

Lublin, 23.09.2026

dr hab. n. med. Szymon Zmorzyński

Pracownia Genetyki,
Akademia Zamojska

Szanowna Pani

dr hab. Joanna Czerwik-Marcinkowska

Przewodnicząca

Rady Naukowej Instytutu Biologii

Uniwersytetu Jana Kochanowskiego

w Kielcach

Recenzja rozprawy doktorskiej mgr Magdaleny Stawiarz

pt. „*Analiza występowania mutacji u pacjentów z ostrą białaczką szpikową z zastosowaniem sekwencjonowania następnej generacji*”.

**Rozprawa doktorska została napisana pod kierunkiem doktora
habilitowanego Artura Kowalika, profesora uczelni.**

Przedstawiona do recenzji rozprawa doktorska mgr Magdaleny Stawiarz poświęcona jest analizie zmian molekularnych w materiale genetycznym pacjentów z ostrą białaczką szpikową (ang. *acute myeloid leukemia*, AML), z wykorzystaniem wysokorozdzielczej techniki sekwencjonowania następnej generacji (ang. *next-generation sequencing*, NGS). Tematyka rozprawy wpisuje się w aktualny nurt badań ukierunkowanych na charakterystykę zmian molekularnych związanych z patogenezą, rozwojem i przebiegiem klinicznym tej choroby nowotworowej.

Ostra białaczka szpikowa jest agresywnym nowotworem układu krwiotwórczego, charakteryzującym się niekontrolowanymi podziałami i akumulacją nieprawidłowych komórek prekursorowych głównie w szpiku kostnym. Pomimo postępu w zakresie diagnostyki i leczenia AML pozostaje chorobą o niekorzystnym rokowaniu, szczególnie w wybranych grupach pacjentów, np. z monosomią chromosomów 5 lub 7. W ostatniej dekadzie nastąpił istotny rozwój metod diagnostycznych i terapeutycznych stosowanych w AML. Rozprawa zawiera opis uwzględniający molekularną klasyfikację AML oraz profil zmian genetycznych typowych dla tej jednostki chorobowej. Szczególne znaczenie w diagnostyce, ocenie ryzyka oraz podejmowaniu decyzji terapeutycznych ma identyfikacja określonych mutacji genetycznych, które mogą wpływać na przebieg kliniczny choroby, odpowiedź na leczenie oraz rokowanie. Pomimo wprowadzenia nowych schematów leczenia i leków, które przyczyniły się do poprawy odsetka uzyskiwanych remisji i wydłużenia przeżycia w wybranych grupach pacjentów, niektóre molekularnie zdefiniowane podtypy AML, w tym przypadki charakteryzujące się mutacjami genu *TP53* ($VAF \geq 10\%$), nadal wiążą się z niekorzystnym rokowaniem i stanowią istotne wyzwanie terapeutyczne.

Rozpoznanie AML opiera się na ocenie obrazu morfologicznego, immunofenotypowego, cytogenetycznego i molekularnego, z uwzględnieniem obecności nieprawidłowych komórek blastycznych we krwi obwodowej i/lub szpiku kostnym. W rzadszych przypadkach komórki nowotworowe mogą również występować w tkankach pozaszpikowych.

Ocena wyboru tematu rozprawy

Wybór tematu rozprawy należy ocenić bardzo pozytywnie, zarówno ze względu na istotność problematyki badawczej, jak i jej aktualność. Przedmiotem badań są zmiany molekularne identyfikowane w materiale genetycznym pacjentów z ostrą białaczką szpikową, których szczegółowa charakterystyka ma istotne znaczenie dla lepszego poznania biologii i patogenezы tej choroby, a także dla jej diagnostyki, oceny rokowania i potencjalnego doboru schematów leczenia. Na szczególne podkreślenie zasługuje zastosowanie techniki sekwencjonowania następnej generacji, umożliwiającej kompleksową analizę zmian genetycznych.

Ocena formalna rozprawy doktorskiej

Przedstawiona do recenzji rozprawa doktorska ma układ typowy dla prac badawczych i odpowiada przyjętym standardom formalnym właściwym dla tego rodzaju opracowań. Rozprawa obejmuje 123 strony maszynopisu, w tym 21 rycin i 17 tabel. Praca charakteryzuje się logiczną i przejrzystą strukturą, a sposób przedstawienia poszczególnych zagadnień badawczych umożliwia ich zrozumienie oraz właściwą interpretację.

Rozprawę poprzedzają spis treści oraz wykaz skrótów i oznaczeń. Zasadniczą część pracy stanowią: wstęp (26 stron), obejmujący 9 podrozdziałów, sformułowanie celów badań (1 strona), materiał i metody (18 stron), wyniki (20 stron), podzielone na 5 podrozdziałów, dyskusja (14 stron), a także podsumowanie i wnioski (2 strony). W dalszej części rozprawy zamieszczono streszczenia w języku polskim i angielskim, każde obejmujące 2 strony, a także wykaz dorobku naukowego doktorantki (5 stron), spis załączników (1 strona), spis rycin (2 strony), spis tabel (1 strona) oraz bibliografię obejmującą 208 pozycji i zajmującą 22 strony.

Rozprawa nie budzi zastrzeżeń pod względem redakcyjnym. Proporcje pomiędzy poszczególnymi rozdziałami są właściwe.

Ocena merytoryczna pracy

Głównym celem pracy było określenie mutacji molekularnych obecnych u pacjentów z rozpoznaną ostrą białaczką szpikową, hospitalizowanych w Świętokrzyskim Centrum Onkologii. Doktorantka sformułowała ponadto cztery cele szczegółowe, które w sposób logiczny i spójny uzupełniają cel główny oraz pozostają z nim w bezpośrednim związku. W odniesieniu do celu szczegółowego nr 2 zasadne byłoby zamieszczenie w nawiasie polskich odpowiedników nazw mutacji, stosowanych w polskojęzycznej literaturze przedmiotu.

Właściwą treść rozprawy poprzedza wykaz skrótów i oznaczeń, przygotowany starannie i zawierający jedynie nieliczne literówki. Pewne wątpliwości budzi brak polskojęzycznego wyjaśnienia skrótu AML-MR. W przypadku skrótu SNP bardziej właściwe byłoby zastosowanie określenia „polimorfizm pojedynczego nukleotydu”. Warto również rozważyć uwzględnienie w wykazie skrótu SNV (ang. *single nucleotide variant*), który we współczesnej literaturze jest częściej stosowany w odniesieniu do wariantów pojedynczego nukleotydu niż skrót SNP, szczególnie gdy nie wykazano, że dany wariant ma charakter polimorfizmu występującego w populacji.

Wstęp

Wstęp został wzbogacony o liczne ryciny i tabele. Zostały one przygotowane w sposób przejrzysty i stanowią wartościowe uzupełnienie przedstawionych treści, ułatwiając lekturę i porządkując informacje dotyczące biologii oraz klasyfikacji ostrej białaczki szpikowej. Rozdział ten został opracowany z dużą znajomością zagadnienia i przedstawia najważniejsze zmiany molekularne towarzyszące rozwojowi AML. Niemniej jednak w tekście występują sformułowania wymagające doprecyzowania. Na stronie 7 użyto określenia „niedojrzałe komórki blastyczne”. Określenie to można uznać za zbyteczne, ponieważ termin „blast” odnosi się już do komórki znajdującej się w niedojrzałym, prekursorowym etapie różnicowania. Bardziej właściwe byłoby zatem zastosowanie określenia „komórki blastyczne” lub, zależnie od kontekstu, „komórki prekursorowe”. Podobnego doprecyzowania wymaga sformułowanie dotyczące diagnostyki molekularnej AML: „Diagnostyka molekularna AML obejmuje identyfikację aberracji genetycznych, takich jak translokacje chromosomalne...” (str. 8). W przedstawionej formie zapis ten może błędnie sugerować, że diagnostyka molekularna obejmuje również zmiany chromosomowe. Translokacje chromosomowe stanowią jeden z rodzajów aberracji genetycznych i mogą być identyfikowane zarówno metodami cytogenetycznymi, np. klasyczną analizą kariotypu z wykorzystaniem odpowiedniej techniki barwienia, np. prążki G, jak i metodami molekularno-cytogenetycznymi, takimi jak FISH. Jednocześnie diagnostyka molekularna AML obejmuje również identyfikację zmian na poziomie genów z wykorzystaniem odpowiednich metod biologii molekularnej, takich jak real-time PCR (PCR w czasie rzeczywistym) czy sekwencjonowanie. W związku z powyższym wskazane byłoby doprecyzowanie omawianego sformułowania poprzez rozróżnienie aberracji chromosomowych od zmian genowych oraz wskazanie metod właściwych do ich identyfikacji. Pewne zastrzeżenia budzi również podana data dostępu do strony internetowej SEER (www.seer.cancer.gov), określona na 2015 rok (str. 9). W przypadku źródła internetowego zawierającego aktualizowane dane dotyczące AML wskazane byłoby wykorzystanie możliwie aktualnych informacji oraz podanie aktualnej daty dostępu.

W Tabeli 1, w przypadku zapisu zmian cytogenetycznych, angielskie spójniki „and/or” warto zastąpić ich polskimi odpowiednikami, zgodnie z zasadą konsekwentnego stosowania języka polskiego w tekście rozprawy.

W Tabeli 3 określenie „bez dojrzewania” można zastąpić bardziej precyzyjnym sformułowaniem „bez cech dojrzewania”. W zależności od kontekstu klasyfikacyjnego zasadne może być również zastosowanie określenia „z cechami dojrzewania”.

W podpisie pod Ryc. 3 należy wskazać źródło przedstawionego materiału lub jednoznacznie zaznaczyć, że rycina stanowi opracowanie własne. W odniesieniu do Ryc. 4 wskazane byłoby natomiast doprecyzowanie, czy została ona opracowana na podstawie wyników własnych badań Doktorantki, czy też przygotowana na podstawie danych pochodzących z piśmiennictwa lub innych źródeł.

We Wstępie sugeruję również zastąpienie określenia „w chwili rozpoznania” sformułowaniem „w momencie rozpoznania”, które w kontekście naukowym brzmi bardziej neutralnie i formalnie. Na stronie 24, w akapicie dotyczącym midostauryny, wskazane jest uzupełnienie informacji o odpowiednie źródło piśmiennictwa.

Na stronie 25 określenie „konwersja” proponuję zastąpić bardziej precyzyjnym określeniem „przepisanie na cDNA”, jeżeli opis dotyczy procesu odwrotnej transkrypcji RNA do komplementarnego DNA. W odniesieniu do sformułowania na stronie 29, dotyczącego „identyfikacji różnic, np. mutacji, delecji i insercji”, należy zwrócić uwagę na poprawność terminologiczną. Delecje i insercje nie powinny być przedstawiane jako odrębna kategoria względem mutacji, ponieważ stanowią rodzaje zmian genetycznych, a ich klasyfikacja jako mutacji zależy od przyjętej nomenklatury i kontekstu. W tym miejscu bardziej precyzyjne byłoby zastosowanie określenia „warianty genetyczne, w tym substytucje, delecje i insercje” lub odpowiednio „zmiany genetyczne, takie jak substytucje, delecje i insercje”.

Materiał i metody

Materiał badawczy stanowiły próbki szpiku kostnego i/lub krwi obwodowej pobrane od 109 pacjentów z rozpoznąną ostrą białaczką szpikową. W przypadku stwierdzenia nieprawidłowego kariotypu wskazane byłoby przedstawienie charakteru zidentyfikowanych zmian cytogenetycznych, np. poprzez zamieszczenie zapisów kariotypów uzupełnionych o odpowiednie kariogramy. Proszę również o doprecyzowanie, od których pacjentów pobierano wyłącznie szpik kostny lub wyłącznie krew obwodową, a w przypadku których pacjentów analizowano oba rodzaje materiału biologicznego.

Wykorzystanie cDNA do analiz molekularnych umożliwia analizę sekwencji kodujących. W związku z tym zasadne byłoby wyjaśnienie, czy w przypadku analizy sekwencji kodujących występowały istotne różnice pomiędzy wynikami uzyskanymi na podstawie DNA

i cDNA. Do analizy genów fuzyjnych wykorzystano cDNA. W związku z tym proszę o wyjaśnienie czy pacjenci, od których nie pobrano materiału do izolacji RNA, nie byli poddawani analizie w kierunku obecności genów fuzyjnych.

Na stronie 37, zamiast anglojęzycznego określenia „pellet”, proponuję zastosować polski odpowiednik „osad”.

W Tabeli 6 wymaga doprecyzowania sposób przygotowania buforu do lizy erytrocytów. Proszę o wyjaśnienie czy przygotowanie buforu polegało na uzupełnieniu roztworu wodą do objętości końcowej 500 ml. Ponadto proszę o wyjaśnienie znaczenia skrótu RPM – czy oznacza *on rotations per minute*? W opisie parametrów wirowania bardziej właściwe byłoby podanie wartości przyspieszenia, wyrażonego w $\times g$, zamiast prędkości obrotowej wyrażonej w obr./min.

W opisie elektroforezy agarozowej podano wartość napięcia oraz czas prowadzenia rozdzału. Ponieważ parametry elektroforezy zależą m.in. od długości żelu, bardziej miarodajne byłoby podanie napięcia na jednostkę długości w V/cm, co umożliwiłoby jednoznaczne odtworzenie zastosowanych warunków eksperymentalnych.

Uwaga redakcyjna: w Tabelach 10 i 11 nazwy genów powinny być zapisane kursywą, zgodnie z obowiązującymi zasadami nomenklatury genów. W Tabeli 14 wskazane byłoby również jednoznaczne określenie jednostki objętości składników mieszaniny reakcyjnej, jeżeli podane wartości odnoszą się do mikrolitrów (μl).

Wyniki

Do analizy uzyskanych wyników wykorzystano szereg narzędzi bioinformatycznych, co należy ocenić pozytywnie. Zasadne byłoby jednak rozważenie rozszerzenia analizy statystycznej, między innymi o ocenę zależności pomiędzy występowaniem określonych wariantów genetycznych a wybranymi cechami klinicznymi lub laboratoryjnymi badanej grupy pacjentów.

Wyniki badań zostały przedstawione w sposób przejrzysty i dobrze udokumentowany. Doktorantka przeprowadziła wnikliwą analizę zidentyfikowanych zmian genetycznych oraz dokonała charakterystyki wykrytych wariantów. Zastosowane zapisy dotyczące zmian molekularnych są prawidłowe.

W przypadku Ryc. 15 należy wskazać źródło danych lub program/oprogramowanie wykorzystane do jej wygenerowania. W tekście warto również rozważyć zastąpienie niektórych terminów anglojęzycznych ich polskimi odpowiednikami, np. „frameshift deletion”

określeniem „delecja powodująca przesunięcie ramki odczytu” lub „delecja zmieniająca ramkę odczytu”. Wyniki wskazują, że najczęściej identyfikowanymi wariantami genetycznymi były substytucje, a nie polimorfizmy pojedynczych nukleotydów. Ponieważ analiza polimorfizmów nie stanowiła przedmiotu niniejszej pracy, wskazane byłoby konsekwentne stosowanie właściwej terminologii odnoszącej się do wykrywanych wariantów.

W przypadku porównania wartości median VAF dla analizowanych grup zasadne byłoby przeprowadzenie odpowiedniego testu statystycznego i podanie wartości p , o ile zastosowana metoda analizy oraz liczebność badanych grup na to pozwalają. Umożliwiłoby to ocenę istotności statystycznej obserwowanych różnic. W Tabeli 17 nazwę genu *CEBPA* należy zapisać kursywą, zgodnie z zasadami nomenklatury genów. W przypadku Ryc. 18 wskazane jest podanie źródła lub nazwy oprogramowania wykorzystanego do jej przygotowania. Ryc. 20 wydaje się zbędna z punktu widzenia prezentacji wyników, ponieważ zawarte w niej dane zostały szczegółowo przedstawione w tekście na stronie 70. Usunięcie ryciny pozwoliłoby ograniczyć powielanie informacji i zwiększyć zwięzłość prezentacji wyników.

Ponieważ zmianom cytogenetycznym mogą towarzyszyć zmiany molekularne, zasadne jest podanie *loci* badanych genów. Ponadto warto byłoby rozważyć uzupełnienie wyników o podrozdział – nietypowe lub niepotwierdzone zmiany genetyczne w ostrej białaczce szpikowej.

Dyskusja

Pierwszy akapit rozdziału „Dyskusja” w znacznym stopniu powiela informacje przedstawione wcześniej we „Wstępie”. Zasadne byłoby zatem ograniczenie powtórzeń i skoncentrowanie tej części pracy na interpretacji uzyskanych wyników w kontekście aktualnego stanu wiedzy oraz wyników innych autorów. Ponadto w rozdziale „Dyskusja” zamieszczono informacje o charakterze wynikowym, które powinny zostać przedstawione w rozdziale „Wyniki”. Dotyczy to między innymi stwierdzeń: „Badaniem objęto 109 pacjentów leczonych w Świętokrzyskim Centrum Onkologii w latach 2020–2023” oraz „W badanej grupie pacjentów na 109 osób 43 (39%) stanowiły kobiety, natomiast 66 (61%) mężczyźni” (str. 73). Informacje te powinny zostać przeniesione do odpowiedniej części rozdziału „Wyniki”, natomiast w „Dyskusji” można się do nich odwoływać w kontekście interpretacji uzyskanych rezultatów. Rycina 21 zamieszczona w rozdziale „Dyskusja” wydaje się zbędna. Jej usunięcie pozwoliłoby na zachowanie bardziej zwartej i analitycznej struktury tego rozdziału, opartej przede wszystkim na interpretacji wyników, a nie na ich ponownym prezentowaniu.

W rozdziale „Dyskusja” wskazano, że zastosowanie paneli NGS umożliwia identyfikację rzadkich lub nietypowych rearanżacji genetycznych. W związku z tym warto byłoby określić, czy tego rodzaju zmiany zostały zidentyfikowane w materiale genetycznym analizowanym w ramach niniejszego badania. Jeżeli takie warianty nie zostały stwierdzone, warto to wyraźnie zaznaczyć. Stwierdzenie „mutacje genu *NPM1* koncentrowały się w eksonie...” wymaga niewielkiej korekty stylistycznej. Bardziej precyzyjne byłoby sformułowanie: „mutacje genu *NPM1* występowały w eksonie...”. W zakresie terminologii cytogenetycznej zaleca się stosowanie sformułowania „krótkie ramię chromosomu” zamiast „ramię krótkie chromosomu” (str. 81), co odpowiada przyjętej terminologii naukowej. Na stronie 81 przedstawiono informacje dotyczące niższych median wartości VAF dla genów *FLT3* i *NRAS*. Należy jednoznacznie wskazać, czy obserwowane różnice były istotne statystycznie. Jeżeli uzyskane wyniki wskazują na istotność statystyczną, informacja ta powinna zostać przedstawiona również w rozdziale „Wyniki”, wraz z odpowiednim poziomem istotności. Jednocześnie, jeżeli mutacje w genach *FLT3* i *NRAS* występowały z większą częstością w analizowanej grupie, zasadne byłoby rozważenie, czy w dyskusji nie należy szerzej odnieść się do wartości VAF, w tym do ewentualnie wyższych (a nie niższych) median VAF obserwowanych dla wybranych wariantów. Interpretacja tego zagadnienia powinna być jednak bezpośrednio związana z wynikami analizy statystycznej oraz liczebnością poszczególnych podgrup. Istotnym brakiem rozdziału „Dyskusja” jest brak odrębnego podrozdziału lub akapitu poświęconego ograniczeniom przeprowadzonego badania (*limitations*). W pracach o charakterze naukowym, szczególnie wykorzystujących metody sekwencjonowania nowej generacji, wskazane jest przedstawienie czynników mogących ograniczać interpretację uzyskanych wyników. Należy zatem uzupełnić dyskusję o co najmniej cztery najważniejsze ograniczenia przeprowadzonych badań, odnosząc je bezpośrednio do zastosowanej metodologii, charakterystyki badanej grupy oraz możliwości uogólniania uzyskanych wyników.

Wnioski

Rozdział „Wnioski” wymaga ponownej redakcji. Obecna forma zawiera elementy szczegółowego opisu wyników, które powinny znajdować się w odpowiedniej części pracy. Wnioski powinny natomiast stanowić syntetyczne podsumowanie najważniejszych ustaleń wynikających z przeprowadzonych badań i pozostawać w bezpośrednim związku z celami pracy oraz postawionymi pytaniami badawczymi. Zasadne jest zatem usunięcie z wniosków szczegółowych danych liczbowych i opisów wyników oraz zastąpienie ich zwięzłymi,

jednoznacznymi stwierdzeniami. Również sformułowanie „krajobraz genetyczny AML” można zastąpić określeniem bardziej precyzyjnym i jednoznacznym, na przykład „szczegółowa charakterystyka zmian genetycznych w komórkach nowotworowych” lub „charakterystyka zmian genetycznych występujących w komórkach nowotworowych u pacjentów z AML”. Pozwoli to uniknąć stosowania określenia o charakterze metaforycznym na rzecz terminologii bardziej typowej dla języka rozprawy naukowej.

Streszczenie

Na uwagę zasługuje informacja zawarta w streszczeniu dotycząca genów, których mutacje nie są rutynowo analizowane w diagnostyce ostrej białaczki szpikowej. Jest to istotny element poznawczy przeprowadzonych badań, dlatego zasadne byłoby jego wyraźniejsze przedstawienie również w podrozdziale „Wyniki”. Uwzględnienie tej informacji pozwoliłoby na pełniejsze zaprezentowanie wartości poznawczej przeprowadzonej analizy oraz ułatwiłoby czytelnikowi ocenę oryginalności uzyskanych rezultatów.

Streszczenie w języku angielskim zostało przygotowane poprawnie i nie budzi istotnych zastrzeżeń językowych.

Podsumowanie

Przedstawiona do oceny rozprawa doktorska mgr Magdaleny Stawiarz podejmuje istotne zagadnienie badawcze dotyczące charakterystyki zmian genetycznych występujących u pacjentów z ostrą białaczką szpikową. Tematyka pracy ma znaczenie zarówno poznawcze, jak i potencjalne znaczenie dla dalszego rozwoju metod diagnostycznych wykorzystywanych w hematologii.

Badania zostały zaplanowane w sposób odpowiadający założonym celom pracy, a zastosowanie metody sekwencjonowania następnej generacji umożliwiło przeprowadzenie analizy zmian genetycznych w badanej grupie pacjentów. Na szczególną uwagę zasługuje identyfikacja zmian dotyczących genów, których analiza nie należy do standardowego zakresu rutynowej diagnostyki molekularnej AML. Wynik ten stanowi wartościowy element poznawczy rozprawy i uzasadnia podjęcie przedstawionej problematyki badawczej.

Doktorantka wykazała się znajomością aktualnego piśmiennictwa dotyczącego biologii molekularnej ostrej białaczki szpikowej. Literatura przedmiotu została w zasadniczej części właściwie wykorzystana do interpretacji uzyskanych wyników i osadzenia ich w kontekście aktualnego stanu wiedzy. Rozprawa została napisana w sposób logiczny i uporządkowany, a jej

konstrukcja odpowiada przyjętym założeniom badawczym. Przeprowadzone analizy oraz sposób prezentacji zasadniczych wyników świadczą o odpowiednim przygotowaniu merytorycznym Doktorantki i jej znajomości metodologii badań molekularnych.

Zastrzeżenia przedstawione w niniejszej recenzji dotyczą przede wszystkim sposobu prezentacji i interpretacji części wyników, struktury rozdziału „Dyskusja”, braku wyodrębnionego omówienia ograniczeń badania oraz konieczności doprecyzowania niektórych sformułowań metodologicznych i terminologicznych. Mają one charakter uzupełniający i redakcyjny oraz nie podważają zasadniczej wartości naukowej przedstawionej rozprawy.

W ocenie całościowej należy stwierdzić, że rozprawa doktorska mgr Magdaleny Stawiarz pt. „Analiza występowania mutacji u pacjentów z ostrą białaczką szpikową z zastosowaniem metody następnej generacji” stanowi opracowanie poświęcone istotnemu problemowi naukowemu, zostało przygotowane w oparciu o odpowiednio zaplanowane badania i zawiera wyniki stanowiące wkład w poszerzenie wiedzy dotyczącej zmian genetycznych występujących u pacjentów z ostrą białaczką szpikową.

W związku z powyższym stwierdzam, że przedstawiona do oceny rozprawa doktorska mgr Magdaleny Stawiarz spełnia wymagania stawiane rozprawom doktorskim określone w obowiązujących przepisach prawa oraz stanowi podstawę do ubiegania się o stopień doktora.

Wnoszę zatem do Wysokiej Rady Naukowej Instytutu Biologii Uniwersytetu Jana Kochanowskiego w Kielcach o przyjęcie rozprawy doktorskiej mgr Magdaleny Stawiarz oraz dopuszczenie Doktorantki do dalszych etapów postępowania doktorskiego.

Szymon Zwonjński