



Warszawa, dn. 21 wrzesień 2023 r.

dr hab. inż. Marcin Olszewski, prof. uczelni
Katedra Biotechnologii Środków Leczniczych i Kosmetyków
Wydział Chemiczny
Politechnika Warszawska

**Recenzja rozprawy doktorskiej mgr Sebastiana Dorawy zatytułowanej
„Charakterystyka molekularna polimerazy DNA faga Tt72 bakterii *Thermus thermophilus*
MAT72”**

Recenzowana rozprawa doktorska mgr Sebastiana Dorawy została wykonana w Katedrze Mikrobiologii Wydziału Biologii Uniwersytetu Gdańskiego, pod kierunkiem prof. dr hab. Tadeusza Kaczorowskiego.

Nadrzędnym celem pracy było zbadanie właściwości polimerazy DNA faga Tt72 bakterii *Thermus thermophilus* MAT72 i ustalenie jej przynależności do odpowiedniej rodziny polimeraz DNA. Ponadto celem dodatkowym była analiza porównawcza cech przedmiotowego enzymu z zarówno komercyjnie dostępnymi polimerazami DNA, jak i dotąd niescharakteryzowanymi polimerazami DNA typu A z bakteriofagów *T. thermophilus*, których pierwszorzędowa struktura wykazuje wysoki poziom podobieństwa. Nie mam wątpliwości, że zakres tematyczny niniejszej pracy i jej cele są ważne i wartościowe.

Intensywny rozwój biotechnologii, w tym metod opartych na amplifikacji kwasów nukleinowych, skłania naukowców do poszukiwania nowych bądź ulepszonych polimeraz DNA, które mogą być zastosowane w różnych technikach molekularnych, w tym między innymi łańcuchowej reakcji polimerazy, sekwencjonowaniu, klonowaniu molekularnym, znakowaniu DNA czy mutagenezie. Reakcje związane z powielaniem materiału genetycznego stanowią podstawę



diagnostyki molekularnej zarówno chorób genetycznych, jak i zakaźnych, czego można było w szczególności doświadczyć w czasie pandemii koronawirusa. Ponadto są one też powszechnie wykorzystywane w badaniach sądowych, weterynarii oraz przemyśle spożywczym. Pomimo znaczącej liczby dostępnych polimeraz DNA, wciąż istnieje zapotrzebowanie na nowe enzymy o unikalnych cechach, pozwalające na dalszy szybki rozwój diagnostyki molekularnej. Ze względu na powyższe, zainteresowanie zarówno naukowców, jak i przemysłu biotechnologicznego jest ogromne, a ilość doniesień naukowych i patentów już dawno przekroczyła wartość 50 000. Tematyka badawcza niniejszej dysertacji wpisuje się w trendy współczesnych badań, a jej owoce mogą stanowić cenny wkład w rozwój nauki.

Rozprawa doktorska mgr Sebastiana Dorawy, napisana w języku polskim, obejmuje 149 stron maszynopisu, podzielonych na 7 ponumerowanych rozdziałów, wśród których znajdują się elementy typowe dla tego typu utworów m.in.: streszczenie w języku polskim i angielskim (2 strony), wstęp (23 strony), cel pracy (1 strona), opis zastosowanych w pracy metod badawczych (30 stron), wyniki badań własnych (53 strony), dyskusję (13 stron). Ponadto praca zawiera wykaz stosowanych skrótów (2 strony) oraz bibliografię zawierającą aż 222 pozycje literaturowe. W tym miejscu warto nadmienić, że cennym elementem składowym pracy byłby spis rycin i tabel, a zwłaszcza zwięzłe podsumowanie. W przypadku wstępu teoretycznego warto byłoby wzbogacić go o bardziej szczegółowy opis dot. budowy znanych bakteriofagowych polimeraz DNA, przy czym zaznaczyć trzeba, że tym polimerazom poświęcono niespełna pół strony tekstu, co biorąc pod uwagę tematykę pracy stanowi dość skromną ilość materiału. Ponadto we wstępie teoretycznym wspomniano niewiele nt. właściwości bakteriofagowych polimeraz DNA, co jest zdumiewające, bowiem w części eksperymentalnej pracy doktorant poświęca najwięcej miejsca. Na uznanie zaś zasługuje fakt dość szczegółowego opisanie zastosowania polimeraz DNA pochodzących z bakteriofagów T4, T7 czy phi29. Tekst rozprawy doktorskiej został napisany zrozumiałym i poprawnym językiem, jednakże nie jest on wolny od błędów, szczególnie znajdują się w dalszej części recenzji.

Prace eksperymentalne zostały podzielone na aż siedemnaście powiązanych ze sobą tematycznie części, co pozwoliło na uzyskanie dość jednoznacznych, a zarazem cennych wyników. Wszystkie doświadczenia zostały zaplanowane w przemyślany i staranny sposób, a kolejne etapy



badania stanowią logiczną konsekwencję uzyskanych wcześniej wyników. Dobór zarówno metod nadprodukcji, trójstopniowego oczyszczania i wieloaspektowej charakterystyki molekularnej rekombinowanej polimerazy DNA faga Tt72, dokonano w adekwatny do zrealizowania założonych celów sposób, zresztą podobnie jak i pozostałych rekombinowanych białek otrzymanych w niniejszej rozprawie doktorskiej. W początkowej fazie prac badawczych przeprowadzono analizę *in silico* genomu bakteriofaga vB_Tt72, co pozwoliło na identyfikację sekwencji genu *polA*, kodującego polimerazę DNA, będącą głównym obiektem badań. Przeprowadzono też analizę porównawczą sekwencji aminokwasowych kilku polimeraz DNA, dzięki czemu można było wstępnie zakwalifikować przedmiotowy enzym do rodziny A polimeraz DNA, co w kolejnych etapach prac zostało ostatecznie potwierdzone. Następnie określono aktywność biologiczną polimerazy DNA Tt72 w komórkach *E. coli* za pomocą testu komplementacji. W kolejnych etapach pracy przeprowadzono klonowanie genu *polA* do wektora ekspresyjnego i na bazie otrzymanego konstruktu dokonano wydajnej nadprodukcji polimerazy DNA Tt72 w systemie ekspresyjnym *E. coli*. Enzym oczyszczono do homogenności wykorzystując w tym celu denaturację białek gospodarza i dwa etapy chromatograficzne, które są najczęściej stosowane w otrzymywaniu tego typu białek. Tak przygotowany preparat białkowy poddano szerokiemu spektrum badań z wykorzystaniem nowoczesnego i niejednokrotnie unikalnego instrumentarium. Dzięki wykorzystaniu sączenia molekularnego określono zarazem masę cząsteczkową, jak też dowiedziono monomeryczność białka, potwierdzając to dodatkowo niezależną metodą ultrawiorowania analitycznego. W dalszej mierze dobrano odpowiednie warunki amplifikacji DNA dla przedmiotowego enzymu, wyznaczając m.in. optymalną temperaturę, pH i skład buforu reakcyjnego. Przeprowadzono również eksperymenty pozwalające na określenie stabilności termicznej polimerazy DNA Tt72 z wykorzystaniem dwóch niezależnych metod, tzn. różnicowej kalorymetrii skaningowej i nanoróżnicowej fluorymetrii skaningowej, uzyskując zbieżne rezultaty, które zostały dodatkowo uzupełnione o pomiary dichroizmu kołowego w celu zbadania stopnia uporządkowania struktury drugorzędowej w zmiennych warunkach temperaturowych. W ten sposób uzyskano kompletne wyniki analizy związanej z określeniem termostabilności białka, która okazała się stosunkowo niska, dlatego też postanowiono zbadać wpływ chemicznych chaperonów na zwiększenie jego stabilności termicznej.



W tym celu wykorzystano kilka związków chemicznych, przy czym wszystkie wykazały wysoki wpływ na aktywność, a tym samym na stabilność termiczną polimerazy DNA Tt72. Dodatkowo przeprowadzono eksperymenty dowodzące braku aktywności terminalnej transferazy w przedmiotowym enzymie oraz określające stałą dysocjacji dzięki analizie oddziaływań polimerazy DNA z dsDNA za pomocą metody termoforezy mikroskalowej. Zbadano też szereg innych właściwości enzymu tj. aktywność egzonukleolityczną 3'→5' polimerazy DNA Tt72, wierność, wypełnianie/usuwanie kohezyjnych końców w DNA, czy analizę stępania produktów PCR. Dokonano też analizy wpływu lokalizacji domeny histydynowej na aktywność badanego enzymu, wykazując, że zarówno jej N- i C-terminalne umiejscowienie nie zakłóca ani aktywność nukleotydylotransferazy ani aktywności egzonukleolitycznej 3'→5'. To nie koniec prac eksperymentalnych Pana mgr Sebastiana Dorawy, ponieważ podjął się on dodatkowego trudu i otrzymał dwie inne polimerazy DNA pochodzące z bakteriofagów ϕ YS40 oraz ϕ TMA, infekujących tego samego gospodarza co bakteriofag Tt72 czyli bakterię *T. thermophilus*, ze względu na fakt wysokiej identyczności sekwencji aminokwasowej wynoszącej ponad 90%. Nie tylko sklonował on ich geny kodujące polimerazy DNA i otrzymał funkcjonalne białka w analogiczny sposób jak dokonał tego wcześniej dla badanego enzymu bakteriofaga Tt72, ale też porównał aktywność badanych polimeraz DNA względem siebie, uzyskując bardzo zbliżone rezultaty. W końcowej części badań dokonał analizy funkcjonalnej polimerazy DNA Tt72 w oparciu o trzeciorzędową strukturę polimerazy DNA Tt72 uzyskaną dzięki modelowaniu homologicznemu, które pozwoliła na wyodrębnienie funkcjonalnych domen, subdomen i lokalizację m.in. miejsca wiązania substratu i części katalitycznych enzymu. Dzięki strukturze udało się też wytypować 10 ważnych reszt aminokwasowych w obrębie domeny egzonukleazy 3'→5' i aż 21 ważnych reszt aminokwasowych w obrębie domeny nukleotydylotransferazy, mogących pełnić istotną rolę w aktywności enzymatycznej polimerazy DNA Tt72. W związku z powyższym Pan mgr Sebastian Dorawa podjął się wielkiego wyzwania otrzymania i zbadania aktywności i stabilności termicznej wszystkich zmutowanych 31 form przedmiotowego enzymu, co udało mu się osiągnąć z sukcesem. Na koniec swojej wytrwałej i godnej uznania mozolnej pracy eksperymentalnej podjął się skomentowania wszystkich uzyskanych rezultatów w znakomitej dyskusji, sporządzonej w sposób bardzo



przemyślany i dojrzały naukowo. Tę część pracy czyta się z niebywałą przyjemnością i można zauważyć wręcz ewolucję pisarską, ponieważ we wcześniej opisanej części eksperymentalnej znajduje się sporo błędów językowych, edytorskich i stylistycznych, tak w ostatniej części rozprawy doktorskiej jest ich znikoma ilość, a konstrukcji zdań i ich logice niewiele można zarzucić. Zazwyczaj w pracach naukowych to dyskusja następuje najwięcej problemów, a tu jest odwrotnie. Tak jak wspomniano wcześniej odczuwalny jest niedosyt z powodu braku końcowego chociażby jednostronicowego podsumowania uzyskanych wyników, precyzyjnego wskazania dalszych planów badawczych polimerazy DNA bakteriofaga vB_Tt72 i możliwości potencjalnego zastosowania w technikach biologii molekularnej, co byłoby z pewnością najlepszym uwieńczeniem prac nad tym enzymem.

Zamierzone cele zostały osiągnięte, wzbogacając świat nauki w cenne informacje. Uzyskane przez Pana mgr Sebastiana Dorawę wyniki mają dużą wartość poznawczą i z pewnością będą stanowić podwaliny pod dalsze badania zespołu Katedry Mikrobiologii Wydziału Biologii Uniwersytetu Gdańskiego oraz innych grup naukowych, bowiem zaprezentowane w recenzowanej pracy wyniki zostały upublicznione w anglojęzycznym czasopiśmie naukowym.

Lektura rozprawy doktorskiej nasunęła też kilka pytań, do których ustosunkowanie się proszę Autora:

- a. We wstępie teoretycznym (s.33) opisano sekwenazę 2.0, ale nie wskazano jej producenta oraz faktu, że jest to nazwa komercyjna zastrzeżona - Sequenase™ Version 2.0.
- b. Czy wiadomo jakie korzyści praktyczne płyną z otrzymania i scharakteryzowania nowej polimerazy DNA?
- c. W rozdziale „Materiały” na s.37 w przypadku pochodzenia szczepu *E. coli* DH5alfa powinna być wskazana firma (np. NEB, Thermo Fisher Scientific), a nie kolekcja Katedry Mikrobiologii UG.
- d. W tabeli nr 12 (s.39) wskazano oligonukleotydy do mutagenyzy miejscowo-specyficznej bez zaznaczenia części sekwencji DNA, która jej podlegała.



- e. Brak rozwinięcia niektórych skrótów jak np. TBE (s. 45), PBS, PBS-T (s. 48), TCA (s.60) w treści pracy lub wykazie stosowanych skrótów.
- f. Do sączenia molekularnego wykorzystano kolumnę Superdex 75 10/300, której rozdzielczość wg producenta (Cytiva) i doświadczeń recenzenta mieści się w zakresie od 3 do 70 kDa, a w eksperymentach zastosowano wzorec białkowy w postaci dehydrogenazy alkoholowej o masie 147 kDa (czyli ponad 2-krotnie większej niż powinno), a masa molekularna analizowanej w rozprawie doktorskiej polimerazy DNA bakteriofaga vB_Tt72 wynosi > 80 kDa. Dlaczego nie użyto adekwatnej do tak dużych mas w/w białek kolumny o rozdzielczości 10-600 kDa jak np. Superdex 200 10/300?
- g. Tabelę nr 23 (s. 67) niefortunnie nazwano „Programy wykorzystywane do analizy *in silico*”, bowiem zawarte są w niej nie tylko nazwy programów, ale też linki do stron, na których zamieszczone są proste narzędzia bioinformatyczne, np. tzw. kalkulatory służące prostym obliczeniom stężeń molowych DNA czy białek.
- h. Na ścieżce nr 1 ryciny nr 12 przedstawiającej analizę restrykcyjną konstruktów pHSG-polTMA uzyskana wielkość produktów trawienia w wyniku działania enzymów HindIII i NdeI nie odpowiada wielkości oczekiwanych produktów, tzn. deklarowany produkt 3469 pz znalazł się pomiędzy prążkami markera 3500 i 4000 pz, a produkt 1559 pz pomiędzy prążkami markera 2000 i 2500 pz. Dlatego też nie sposób jednoznacznie stwierdzić, czy udało się uzyskać właściwy konstrukt, tym bardziej, że w pracy nie zostały przedstawione analizy porównawcze wyników sekwencjonowania wklonowanych genów.
- i. Na rycinie nr 13 nie zaznaczono seryjnych rozcieńczeń bakterii, których wg opisu w tekście zastosowano aż sześć (10^{-1} - 10^{-6}). Można jedynie domyślać się, że w dolnej części zdjęć zobrazowano wyniki dotyczące największych rozcieńczeń mikroorganizmów. Dodatkowo w tytule lub opisie niniejszej ryciny warto wskazać, co przedstawiają fotografie, np. płytki LA z inkubowanymi w odpowiedniej temperaturze bakteriami.



- j. Z opisu przedstawionego na s.77-78 wynika, że zastosowano 3 różne temperatury (37°C, 30°C i 18°C) do nadprodukcji docelowego białka. Nie wskazano po jakim czasie od momentu indukcji 1 mM IPTG pobrano próbki do analizy elektroforetycznej w przypadku hodowli w temperaturze 30°C i 18°C. Jest to niezmiernie istotne, ponieważ z analizy żelu poliakrylamidowego (Ryc. 15) wynika, iż największy poziom nadprodukcji docelowego białka jak i białek gospodarza uzyskano w przypadku najniższej temperatury.
- k. W rozdziale „Materiały” nie przedstawiono zestawienia białek wzorcowych wykorzystanych do sączenia molekularnego, markerów wielkości DNA i markerów wielkości białek. Ponadto w opisach rysunków dot. żeli agarozowych i poliakrylamidowych zastosowano ogólne nazwy wzorców wielkości, które nie wskazują dokładnie rodzaju użytego markera – warto byłoby uwzględnić numer katalogowy. Np. pod nazwą „GeneRuler 1 kb DNA Ladder” sprzedawanych jest przez firmę Thermo Fisher Scientific kilka różnych markerów np. w zakresie 75-20000 pz, 250-10000 pz. Analogiczna sytuacja ma miejsce w przypadku wzorca masowego białek „Page Ruler Prestained Protein Marker” tego samego producenta.
- l. Nie zgadzam się z wysnutym wnioskiem zawartym na s.81 „Rozdział elektroforetyczny frakcji o najwyższym stężeniu białka ujawnił obecność polimerazy DNA Tt72 (Ryc. 17b, ścieżki 4-9)”. Na rycinie nr 17 w ścieżce nr 8 obecna jest niewielka ilość białka porównywalna ze ścieżką nr 1, na której przedstawiono wyniki płukania złoża, a na ścieżce nr 9 nie ma jakichkolwiek białek, więc przedstawiony w rozprawie wniosek jest, co najmniej nieprecyzyjny i powinien być ograniczony do 2 lub maksymalnie 4 ścieżek.
- m. Czy ryciny nr 20b i 20c przedstawiają fotografię faktycznie z eksperymentu Western blot czy raczej elektroforezy poliakrylamidowej SDS-PAGE? Wzór i intensywność prążków jest zbliżona do zdjęcia ryciny nr 18 (ścieżki 5 i 6). Zdjęcie wykonane w kolorze pomogłoby rozstrzygnąć tę kwestię.



- n. Czy dokonano badania aktywności dla wzorcowej polimerazy DNA np. dobrze opisanej w literaturze lub komercyjnie dostępnej, by mieć punkt odniesienia i móc zweryfikować poprawność przeprowadzonych eksperymentów?
- o. Na s.62 i s.97 brak wyjaśnienia dlaczego do eksperymentów wykorzystano shybrydyzowane ze sobą oligonukleotydy o długości 24 i 30 nt, stanowiące substrat do badania oddziaływania białko-DNA. Dlaczego posłużono się DNA o takiej długości a nie innej? Warto było jednocześnie przeprowadzić analogiczne doświadczenia dla kilku referencyjnych polimeraz DNA, by mieć punkt odniesienia do otrzymanej wartości K_D , tym bardziej, iż parametr ten dla polimeraz DNA uzyskiwany jest zazwyczaj innymi technikami np. SPR, ITC.
- p. Na s.100 określono wpływ stężenia dNTP na aktywność egzonukleolityczną 3'→5' polimerazy DNA Tt72 uzyskując interesujące wyniki przy bardzo wysokich stężeniach dNTP. Czy przeprowadzono doświadczenia dla enzymów referencyjnych? Jeśli nie, to w analizie wyników warto wskazać jak wg doniesień literaturowych zachowują się polimerazy DNA rodziny A w analogicznych warunkach.
- q. Rycina nr 38 przedstawia rozdział elektroforetyczny produktów reakcji wydłużania częściowo jednoniciowego plazmidu pSJ3/Nt.Bpu10I. Niestety analiza większości ścieżek tzn. od nr 3 do 8 jest niemożliwa ze względu na brak widocznego DNA na żelu agarozowym, dlatego też trudno zgodzić się ze stwierdzeniem Autora doświadczenia, że można zaobserwować formę liniową plazmidu pSJ3.
- r. W rozdziale „Dyskusja” wspomniano, iż chemiczne chaperony zdolne są do skracania wiązań wodorowych w cząsteczce białka. Proszę o wyjaśnienie co należy przez to rozumieć – jak może przebiegać proces „skracania wiązań”?



Praca doktorska została napisana w sposób zrozumiały i logiczny, niemniej jednak nie uniknięto błędów edycyjnych, stylistycznych i językowych, takich jak brak lub nadmiar spacji (np. str. 46, s.62, s.102) czy przecinków (s.101), „literówki” (s.62, s.80), błędów składniowych i fleksyjnych itp. Zdarzają się też inne drobne niedoskonałości, które przedstawiono poniżej.

a. Niepoprawne sformułowania:

- „chromatografia powinowactwowa” (s. 80) zamiast „chromatografia powinowactwa”,
- „powolne wymywanie polimerazy” (s.81) zamiast „stopniowe wymywanie polimerazy”,
- „polimeraza Tt72 wypłukana z kolumny” (s.81) zamiast „polimeraza Tt72 wyeluowana z kolumny”,
- „spektrum mutacji” (s.103) zamiast „rodzaj mutacji”,
- „struktury krystaliczne” (s.126) zamiast „struktury krystalograficzne” – pojawia się wielokrotnie,
- „aminokwasów” (s.68) zamiast „reszt aminokwasowych” – pojawia się wielokrotnie.

b. Zastosowano w wielu miejscach skrócone nazwy (np. „insert” zamiast „DNA insertu”, „wektor” zamiast „DNA wektora”), które owszem stosuje się w żargonie laboratoryjnym, ale już nie w rozprawach naukowych jak np. w zdaniu „Mieszanina ligacyjna oprócz enzymu zawierała bufor reakcyjny, jałową wodę dejonizowaną, insert, wektor (...)” (s.53).

c. Obecne są niejasne sformułowania np. „(...) wysłano do sekwencjonowania w celu przeprowadzenia analizy sekwencji końcowych” (s.66) – proszę o wyjaśnienie co to są „sekwencje końcowe”.

d. Odnaleźć można niedokończone zdania np. „Amplifikację przeprowadzono z wykorzystaniem termocyklera (...) z następującymi cyklami zmian temperatury (Tabela 22)” (s.66) – słowo „następującymi” sugeruje, że Autor tekstu wymieni cykle zmian temperatury, a nie zastosuje w nawiasie odnośnik do tabeli nr 22.

e. Niejasny sens zdania: „Cechy te miały istotne znaczenie w podrozdziale 5.8 oraz 5.17” (s.91).

f. Czy wg Autora pracy istnieje jakaś różnica pomiędzy sformułowaniem „rekombinowane białko” od „zrekombinowane białko” (s. 75), ponieważ oba przymiotniki zostały zastosowane?



- g. Często pojawia się w pracy słowo „mylnie” np. „(...) odpowiada za usuwanie mylnie wcielonych nukleotydów” (s.71), bardziej adekwatnym i ogólnie stosowanym wyrazem jest słowo – „nieprawidłowo”.
- h. Sugeruję, by stosować czasowniki dokonane, a nie niedokonane wskazujące, że dana czynność nie została zakończona, np. „wklonowano”, a nie „klonowano” (s.73).

Powyższe uwagi nie przeczą mojej pozytywnej opinii nt. recenzowanej pracy. Kandydat do stopnia naukowego doktora potrafi umiejętnie sformułować cele badawcze i zaplanować doświadczenia, by je osiągnąć. Ponadto bardzo dobrze umie dobrać i wykorzystać zasoby literaturowe, czego dowodem są cytowania najważniejszych prac w zakresie jego tematyki. Potrafi też posługiwać się we właściwy sposób szeregiem metod eksperymentalnych, uzyskując wymierne rezultaty, co dowodzi jego dojrzałości naukowej i zasługuje na stopień naukowy doktora w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne.

Dorobek Pana mgr Sebastiana Dorawy obejmuje jedną anglojęzyczną pracę naukową związaną tematycznie z pracą doktorską, a opublikowaną w 2022 roku w czasopiśmie „International Journal of Molecular Sciences” (MDPI) o współczynniku wpływu 5,6 (2022). Prowadzone badania były finansowane w ramach trzech projektów: Horyzont 2020 – grant: 685778 „Virus-X: Viral Metagenomics for Innovation Value”; Norweskiego Mechanizmu Finansowego – projekt GRIEG: UMO-2019/34/H/NZ2/00584 „Granice życia: różnorodność, strategie adaptacyjne oraz potencjał biotechnologiczny drobnoustrojów żyjących w głębinach morskich Arktyki - INDEPTH” i Uniwersytetu Gdańskiego – Program małych grantów – UGrants: 533-D000-GF40-21.

Reasumując, doktorant podczas realizacji prac badawczych przedstawionych w dysertacji uzyskał bogaty materiał doświadczalny, a jego praca doktorska wykazuje istotną wartość przede wszystkim pod względem poznawczym, a tym samym posiada elementy nowości naukowej.



Mając powyższe na uwadze stwierdzam, że przedstawiona do recenzji praca doktorska Pana mgr Sebastiana Dorawy spełnia wymagania stawiane pracom doktorskim określone w art. 13 ustawy z dnia 14 marca 2003 roku o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytułach w zakresie sztuki (Dz. U. z 2017 roku, poz. 1789 z późniejszymi zmianami) w związku z artykułem ustawy z dnia 13 lipca 2018 roku - Przepisy wprowadzające ustawę – Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce. Jednocześnie **wniosuję do Wysokiej Rady Dyscypliny Nauki biologiczne Uniwersytetu Gdańskiego o dopuszczenie Pana mgr Sebastiana Dorawy do dalszych etapów postępowania doktorskiego w celu nadania stopnia doktora w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne.**

dr hab. inż. Marcin Olszewski, prof. uczelni

Wydział
Chemiczny

Politechnika
Warszawska