WYDZIAŁ BIOLOGII
I OCHRONY
ŚRODOWISKA
Uniwersytet Łódzki

UNIC

Łódź, 06.02.2026 r.

dr hab. Dariusz Stępiński, prof. UŁ
Katedra Cytofizjologii,
Instytut Biologii Eksperymentalnej,
Wydział Biologii i Ochrony Środowiska,
Uniwersytet Łódzki

Opinia o rozprawie doktorskiej Pani mgr Karoliny Moniki Majewskiej pt. *„Dynamika składu molekularnego ciał Cajala jako centrów regulacyjnych retencji mRNA"* zrealizowanej pod kierunkiem dra hab. Dariusza J. Smolińskiego, prof. UMK oraz dr Agnieszki Kołowerzo-Lubnau w roli promotora pomocniczego w ramach Szkoły Doktorskiej Nauk Ścisłych i Przyrodniczych - AST, a wykonanej w Katedrze Biologii Komórkowej i Molekularnej na Wydziale Nauk Biologicznych i Weterynaryjnych Uniwersytetu Mikołaja Kopernika w Toruniu

Niniejsza opinia została przygotowana na podstawie uchwały nr 93 podjętej przez Radę Dyscypliny Nauki Biologiczne Uniwersytetu Mikołaja Kopernika w Toruniu w dniu 21.11.2025 r., zgodnie z Ustawą z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o Szkolnictwie Wyższym i Nauce z późniejszymi zmianami (Dz.U. z 2024 r. poz. 1571).

Ocena formalnej strony rozprawy

Rozprawa została przedstawiona w formie monografii. Układ pracy jest przejrzysty i typowy dla doświadczalnych prac przyrodniczych, zawiera bowiem wszystkie niezbędne rozdziały (tj. *Streszczenie* w j. polskim i angielskim, *Wstęp*, *Cel pracy*, *Materiały*, *Metody*, *Wyniki*, *Dyskusję*, *Podsumowanie*, *Literaturę* oraz materiały uzupełniające - *Suplement*) i spełnia powszechnie przyjęte wymogi stawiane eksperymentalnym pracom doktorskim. Ponadto, zawiera informacje nt. źródeł finansowania niniejszej dysertacji oraz dorobku naukowego w postaci dwóch publikacji naukowych, których Doktorantka jest współautorką, w tym jednej, w której jest pierwszą współautorką.

Celowość podjętych badań

Regulacja ekspresji genów odbywa się na różnych poziomach i jest kluczowa dla prawidłowego przebiegu procesów komórkowych. Jednym z mechanizmów kontroli ekspresji genów jest przejściowa sekwestracja transkryptów i białek w wyspecjalizowanych wewnątrzkomórkowych kompartmentach. Do niedawna ciała Cajala, obecne w większości komórek eukariotycznych, uważano głównie za centra biogenezy, w tym modyfikacji, niektórych rodzajów RNA, m.in. małych jądrowych RNA (snRNA), zwłaszcza spliceosomowych snRNA. Jak się okazuje, mogą one pełnić dodatkowe, dotąd nie w pełni poznane funkcje, ponieważ zidentyfikowano w nich również poliadenylowane RNA (poli(A)RNA), w tym mRNA, zarówno w formie dojrzałej, jak i zawierające introny. Pionierami badań nad obecnością tych transkryptów w komórkach roślinnych, szczególnie

042 635 47 34
ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź
dariusz.stepinski@biol.uni.lodz.pl

w mejotycznych mikrosporocytach modrzewia, są członkowie zespołu Katedry Biologii Komórkowej i Molekularnej UMK. Sugestia, że ciała Cajala mogą być zaangażowane w potranskrypcyjną regulację ekspresji genów poprzez czasową retencję specyficznych pre-mRNA z intronami, których uwolnienie we właściwym czasie i miejscu umożliwia dokończenie splicingu, a w konsekwencji udział dojrzałych, funkcjonalnych mRNA w translacji odpowiednich białek, jest nowatorska i warta uwagi. Dlatego kontynuację badań podjętych w ramach niniejszej rozprawy, ukierunkowanych na analizę składu molekularnego ciał Cajala, obejmującą m.in. pre-mRNA zawierające introny oraz snRNA uczestniczące w splicingu, na różnych etapach cyklu pulsacyjnej transkrypcji, retencji i transportu transkryptów w komórkach roślinnych, uważam za w pełni uzasadnioną i ważną z punktu widzenia badań podstawowych.

Ocena struktury i zawartości pracy

Tytuł rozprawy wymaga, moim zdaniem, doprecyzowania poprzez wskazanie typu komórek i materiału roślinnego objętych badaniami. Obecne brzmienie tytułu sugeruje, że omawiane zagadnienia odnoszą się do ciał Cajala w ujęciu ogólnym.

W *Streszczeniu* klarownie i syntetycznie zostały zawarte kluczowe informacje dotyczące rozprawy. Jednakże, w *Celu* należącego do *Streszczenia* (str. 10) nie wskazano materiału badawczego niniejszej rozprawy. Informacja ta, choć zapewne oczywista dla Doktorantki, nie musi być jednoznaczna dla czytelnika. Co prawda, materiał ten pojawia się w poprzedzającym akapicie *Problem badawczy*, lecz przedstawiono go tam jako przedmiot badań wcześniejszych.

We *Wstępie*, przejrzyście i rzeczowo przedstawiono najistotniejsze informacje dotyczące zagadnień poruszanych w pracy. Czytelnik płynnie przechodzi z jednego zagadnienia do kolejnego, a zrozumienie omawianej problematyki ułatwiają odpowiednio dobrane ryciny. Rozdział poświęcony ciałom Cajala jest przedstawiony w sposób interesujący i zawiera informacje dotyczące ich składu oraz funkcji, wprowadzając czytelnika w bardziej specyficzną problematykę badawczą rozprawy. Funkcje niezwiązane bezpośrednio z tematyką pracy mogłyby jednak zostać jedynie zasygnalizowane. Z mojej perspektywy, rozdział ten zyskałby na wartości, gdyby zawierał więcej wkładu własnego Doktorantki w opracowanie tej części. Moje odczucie może wynikać ze znajomości literatury dotyczącej tych domen jądrowych, jednak miejscami można odnieść wrażenie dużego podobieństwa do treści publikacji anglojęzycznych (np. legenda do Ryc. 4). Szkoda również, że w monografii nie uwzględniono najnowszych doniesień z publikacji z 2025 r. dotyczących formowania ciał Cajala oraz czynników innych niż opisane w pracy, niezbędnych do tego procesu (Arias Escayola et al., J Cell Biol 224, e202305081; Basello et al., J Cell Biol 224, e202309128). Tym bardziej, że prace te ukazały się w pierwszej połowie ubiegłego roku. Na uznanie zasługują rozdziały poświęcone mechanizmom regulacji ekspresji genów na różnych poziomach. Szczególnie wysoko oceniam sposób przedstawienia zagadnień związanych z jądrową retencją poli(A)RNA, w tym pre-mRNA zawierających introny, także w ciałach Cajala, które stanowią istotne tło dla badań prezentowanych w rozprawie.

Ambitny *Cel pracy*, poprzedzony krótkim uzasadnieniem słuszności podjętych badań, został jasno określony i wytyczył interesujący, spójny plan badawczy, a hipoteza badawcza została jednoznacznie i zwięźle postawiona.

Materiał badawczy opisano bardzo starannie, a jego charakterystyka wskazuje na to, że rzeczywiście jest on dogodny do badań związanych z metabolizmem RNA. W punkcie 3.2 zabrakło jednak

tel. 042 635 47 34
ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź
dariusz.stepinski@biol.uni.lodz.pl

wstępnej informacji dotyczącej celu wykorzystania starterowych sekwencji i sond. Ponadto, wskazane byłoby, aby w tabelach już w tej części pracy, a nie dopiero w rozdziale *Wyniki*, zamieścić krótką charakterystykę funkcji białek kodowanych przez mRNA, dla których projektowano startery i sondy, analogicznie jak w przypadku pierwszorzędowych przeciwciał. O ile w przypadku niektórych RNA funkcje te są oczywiste, w innych mogą wymagać doprecyzowania. Moim zdaniem nie ma potrzeby prezentowania tak szczegółowego składu poszczególnych roztworów w rozprawie doktorskiej (p. 3.5); nie stanowi to jednak wady opracowania.

W rozdziale *Metody* wyczerpująco i przejrzyście opisano poszczególne procedury eksperymentalne. Zawiera on wszystkie informacje niezbędne do zrozumienia przebiegu planu doświadczalnego i może stanowić materiał źródłowy. Część ta nie budzi żadnych zastrzeżeń, chociaż, w części dotyczącej jednoczesnej lokalizacji dwóch różnych pre-mRNA, poli(A)RNA oraz U2 snRNA, w procedurze eksperymentalnej nie uwzględniono inkubacji z sondą do identyfikacji U2 snRNA lub w tytule niepotrzebnie uwzględniono lokalizację U2 snRNA.

Wyniki pracy zostały bardzo dobrze przedstawione, choć poniżej zamieściłem kilka uwag do tej części. Omówienie poszczególnych rezultatów poprzedzone jest krótkim, ale istotnym i cennym teoretycznym wstępem do przedstawianych wyników, wprowadzającym czytelnika w omawiane zagadnienia. Oprócz samego opisu wyników, Autorka dokonała ich interpretacji i sformułowała wstępne wnioski. Należy wyróżnić syntetyczne przedstawienie wyników w krótkim podsumowaniu każdego podrozdziału. Bardzo dobrej jakości dokumentacja obrazowa z mikroskopu konfokalnego, potwierdzająca omawiane rezultaty, podnosi wartość pracy zarówno merytoryczną, jak i estetyczną. Szczególnie przydatne podczas lektury *Wyników* były schematy przedstawiające fragmenty mRNA zawierające eksony i introny oraz miejsca przyłączania starterów. Otrzymany w niniejszej pracy interesujący wynik dotyczący koiliny, która, jak się powszechnie uważa, jest niezbędna do tworzenia się i utrzymania integralności ciał Cajala, przełamuje ten stereotyp, bowiem pokazuje brak tego białka w ostatnich etapach cyklu przy jednoczesnym utrzymywaniu się ciał Cajala, sądząc po ich identyfikacji markerem, U2 snRNA (Ryc. 38). Wyjaśnienie takiego rezultatu znajduje się w *Dyskusji*. Do wspomnianych uwag należą m.in.: 1) powtórzenie schematu i opisu (Ryc. 13) z *Wstępu*, przedstawiającego etapy cyklu retencji i eksportu poli(A); wystarczyłoby odesłanie czytelnika do Ryc. 10; 2) zapis '... mRNA kodujące RBP10 oraz ACT (Ryc. 15) ...' sugeruje, że na rycinie przedstawiono wyniki zarówno dla RBP10, jak i dla ACT, podczas gdy są tylko dla ACT; 3) w opisie wyników i/lub legendzie do Ryc. 17 (str. 91) warto doprecyzować, że białka SERRATE nie obserwowano na terenie cytoplazmy we wcześniejszych etapach cyklu; podobna uwaga dotyczy białek Sm (str. 101); 4) fragment w p. 5.3.1 (str. 95) „Wyniki te stanowią potwierdzenie, że retencyjne pre-mRNA RPB10 są w pełni funkcjonalne..." jest mylący, ponieważ niedojrzałe mRNA nie są jeszcze funkcjonalne. Poprawniejsze sformułowanie: „... pre-mRNA RPB10, które podlegają retencji w ciałach Cajala, staną się w pełni funkcjonalne po uwolnieniu do nukleoplazmy, gdzie ostatecznie dojrzeją, a następnie trafią do cytoplazmy ..."; 5) na Ryc. 20 nie uwzględniono markera ciał Cajala, zatem - skąd wiadomo, że retencja odbywa się w tych strukturach? 6) w analizie pre-mRNA kodującego hnRNP Q-like isoform X1 w cyklu poli(A)RNA (Ryc. 28) w wersji papierowej brakuje odpowiedniej tablicy przedstawiającej wyniki (zamiast niej powtórzono tablicę dla pre-mRNA THOC4 z Ryc. 26); w wersji PDF problem ten nie występuje; 7) fragment dotyczący wcześniejszych badań nad lokalizacją pojedynczych retencyjnych pre-mRNA kodujących białka Sm (Rudzka i wsp., 2022, str. 97) może sugerować, że w cytowanej publikacji nie wykazano ich współlokalizacji, a wynik ten przedstawiono dopiero w niniejszej rozprawie. Tymczasem, dane te zostały już zamieszczone w przywołanej pracy. Warto byłoby doprecyzować, że część rezultatów prezentowanych w rozprawie została zawarta w

tel. 042 635 47 34
ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź
dariusz.stepinski@biol.uni.lodz.pl

cytowanej publikacji. Pozwoliłoby to uniknąć wrażenia powielania danych. Ogólnie rzecz biorąc, wyniki zostały przedstawione klarownie, przemyślanie i zinterpretowane w sposób adekwatny do postawionej hipotezy, a zgłoszone uwagi dotyczą jedynie szczegółów redakcyjnych i doprecyzowania danych.

W wynikach uzupełniających (*Suplement*) przedstawiono istotne dla niniejszej pracy dane z analiz molekularnych i genetycznych, w tym zgodność sekwencji badanych transkryptów na podstawie ich mapowania do sekwencji gatunku pokrewnego. Zamieszczono również fragmenty sekwencji DNA kodujących analizowane w pracy mRNA z retencyjnymi intronami, na podstawie których zaprojektowano odpowiednie sondy oraz startery wykorzystane do identyfikacji i potwierdzenia obecności dojrzałych i niedojrzałych form tych transkryptów, zarówno na poziomie obrazowania komórkowego (FISH), jak i w analizie długości produktów z wykorzystaniem qPCR wraz z elektroforezą kapilarną. Przedstawiono także pierwszorzędową strukturę konserwatywnej domeny Tudor w koilinie modrzewia, która posłużyła do wyprodukowania przeciwciała, wykorzystanego do komórkowej immunolokalizacji tego białka. Zaprezentowano również potwierdzenie swoistości przeciwciała metodą Western blot. Suplement zawiera ponadto odpowiednie kontrole do badań immunolokalizacyjnych na poziomie komórkowym. Byłyby one jednak bardziej czytelne, gdyby już w górnej części paneli jednoznacznie wskazano w obecności czego lub braku czego były inkubowane próby (Supl. 29 i 30).

Obszerna *Dyskusja* została podzielona na sekcje tematyczne zgodne z planem badawczym oraz uzyskanymi wynikami. Na tle literatury, ciekawie omówiono m.in. charakter i znaczenie pulsacyjnej aktywności transkrypcyjnej oraz z dużym prawdopodobieństwem zinterpretowano to zjawisko w badanym materiale. Przekonywająco przedstawiono również następstwa pulsacyjnej transkrypcji – czasową retencję transkryptów na terenie jądra komórkowego oraz ich późniejszy, regulowany transport do cytoplazmy jako mechanizm optymalizujący biosyntezę określonych białek w danej sytuacji fizjologicznej, w tym przypadku podczas wczesnych etapów mikrosporogenezy. W tej części pracy Doktorantka wykazała się umiejętnością krytycznego podejścia do zaplanowanych badań oraz uzyskanych wyników, w tym zasadnego doboru transkryptów z intronami i bez intronów, w celu uzyskania optymalnych wyników wynikających z założeń pracy, a także prób wyjaśnienia braku sygnału w obszarze ciał Cajala dla mRNA z intronem kodującego białko THOC4 czy jednoczesnej obecności sygnałów zarówno w ciałach Cajala i cytoplazmie odpowiednio dla pre-mRNA kodującego białko RBM39 i jego dojrzałej formy. Doktorantka logicznie łączy i interpretuje uzyskane wyniki, co szczególnie wyraźnie widoczne jest w analizie składu molekularnego ciał Cajala. Na wiele istotnych pytań dotyczących retencji pre-mRNA w ciałach Cajala, pojawiających się podczas lektury wcześniejszych rozdziałów, podjęto w Dyskusji próby odpowiedzi. Wskazano również kwestie nadal nierozstrzygnięte, które mogą stanowić motywację do kontynuowania badań. Szczególnie interesująca wydaje się hipoteza, że splicing retencyjnych intronów, w tym pre-mRNA kodującego białko RBM39, mógłby zachodzić w ciałach Cajala. Czy są jakieś przesłanki, wynikające z obecnych badań lub hipotetyczne, które pozwoliłyby przypuszczać, że ciała Cajala mogą być miejscem splicingu? Rozdział ten zamyka rycina podsumowująca dynamikę zmian składu molekularnego ciał Cajala w całym cyklu transkrypcji i eksportu poli(A)RNA. Jej legenda, chociaż skrótowo, powinna zawierać opis przedstawionych zmian.

Podsumowanie ujęte w ośmiu krótkich punktach pozostawia pewien niedosyt. W tym rozdziale należałoby spodziewać się jasno sformułowanych wniosków, do których uprawniają uzyskane

tel. 042 635 47 34
ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź
dariusz.stepinski@biol.uni.lodz.pl

wyniki. Niektóre punkty mają charakter podsumowania wyników (p. 1, 2, 6), natomiast pozostałe można uznać za właściwe wnioski.

Zacytowana w monografii *Literatura*, licząca 164 pozycje, jest swoista, dobrze dobrana i odnosi się do kluczowych i aktualnych prac w zakresie poruszanego tematu.

Ocena merytoryczna pracy

Pulsacyjna aktywność transkrypcyjna oraz towarzyszące jej jądrowa retencja i eksport do cytoplazmy poli(A)RNA, w tym mRNA, wydają się być zjawiskiem powszechnym zarówno u zwierząt, jak i u roślin. Mechanizmy te pełnią istotną rolę w regulacji ekspresji genów, m.in. w męskiej linii komórek płciowych, umożliwiając synchronizację biosyntezy specyficznych białek z określonymi etapami rozwoju. Rozpoznanie tych procesów u modrzewia europejskiego, jako przedstawiciela roślin nagozalążkowych, ma charakter odkrywczy. Kontynuacja tych badań przez Doktorantkę w ramach niniejszej rozprawy oraz poszerzanie wiedzy o potencjalnym udziale ciał Cajala w omawianych procesach są w pełni uzasadnione i istotne z poznawczego punktu widzenia nauk biologicznych.

Solidne przemyślenia, zaprojektowanie logicznego układu eksperymentalnego, dobre przygotowanie teoretyczne i opanowanie niełatwego warsztatu badawczego oraz rzetelne przeprowadzenie części doświadczalnej pozwoliły Doktorantce na osiągnięcie wytyczonych celów. Obejmowały one identyfikację transkryptów z retencyjnymi intronami w mikrosporocytach na etapie diplotenu profazy I podziału mejotycznego, komórkową lokalizację wyselekcjonowanych transkryptów na tle ogólnej puli poliadenylowanych RNA oraz analizę dynamiki składu molekularnego ciał Cajala na podstawie wybranych białek w kolejnych etapach cyklu biosyntezy, retencji i transportu poli(A)RNA. Cele te zostały zrealizowane z wykorzystaniem właściwie dobranych, zaawansowanych narzędzi badawczych na poziomie analitycznym, cytologicznym, molekularnym i genetycznym. Zastosowano m.in. złożone procedury biochemiczne, konfokalną mikroskopię (w tym immunofluorescencyjną) oraz analizy bioinformatyczne transkryptomu mikrosporocytów modrzewia oparte na mapowaniu do zsekwencjonowanego gatunku pokrewnego – świerka. Uzyskane w ten sposób dane posłużyły do projektowania starterów do qPCR oraz sond do FISH. Chociaż niektóre analizy genetyczno-molekularne zostały zlecone podmiotom zewnętrznym, co świadczy o umiejętności nawiązywania współpracy, to bez dobrego przygotowania teoretycznego z tego zakresu i świadomości o możliwościach ich wykorzystania, przygotowanie i zrealizowanie planu badawczego zgodnie ze sztuką, tj. w logicznie układającą się całość, mogłoby się nie powieść. Szeroki repertuar zastosowanych metod umożliwił wieloaspektowe potwierdzenie wyników oraz pozytywną weryfikację hipotezy badawczej zakładającej, że ciała Cajala mogą stanowić miejsce ogólnej retencji poli(A)RNA. Ponadto, wartość merytoryczną podnosi również fakt opublikowania części wyników w wysoko punktowanych czasopismach.

Badania eksperymentalne nieodłącznie wiążą się z trudnościami technicznymi, nawet w przypadku procedur uznawanych za rutynowe. Dlatego też, na uznanie zasługuje konsekwencja Doktorantki w pokonywaniu problemów metodycznych czy opracowanie na potrzeby niniejszych badań np. techniki multi-indirect FISH, umożliwiającej identyfikację współwystępujących pre-mRNA w jednym preparacie mikroskopowym.

Choć potwierdzono obecność dojrzałych form mRNA kodujących białka RS2Z32, THOC4 oraz hnRNP Q-like isoform X1 metodą qPCR i analizą transkryptomiczną, to szkoda, że nie udało się przeprowadzić ich komórkowej lokalizacji metodą FISH, analogicznie do niedojrzałych form. Pozwoliłoby to na bardziej jednoznaczne określenie różnic w miejscach retencji form dojrzałych i niedojrzałych. Zasadne wydaje się podjęcie dalszych prób w tym kierunku, a także sprawdzenie, czy

dojrzałe i/lub niedojrzałe mRNA RBM39 podlegają specyficznej kompartmentacyjnej retencji. Chociaż niniejsza rozprawa oraz opublikowane artykuły wnoszą istotny wkład w poznanie mechanizmów retencji pre-mRNA w mikrosporocytach modrzewia, to, jak trafnie podkreśla Doktorantka, wiele zagadnień pozostaje nadal otwartych i wyznacza kierunki dalszych badań. Szczególnie interesujące są kwestie mechanizmów kierujących mRNA z intronami do ciał Cajala oraz rzeczywistych miejsc końcowego splicingu retencyjnych pre-mRNA po ich uwolnieniu do nukleoplazmy.

Dodatkowe uwagi, komentarze, sugestie

Pytania do Doktorantki zaspokajające ciekawość recenzenta:

- Skoro synchroniczność mikrosporocytów w obrębie jednego pąka oraz na tej samej gałęzi wynosi odpowiednio 93,1% i 92,9%, czy analizowano, jak wygląda synchroniczność mikrosporocytów na różnych gałęziach tego samego osobnika lub u różnych osobników? Czy w takich przypadkach obserwuje się ich rozsynchronizowanie i obecność mikrosporocytów na różnych etapach rozwojowych?
- Czy mikrosporocyty modrzewia na którymkolwiek etapie mejozy są otoczone ścianą kalozową, jak ma to miejsce u wielu gatunków w okresie od pachytenu do stadium tetrad? Z pracy wynika, że w diplotenie posiadają ścianę celulozowo-pektynową (str. 53) — czy sytuacja ta zmienia się w innych stadiach?
- Czy w trakcie całego diplotenu (trwającego około 5 miesięcy), a także na innych etapach mikrosporogenezy lub mikrogametogenezy, obserwuje się cykliczność transkrypcji oraz retencji poli(A)RNA?
- Czy obserwowano zależność między wielkością i liczbą ciał Cajala a postępem cyklu? Można przypuszczać, że w początkowych fazach cyklu, kiedy dochodzi do akumulacji poli(A)RNA, struktury te byłyby większe i/lub liczniejsze. Ryc. 40 zdaje się sugerować taką zależność.
- Czy retencyjne introny wykazują cechy specyficzne, czy też nie różnią się istotnie od innych intronów? W Dyskusji wspomniano, że są to na ogół introny ze słabszymi miejscami splicingowymi — proszę o doprecyzowanie, czym charakteryzują się słabsze i silniejsze miejsca splicingowe (str. 151–152, 157).

Ponadto, z obowiązku recenzenta, poniżej przedstawiam kilka mniej istotnych uwag i sugestii o charakterze językowo-redaktorskim.

Niezręczne lub potoczne sformułowania:

- Wyrażenie *„ewoluuje w czasie"* (str. 10) lepiej zastąpić sformułowaniem *„ewoluuje w trakcie postępu cyklu"*.
- Określenie *„struktura spinki/szpilki do włosów"* stanowi skrót myślowy; precyzyjniej byłoby użyć formy *„struktura o charakterze (lub typu) spinki/szpilki do włosów"* (str. 30, 31), analogicznie do zapisu zastosowanego w legendzie do Ryc. 6.
- Zamiast *„wykazują komplementarność do celu"* trafniejsze jest *„wykazują komplementarność do sekwencji docelowych"* (str. 31). Podobnie określenie *„docelowy target"* jest stylistycznie niepoprawne — lepiej użyć formy *„sekwencja docelowa"* (str. 114).
- Zwrot *„... a co za tym idzie ..."* warto zastąpić bardziej formalnym *„... a w konsekwencji ..."* (str. 14, 30, 41, 160). Również wyrażenie *„kolejnym krokiem"* lepiej w języku naukowym zastąpić *„kolejnym etapem"* — choć w języku angielskim pierwsza forma jest powszechna, w polskim stylu naukowym druga jest bardziej adekwatna.
- Sformułowanie *„zachowane"* jest niejednoznaczne; precyzyjniej użyć określeń *„konserwatywne"* lub *„zachowane ewolucyjnie"* (str. 30).

tel. 042 635 47 34
ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź
dariusz.stepinski@biol.uni.lodz.pl

- Zamiast *„surowica wołowa albuminy"* poprawnie powinno być *„albumina surowicy wołowej"* (str. 74).
- Wyraz *„spadek"* w odniesieniu do aktywności, stężenia czy intensywności lepiej zastępować terminami *„obniżenie"* lub *„zmniejszenie"*, które mają bardziej formalny charakter.

Uwagi do rycin:
- W legendach do Ryc. 1, 2, 7 i 40, poza samymi tytułami, warto zamieścić krótkie opisy rycin, nawet jeśli stosowne objaśnienia znajdują się w tekście głównym.
- Moim zdaniem, samo cytowanie publikacji, z których pochodzą ilustracje, choć konieczne, jest niewystarczające. Ryciny powinny zostać odpowiednio zmodyfikowane pod względem graficznym; nie wystarczy jedynie przetłumaczenie opisów (Ryc. 1, 2). Ryc. 3 stanowi wierną kopię ilustracji z artykułu.
- Brakuje konsekwencji w języku opisów rycin — część z nich zawiera opisy w języku polskim, część w angielskim. W pracy należałoby ujednolicić je językowo; zasadne wydaje się stosowanie opisów w języku polskim (np. Ryc. 2 vs. Ryc. 5).
- W tekście głównym brak odwołań do Ryc. 4 i 7.

Pozostałe uwagi:
- Anglojęzyczne nazwy biokondensatów można rozważyć zastąpieniem polskimi odpowiednikami (np. *paracętki* czy *ciała P*), zwłaszcza, że w pracy stosowane jest określenie *ciała Cajala* zamiast *Cajal bodies*.
- Stwierdzenie, że rola danego czynnika lub procesu „nie została dotąd zbadana", przy jednoczesnym cytowaniu pracy z 2004 r., jest ryzykowne, o ile nie towarzyszy mu pewność, że rozstrzygnięcie tego zagadnienia pozostaje aktualne również w świetle nowszej literatury (str. 25).
- Rozwinięcia skrótów oraz ich wprowadzanie powinny następować przy pierwszym użyciu danego terminu i tylko jednokrotnie (np. U RNA, snurportyna, scaRNA, ciała Cajala).
- Chlorek wapnia to oczywiście nie NaCl (str. 58).
- Ze względu na dużą liczbę tabel w monografii, wskazane byłoby ich numerowanie oraz opatrzenie legendami zawierającymi tytuły i krótkie opisy.
- Nie zaleca się prezentowania tych samych danych w dwóch formach; należy wybrać jedną — tabelaryczną albo graficzną (Supl. 1, 2).

Praca zyskałaby na wartości pod względem formalnym, gdyby została staranniej dopracowana językowo oraz redakcyjno-edytorsko. Autorka nie ustrzegła się dość licznych uchybień interpunkcyjnych i gramatycznych, w tym błędów ortograficznych i literowych, a także niekonsekwencji w stosowaniu spacji.

Pomimo tych uwag, lektura niniejszej monografii sprawiła mi ogromną przyjemność, dostarczyła bowiem wielu ciekawych i nowych faktów w przedmiocie moich zainteresowań naukowych. Gratuluję Doktorantce, Promotorom i Zespołowi doboru tematu i jego zrealizowania.

Podsumowanie

Wyniki uzyskane w rozprawie doktorskiej mgr Karoliny M. Majewskiej pt. *„Dynamika składu molekularnego ciał Cajala jako centrów regulacyjnych retencji mRNA"* stanowią bezsporną wartość naukową o charakterze poznawczym i przyczyniają się do poszerzenia dotychczasowej wiedzy nt. retencji poliadenylowanych mRNA w ogóle, a zwłaszcza tych pre-mRNA z nieukończonym splicingiem. Ponadto, przysłużyły się do poznania znaczącej roli ciał Cajala w mechanizmach regulacji

tel. 042 635 47 34
ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź
dariusz.stepinski@biol.uni.lodz.pl

ekspresji genów u roślin, szczególnie w męskich generatywnych organach roślinnych podczas mikrosporogenezy. Dysertacja ta stanowi nowatorskie ujęcie problemu naukowego, co podkreśla jej oryginalność, i charakteryzuje się wysoką wartością merytoryczną, a Doktorantka prezentuje dojrzałość i wysokie kompetencje w prowadzeniu działalności naukowej, w tym umiejętność planowania badań eksperymentalnych, stawianie hipotez, biegłość w analizie danych literaturowych i kojarzeniu faktów, formułowanie odpowiednich wniosków i rozwiązywanie problemów badawczych oraz posiadanie udokumentowanej obszernej wiedzy teoretycznej w dyscyplinie *nauki biologiczne*.

Niniejsza rozprawa, jako część pracy zespołowej (sądząc po zawartości tożsamych wyników w opublikowanych współautorskich pracach i niniejszej rozprawy oraz nieopublikowane jeszcze materiały zamieszczone w monografii), spełnia wymogi określone w art. 187 ustawy Prawo o Szkolnictwie Wyższym i Nauce z dnia 20 lipca 2018 r. z późniejszymi zmianami. W związku z powyższym, z pełnym przekonaniem zwracam się do Wysokiej Rady Dyscypliny Nauki Biologiczne Uniwersytetu Mikołaja Kopernika w Toruniu o umożliwienie Pani mgr Karolinie M. Majewskiej przystąpienia do dalszych etapów postępowania w sprawie o nadanie stopnia doktora w dziedzinie *nauk ścisłych i przyrodniczych* w dyscyplinie *nauki biologiczne*.

Dariusz Stępiński

tel. 042 635 47 34
ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź
dariusz.stepinski@biol.uni.lodz.pl