiada mniejsze nasiona i mniejszą ich żywotność” brakuje podmiotu. Sugerowałabym również zamienić „mniejszą ich żywotność” na „o obniżonej żywotności”.

Proszę wyjaśnić co w opisie mutantu *chp* oznacza stwierdzenie „normalne” umieszczone w zdaniu „Owoce są drobne, o nielicznych nasionach, z których jednak wyrastają normalne i płodne osobniki”.

W ostatnim akapicie tej sekcji znajduje się dość niefortunne sformułowanie „kolekcja jest utrzymywana i odświeżana w bibliotece nasion” sugeruję zmianę na „a ich nasiona są przechowywane i utrzymywane w stanie żywym w kolekcji KGHIBR” lub „kolekcja ta w formie próbek nasion jest przechowywana i regenerowana w KGHIBR”.

W podrozdziale 2.3 „Sekwencjonowanie DNA” Doktorant zamieścił informację „Zastosowanie metod alternatywnych do PCR pozwala ograniczyć liczbę błędów systemowych oraz duplikacji podczas sekwencjonowania genomów mających problem z częstością występowania par GC (Kozarewa i wsp., 2009).” Proszę o wyjaśnienie co oznacza stwierdzenie, że genom ma problem z częstością par GC? Proszę również o wskazanie, która z aktualnie stosowanych technologii sekwencjonowania następnej generacji nie wykorzystuje reakcji PCR.

W kolejnym zdaniu umieszczono informację, że w trakcie sekwencjonowania rejestrowany jest sygnał z włączania wyznakowanych nukleotydów. W przypadku technologii bazującej na wykrywaniu zmian ładunku elektrycznego (Ion Torrent, Ion Proton) chip z mikrodołkami jest sekwencyjnie zlewany niemodyfikowanymi nukleotydami.

Jako główne technologie sekwencjonowania drugiej generacji, które są obecnie stosowane Doktorant wymienia: „Illumina HiSeq i MiSeq (Illumina Inc.), Retrovolocity (BGI), Solid i Ion Proton (Thermo Fisher Scientific)” Niestety nie są to technologie sekwencjonowania a ich nazwy komercyjne. Technologie sekwencjonowania NGS to np. sekwencjonowanie przez syntezę z wykorzystaniem detekcji przy użyciu fluorochromów (Illumina), sekwencjonowanie przez syntezę z wykorzystaniem detekcji przez system jonowo-półprzewodnikowy (Ion Torrent, Ion Proton) itp.

Nie mogę w pełni zgodzić się ze stwierdzeniem, że technologie sekwencjonowania trzeciej generacji obarczone są dużym tj. około 13% poziomem błędów. Aktualnie poziom błędów w sekwencjach uzyskiwanych z wykorzystaniem PacBio Revio jest na poziomie około 0.3%.

Pod koniec sekcji 2.4 „Składanie i adnotacja genomu” pojawia się termin proteina zamiast białko. Termin ten pojawia się jeszcze kilkakrotnie w dalszej części rozprawy doktorskiej.

W drugim akapicie sekcji 2.5 „Metody bioinformatyczne genomiki porównawczej” wskazano trzy grupy różnic – chromosomowe, strukturalne i nukleotydowe. Jednak w dalszej części akapitu odniesiono się jedynie do dwóch z nich.

Na stronie 34 umieszczone są dwa wzory – specyficzność i FDR. Wzory te powinny być zapisane w generatorze równań i być umieszczone w oddzielnej linii, tak jak uczyniono to w rozdziale Materiał i metody.

#### **Hipoteza badawcza i cel pracy**

W hipotezie badawczej należy skorygować „ilość polimorfizmów”. Poprawna forma to liczba polimorfizmów – polimorfizmy są policzalne.

#### **Materiał i metody**

Rozdział został napisany w przejrzysty sposób. Zawiera stosunkowo nieliczne błędy interpunkcyjne i edytorskie. Na stronie 42 należy skorygować słowo koców na końców. Na stronie 46 przy cytowaniu publikacji Turek i wsp. 2023a i 2023b w nawiasach niepotrzebnie umieszczono nazwę lub skrót czasopisma tj. Metabolites i IJMS. Na tej samej stronie zamieszczony został cytat „*In order to work ...*” niestety nie podano jego źródła.

#### **Wyniki**

Nie mam większych zastrzeżeń do opracowania i opisanie uzyskanych wyników. Tak samo jak we wcześniejszych rozdziałach występują tu błędy edytorskie, interpunkcyjne i gramatyczne związane z odmianą przez przypadki. Mam jednak kilka pytań.

Nie rozumięłam jest dla mnie zdanie „Liczba kontigów w zbiorze była najniższa dla linii WSK – 28 741, z kolei najgorszy parametr pod tym względem miała linia W19 – 30 077, co wynosi ok 4,5%.”. Co oznacza najgorszy parametr i do czego odnosi się 4,5%?



Dane umieszczone w tekście na stronie 63 nie są zgodne z tymi zawartymi w Tabeli 14. „Region genowy został podzielony na trzy struktury - UTR, Ekson i Intron. Największy odsetek SNV posiada linia Sh - 35,18% w tym 6,56% w eksonach natomiast dla linii WSK jest to odpowiednio 30,71% i 4,73 %.” Według tabeli w regionach genowych (UTR + Ekson +Intron) znajdowało się 21,13% SNV w linii Sh i 16,67% SNV w linii WSK.

Na stronie 64 znajduje się zapis: „Wszystkie geny, które ulegają wysokiemu wpływowi SNV, kodują białka, a wyjątkiem jest 6 genów z linii W19, które są zidentyfikowane jako długie niekodujące międzygenowe RNA (lincRNA).” Jeśli wszystkie geny kodują białka to nie mogą występować wyjątki w postaci lincRNA. Moje wątpliwości budzi również kolejne zdanie umieszczone na stronie 64 a mianowicie: „Adnotacja funkcjonalna wybranych genów będących pod wysokim wpływem wykrytych unikalnych polimorfizmów przyporządkowała do rodzin funkcyjnych (...)”. Co oznacza, że gen był pod wpływem wykrytych polimorfizmów lub ulegał wpływowi SNV?

Sadzę, że tabele 18-20 powinny znajdować się w suplementcie. Są duże, mało czytelne i niewiele wnoszą do opisu wyników. Przy tego typu tabelach czasem warto zmienić orientację stron.

Proszę wyjaśnić co oznacza, że chromosomy 1 i 7 były wspólne dla wszystkich linii – zapis pochodzi ze strony nr 70.

Na stronie 75 użyłabym raczej terminu rozwój siewek niż rozwój sadzonek.

## Dyskusja

Dyskusja jest wyczerpująca (19 stron), dość dobrze napisana, choć brakuje zachowania konwencji podrozdziałów, które z pewnością ułatwiłyby czytanie. Doktorant opierając się na dostępnej literaturze prawidłowo odnosi się do swoich wyników. Wskazuje to, że Pan mgr inż. Michał Wojcieszek dobrze orientuje się w piśmiennictwie naukowym dotyczącym problematyki badań i umie wykorzystać je przy dyskusji własnych wyników. Doktorant wskazuje również na kierunki kolejnych badań omicznych, których efektem może być wskazanie konkretnych genów, białek i procesów biologicznych mogących mieć wpływ na fenotyp mutantów.

## Wnioski

Wniosek nr 1: „Zastosowana technologia NGS (Illumina) oraz analizy bioinformatyczne detekcji polimorfizmów są dobrze dobrane, gdyż potwierdzone zostały w analizach amplifikacji i ponownego sekwencjonowania”. Potwierdzenie wyników NGS poprzez amplifikację i resekwencjonowanie wybranych fragmentów genomu nie świadczy o dobrym doborze zastosowanej technologii, a jedynie o poprawnym wykonaniu analiz.

Wniosek nr 4: „Największa liczba wspólnych miejsc w obrębie chromosomów 1, 2, 3, 4 i 7 może być związana z morfologią chromosomów”. Wniosek nie jest poparty wynikami. W rozprawie nie ma odniesienia do morfologii chromosomów.

Wniosek nr 5: „Liczba polimorfizmów w genomie nie ma bezpośredniego przełożenia na ilość zmian fenotypowych u analizowanych mutantów” Konieczna jest zmiana ilości na liczbę, gdyż zmiany fenotypowe są policzalne.

Wniosek nr 8: „Potrzebne są dalsze analizy z uwzględnieniem kolejnych poziomów omicznych aby oszacować szlaki metaboliczne, które nadają specyficzne cechy badanym mutantom” Jest to podsumowanie a nie wniosek.

## Spis piśmiennictwa

Spis piśmiennictwa odbiega w kilku przypadkach od cytowań umieszczonych w treści rozprawy doktorskiej. Brak w nim także niektórych pozycji oraz pojawiają się takie, na które nie powoływano się w treści rozprawy. Poniżej zamieszczam szczegółową analizę spisu piśmiennictwa.

### Jest tylko w spisie piśmiennictwa

de Milliano, M. J. K., R. T. Folkertsma, M. Q. M. van Paassen, J. S. de Vries, M. B. Sela. 2012. Fusarium resistant cucumber plants. US

### Jest tylko w treści rozprawy

Altschul i wsp., 1997  
Benlloch i wsp., 2007  
Abe i wsp., 2005  
Bradley i in. 1997  
Crienen i wsp., 2009  
Davis i wsp., 2008  
de Milliano i wsp. 2013

- patent US 2012/0066790 A1.
- El-Najjar, N., Gali-Muhtasib, H., Ketola, R. A., Vuorela, P., Urtti, A., Vuorela, H. (2011). The chemical and biological activities of quinones: overview and implications in analytical detection. *Phytochemistry Reviews*, 10, 353-370.
- Huntley RP, Sawford T, Mutowo-Muellenet P, Shypitsyna A, Bonilla C, Martin MJ, O'Donovan C. (2014) The GOA database: Gene Ontology annotation updates for 2015. *Nucleic Acids Research*
- Mi, H., Guo, N., Kejariwal, A. i Thomas, P.D. (2007). PANTHER version 6: protein sequence and function evolution data with expanded representation of biological pathways. *Nucleic Acids Research* 35 (Database issue), D247-52.
- Pląder, W. (2005). Sequencing and analysis of cucumber (*Cucumis sativus* L.) chloroplast genome. Wydawnictwo Naukowe Semper.
- Rapoport, I. A. (1962). Effect of ethylene oxide, glycidol, and glycols on gene mutations. National Science Foundation and the Department of Agriculture.
- Shirasawa, K., Hirakawa, H., Nunome, T., Tabata, S., Isobe, S. (2016). Genome-wide survey of artificial mutations induced by ethyl methanesulfonate and gamma rays in tomato. *Plant biotechnology journal*, 14(1), 51-60.
- Wu, J. L., Wu, C., Lei, C., Baraoidan, M., Bordeos, A., Madamba, M. R. S., Ramos-Pamplona, M., Mauleon, R., Portugal, A., Ulat, V. J., Bruskiwicz, R., Wang, G., Khush, G., Leung, H. (2005). Chemical- and irradiation-induced mutants of indica rice IR64 for forward and reverse genetics. *Plant molecular biology*, 59, 85-97.
- Ponadto w przypadku Liu i wsp., 2013 w tekście brak oznaczenia pozycji 2013a i 2013b natomiast w spisie piśmiennictwa występują dwie pozycje tj.
- 1) Liu, C., Teo, Z. W. N., Bi, Y., Song, S., Xi, W., Yang, X., Yin, Z., Yu, H. (2013). A conserved genetic pathway determines inflorescence architecture in Arabidopsis and rice. *Developmental cell*, 24(6), 612-622.
  - 2) Liu, Y., Schröder, J., i Schmidt, B. (2013). Musket: a multistage k-mer spectrum-based error corrector for Illumina sequence data. *Bioinformatics*, 29(3), 308-315.
- W treści rozprawy występują cytowania Kubicki i wsp., 1986; Kubicki i wsp., 1986a i Kubicki i wsp., 1986b. W spisie występują tylko dwie pozycje tj:
- 1) Kubicki, B., Sołtysiak, U., Korzeniewska, A., (1986a). Induced mutations in cucumber (*Cucumis sativus* L.). 4. a mutant of the bush type of growth. *Polish Journal of Theoretical and Applied Genetics*. Vol 27 273 – 287
  - 2) Kubicki, B., Sołtysiak, U., Korzeniewska, A., (1986b). Induced mutation in cucumber (*Cucumis sativus* L.) V. Compact type of growth. *Genetica Polonica*, 27(3-4).
- Pozycja : Li, H. (2015). BFC: correcting Illumina sequencing errors. *Bioinformatics*, 31(17), 2885-2887. Występuje w spisie dwukrotnie (Li, H. (2015a). BFC: correcting Illumina sequencing errors. *Bioinformatics* 31(17), pp. 2885–2887.)
- Fijiedia i Fujita, 1978  
Gehrig i Keller, 1980  
Huntley i wsp., 2015
- Kauffman i Lower, 1976  
Li i wsp., 2011  
Lohmann i in., 2001  
Mi i wsp., 2005
- Niemirowicz-Szczytt i wsp., 1996  
Oehlkers, 1946  
Oehlkers, 1949  
Pląder i wsp., 2005
- Rapoport, 1948  
Shannon i Meeks-Wagner 1991
- Shirasawa i wsp., 2015
- Wig 2006  
Wu 2005



## Ocena edytorskiej strony rozprawy

Zredagowanie rozprawy pozostawia wiele do życzenia. Najsłabszą stroną pracy jest interpunkcja. Brakuje tak wielu kropek na końcu zdania i rozpoczęcia zdania od wielkiej litery, że nasuwa się przypuszczenie, iż Doktorant dysponował wadliwą klawiaturą komputera. Cytowania w tekście mają różne formatowanie tj Autor, rok lub Autor rok. Brak ujednoczenia formatowania punktów i tabel. Nazwy łacińskie powinny być pisane kursywą i przy pierwszym użyciu podane w pełnym brzmieniu. Nazwy genów także nie zawsze miały odpowiedni styl czcionki – normalny zamiast kursywy. W przypadku odwołań do stron internetowych brak jest dat, kiedy z nich korzystano. W tekście rozprawy nadużywane jest słowo unikalny jako kalka z języka angielskiego „unique”. Pojawia się ono aż 15 razy w tekście, a wielu miejscach mogło być zastąpione przez „wyjątkowy”, „jedyne w swoim rodzaju”, „rzadki” lub „niepowtarzalny”.

## Pytania

Chciałabym poprosić Doktoranta o przedyskutowanie następujących zagadnień:

- 1) Jaki wpływ na analizę zróżnicowania poprzez przyrównanie do genomu referencyjnego mają zmiany o charakterze strukturalnym i czy zastosowana w trakcie badań metoda pozwalała na ich wykrycie?
- 2) Dlaczego w przypadku materiałów pochodzących z uprawy polowej zawsze występował niższy poziom pokrycia genomu i mniejsza liczba zmapowanych odczytów?

## Podsumowanie

Rozprawa doktorska Pana mgr inż. Michała Wojcieszka ma dużą wartość poznawczą. Uzyskane przez niego wyniki dostarczyły informacji o skali zmian w genomie linii B10 ogórka w wyniku oddziaływania mutagenem chemicznym jakim jest etylenoamina. Doktorant w podsumowaniu wskazuje dalsze istotne kierunki badań, których efektem może być wskazanie konkretnych genów, białek i procesów biologicznych mogących mieć wpływ na fenotyp mutantów.

Pomimo przedstawionych w recenzji krytycznych uwag i komentarzy, pozytywnie oceniam wartość naukową rozprawy. Uzasadniając tę ocenę chciałabym podkreślić oryginalność badań, skalę analiz bioinformatycznych, ich pracochłonność i czasochłonność oraz fakt, że praca wnosi nowe wartości poznawcze.

## Wniosek końcowy

Stwierdzam, że rozprawa doktorska mgr inż. Michała Wojcieszka pt.: „Składanie, adnotacja i porównanie genomów mutantów chemicznych ogórka (*Cucumis sativus* L.)” spełnia warunki określone w Art. 13 ustawy z dnia 14 marca 2003 r. o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. z 2017 r., poz. 1789) w związku z art. 179 Ustawy z dnia 3 lipca 2018 r. Przepisy wprowadzające ustawę – Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz.U. z 2018 r., poz. 1669). Biorąc pod uwagę powyższe, przedkładam wniosek do Rady Dyscypliny Rolnictwo i Ogrodnictwo Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie o dopuszczenie mgr inż. Michała Wojcieszka do dalszych etapów postępowania o nadanie stopnia doktora nauk rolniczych w zakresie rolnictwo i ogrodnictwo.

