



AKADEMIA GÓRNICZO–HUTNICZA
IM. STANISŁAWA STASZICA W KRAKOWIE

Wydział Inżynierii Materiałowej i Ceramiki

KATEDRA CHEMII ANALITYCZNEJ I BIOCHEMII

Prof. dr hab. Małgorzata Jakubowska

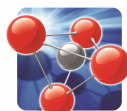
Email: jakubows@agh.edu.pl

tel. 12 617 33 83 lub 507 825 755

Kraków 28.04.2024 r.

RECENZJA

rozprawy doktorskiej mgr inż. Klaudii Głowacz
pt. „Fluorescencja multispektralna i metody chemometryczne
w zastosowaniach (bio)analitycznych”, zrealizowanej na Wydziale
Chemicznym Politechniki Warszawskiej pod kierunkiem Promotora
prof. dr hab. inż. Patrycji Ciosek-Skibińskiej



WIMiC

Akademia Górniczo–Hutnicza | Wydział Inżynierii Materiałowej i Ceramiki
Katedra Chemii Analitycznej i Biochemii

al. A. Mickiewicza 30, 30–059 Kraków,

tel. +48 12 617 24 73

e-mail: kca@agh.edu.pl, www.agh.edu.pl, galaxy.agh.edu.pl/~kca/

Strategie bioanalityczne odgrywają ważną rolę w wielu dziedzinach nauki, takich jak medycyna, farmakologia, nauki biologiczne, biotechnologia czy ochrona środowiska. W ostatnich latach obserwuje się rosnące zainteresowanie tymi metodami, a do głównych czynników napędzających ich rozwój można zaliczyć wzrost znaczenia badań biomedycznych, tj. poszukiwania nowych leków i terapii, rozwój diagnostyki medycznej do ustalania przyczyn dolegliwości, monitorowania przebiegu leczenia i dobierania optymalnej terapii w obliczu nowych zagrożeń dla zdrowia człowieka, także istotną rolę biotechnologii, gdzie metody bioanalityczne są wykorzystywane do kontroli procesów i oceny produktów biotechnologicznych. Należy także zwrócić uwagę na potrzeby w zakresie ochrony środowiska poprzez m.in. monitorowanie zanieczyszczenia oraz ocenę jego wpływu na organizmy żywe.

Techniki bioanalityczne odgrywają kluczową rolę w analizie i charakterystyce biomolekuł, takich jak DNA, białka i metabolity, co umożliwia zrozumienie mechanizmów biologicznych na poziomie molekularnym. Dzięki metodom bioanalitycznym możliwe jest wykrywanie i oznaczanie biomarkerów, które są istotne dla diagnostyki medycznej, monitorowania stanu zdrowia oraz oceny skuteczności terapii. Te metody są niezbędne również w badaniach nad lekami, ponieważ umożliwiają ocenę interakcji leków z celami molekularnymi oraz ich wpływu na procesy biologiczne.

Rzeczywisty rozwój metod bioanalitycznych będzie miał nadal ogromny wpływ na wiele dziedzin życia i nauki. Wraz z postępowaniem technologicznym i rosnącymi potrzebami badawczymi, dostępne są nowe techniki eksperymentalne do identyfikacji i oznaczania bioanalityków. Jednak ze względu na fakt, że bezpośrednia odpowiedź ma złożony i wielowymiarowy charakter istotną rolę odgrywają zaawansowane strategie obliczeniowe, stosowane do analizy danych. Modelowanie z wykorzystaniem uczenia maszynowego (ML) i zmiennych ukrytych staje się coraz bardziej popularnym narzędziem w bioanalizie, oferując szereg korzyści w interpretacji wyników badań. Modele ML potrafią wykrywać i modelować złożone zależności między zmiennymi biologicznymi, co może ujawniać ukryte mechanizmy zachodzące w organizmie. Poprzez zastosowanie ML można skutecznie identyfikować związki pomiędzy różnymi biomolekułami oraz czynnikami środowiskowymi, co pozwala lepiej zrozumieć złożone mechanizmy biologiczne. Modelowanie wielowymiarowe umożliwia wyodrębnienie istotnych informacji z dużych zbiorów danych i przyczynia się do identyfikacji nowych biomarkerów oraz zrozumienia ich roli w procesach biologicznych. Dzięki integracji metod bioanalitycznymi z podejściem chemometrycznym można także prognozować zachowanie się biomolekuł w różnych warunkach środowiskowych oraz przewidywać odpowiedzi biologiczne na różne bodźce. Te zależności mogą być trudne do wykrycia za pomocą tradycyjnych metod statystycznych.

Ze względu na istotną rolę bioanalitiky we współczesnej nauce, aplikacyjny charakter tych strategii badawczych kluczowy dla rozwoju różnych dziedzin oraz wykazanie potrzeby wykorzystania złożonej analizy danych, w tym algorytmów chemometrycznych w interpretacji wielowymiarowych danych rejestrowanych w eksperymentach chemicznych – podjęcie tematyki wybranej przez Doktorantkę uważam za ważne i celowe.

Omówienie rozprawy doktorskiej

Rozprawę stanowi cykl sześciu publikacji o powiązanej tematyce, z których pięć ukazało się w czasopismach naukowych o wysokim stopniu oddziaływania, zaś jedną Doktorantka przekazała w formie manuskryptu. Wprowadzenie, także skrócony opis wykonanych badań oraz podsumowanie, obejmujące łącznie 42 strony stanowią istotny element przesłanej dokumentacji. W przekazanych materiałach znajdujemy również m.in. streszczenia w języku polskim i angielskim, spis stosowanych skrótów, oświadczenia współautorów publikacji, a także opis dorobku naukowego Doktorantki.

Wprowadzenie, przygotowane na podstawie 108 opublikowanych prac, obejmuje przegląd literatury naukowej dotyczącej poszukiwania metodologii generowania oraz badania unikatowej odpowiedzi złożonych próbek biologicznych, tzw. odcisku palca, bez potrzeby separacji analitów, w celu określenia różnych parametrów fizykochemicznych badanych obiektów, przeważnie o złożonym składzie. Autorka opisuje rozwój wykorzystywanego w tym zakresie warsztatu eksperymentalnego i obliczeniowego oraz możliwe aplikacje. W mojej opinii interesujący jest podrozdział pt. „Systemy multireceptorowe”, który włącza tę rozprawę do ogólnej strategii nowoczesnego podejścia eksperymentalnego w bioanalityce, m.in. poprzez wykorzystanie własności fotoluminescencyjnych receptorów, jakimi są półprzewodnikowe nanokryształy - kropki kwantowe. Autorka opracowała także krótki wstęp na temat zastosowanej metody pomiarowej tj. spektroskopii fluorescencyjnej z rejestracją map wzbudzenia – emisji EEM. Zamieściła również opis różnych strategii wstępnego przygotowania danych do analizy chemometrycznej oraz wykorzystanych algorytmów modelowania bez nadzoru (PCA, PARAFAC, HCA) oraz z nadzorem (PLS, n-PLS, SVM, SIMCA) wraz z prezentacją zastosowanych w rozprawie metod oceny jakości modeli.

W rozdziale drugim i trzecim wprowadzenia czytelnik znajdzie szczegółowo określony cel pracy, spis podjętych głównych zadań badawczych oraz ich charakterystykę. Autorka podaje, w jaki sposób rozwiązywano poszczególne problemy oraz w skróconej formie – uzyskane wyniki. Moim zdaniem należy docenić przemyślany sposób przygotowania wprowadzenia do cyklu artykułów, gdyż po zapoznaniu się z tym tekstem można znaleźć sugestie, jak w obszernym materiale publikacyjnym poszukiwać najważniejszych tez i ich rozwiązań oraz które aspekty są ze sobą powiązane, odzwierciedlając kolejne etapy podejmowanych badań.

Lektura przygotowanego wprowadzenia oraz wstępu literaturowego w poszczególnych artykułach włączonych do rozprawy pozwala na stwierdzenie, że zgodnie z wymogami ustawowymi Autorka wykazuje ogólną wiedzę teoretyczną w dziedzinie, w której prowadzi badania. Uzasadniła także w wystarczającym zakresie wagę podjętej tematyki.

Analizując tytuł i zakres pracy można stwierdzić, że głównym zagadnieniem, które zainteresowało Doktorantkę było wykorzystanie fluorescencji multispektralnej oraz analizy wielowymiarowej, z uwzględnieniem etapu wstępnego przetwarzania danych oraz optymalizacji hiperparametrów algorytmów jako użytecznego narzędzia w bioanalityce. Tematyka artykułów, które stanowią cykl przedstawiony do recenzji, oznaczonych w tekście jako [P1]-[A6], jest bezpośrednio powiązana z zagadnieniami rozprawy, a w każdym z nich Doktorantka jest pierwszym autorem. Należy podkreślić znaczną aktywność p. mgr inż.

K. Głowacz w realizacji badań, w których udział współautorów w oczywisty sposób poszerza te działania.

W pierwszym etapie swojej aktywności naukowej związanej z realizacją rozprawy, opisanym w publikacji [P1] oraz [P2], Doktorantka zajmowała się badaniem wpływu dwóch czynników stresogennych, tj. promieniowania UV oraz leku o działaniu przeciwnowotworowym - oksaliplatyny na żywotność komórek w hodowlach *in vitro* linii komórkowych HaCaT oraz A375. Znaczna część działań w tym zakresie polegała na opracowaniu oraz optymalizacji metodologii badawczej w aspekcie eksperymentalnym i obliczeniowym. Poddając hodowle komórkowe kontrolowanemu wpływowi czynników zewnętrznych, mających wpływ na żywotność komórek, rejestrowała mapy EEM, który były postawą do dalszych obliczeń statystycznych i chemometrycznych. W modelowaniu z nadzorem zastosowała interesujące podejście, które wykorzystuje jako zmienną odpowiedzi wyniki typowego testu badania żywotności tj. MTT. W ten sposób uzyskała możliwość potwierdzenia zgodności wyników uzyskiwanych dwoma metodami. Stosując algorytm bez nadzoru PCA oraz z nadzorem PLS dane do obliczeń przygotowała w ten sposób, że konwertowała macierz EEM uzyskaną dla każdej próbki do postaci jednowymiarowego wektora, dokonując konkatenacji kolejnych wierszy. Natomiast w metodzie trójliniowej dekompozycji PARAFAC wykorzystwała w obliczeniach trójwymiarowe struktury danych. W modelowaniu regresyjnym z nadzorem w typowy sposób oceniła jakość modeli, a także dokonała weryfikacji proponowanych tez z wykorzystaniem testów statystycznych do wskazania wartości progowych dla czynnika stresogennego, które pozwalają na odróżnienie jego wpływu na żywotność komórek, gdy tą informację uzyskuje się na pomocą rejestracji map EEM lub testu MTT. W efekcie Doktorantka udowodniła, że zaproponowana nowa strategia badawcza pozwala na ocenę żywotności komórek w hodowlach *in vitro* w zweryfikowanym zakresie, a nawet dostarcza odpowiedzi o wyższej czułości w porównaniu z testem MTT. Dodatkowo spełnia ona wymagania stawiane metodom tego typu, tzn. brak inwazyjnego wpływu na hodowlę, możliwość wielokrotnej oceny żywotności oraz krótki czas uzyskania odpowiedzi.

Zaproponowane podejście Doktorantka rozwinęła stosując w kolejnych etapach swoich badań kropki kwantowe, które charakteryzują się własnościami fotoluminescencyjnymi i dodatkowo obecność różnych analitów może wpływać od odpowiedzi tego układu na sygnał rejestrowany techniką fluorescencji multispektralnej. Doktorantka udowodniła, że w praktyce ta metodologia daje możliwość prowadzenia analizy jakościowej oraz ilościowej wytypowanych związków, o ile w interpretacji złożonych map wzbudzenia-emisji wykorzystają się algorytmy chemometryczne. Do potwierdzenia sformułowanych hipotez wykorzystwała grupę sześciu modelowych związków z grupy neuroprzekaźników, w tym dla trzech z nich tj. dopaminy, norepinefryny oraz epinefryny, stosując algorytm PLS zdefiniowała modele kalibracyjne dla stężeń mikromolowych o wysokim poziomie dopasowania do danych. Jednym z aspektów pracy było również wykazanie, że zwiększenie wymiarowości przestrzeni danych poprzez wykorzystanie map EEM poprawia zdolność do klasyfikacji w grupie sześciu związków. Ten problem Doktorantka początkowo rozpoznała wykorzystując algorytm PCA, a następnie modele klasyfikacyjne w różnych wariantach definiowała stosując algorytm PLS w wariacie klasyfikacyjnym (PLS-DA). Podstawą kolejnego etapu badań była obserwacja, że odpowiedź fluorescencyjna kropek kwantowych jest modyfikowana w obecności peptydów A β o różnej liczbie reszt kwasowo/zasadowych. Mimo dużego podobieństwa

strukturalnego fragmentów peptydowych A β , na podstawie map EEM możliwe było ich odróżnienie w przestrzeni trzech pierwszych głównych składowych (rys. 2A w [P4]). Stosując zaproponowane podejście eksperymentalne, w tym kropki kwantowe jednego typu, oraz PLS-DA udowodniła zdolność modeli klasyfikacyjnych do odróżnienia peptydów w mieszaninach dwuskładnikowych i trójskładnikowych. Analiza skupień oraz PCA zostały wykorzystane do wstępnego potwierdzenia możliwości oznaczania peptydu A β_{4-16} , nawet do poziomu stężeń nanomolowych. Efekty badań wykonanych z wykorzystaniem kropek kwantowych jako nanoreceptorów Doktorantka opublikowała w artykułach [P3] oraz [P4].

Interesującym etapem badań z użyciem kropek kwantowych było ich wykorzystanie w oznaczaniu jonów sześciu metali ciężkich Ag(I), Cd(II), Co(II), Cu(II), Ni(II), and Pb(II). Algorytm PLS-DA pozwolił na odróżnienie odpowiedzi EEM tych analitów ze stuprocentową dokładnością, a dwie z technik regresyjnych tj. PLS oraz n-PLS umożliwiły zdefiniowanie modeli kalibracyjnych w wybranym przez Doktorantkę mikromolowym zakresie stężeń, na wymaganym poziomie jakości dopasowania. Te badania zostały opisane w manuskrypcie oznaczonym jako [P6].

Realizując prace badawcze Doktorantka na każdym etapie obliczeń chemometrycznych, stosując różne algorytmy dokonywała wymaganej optymalizacji w podejściu obliczeniowym, ale obszernie odniosła się do tego problemu podczas definiowania modeli klasyfikacyjnych do odróżnienia wybranych oligopeptydów oraz aminokwasów na podstawie sygnałów rejestrowanych techniką voltamperometrii cyklicznej. Skonstruowany przez Doktorantkę voltamperometryczny elektroniczny język składał się z komercyjnie dostępnej elektrody węgla szklanego oraz czterech elektrod z pasty węglowej, modyfikowanej nanocząstkami metali lub tlenków metali. Optymalizowała hiperparametry algorytmów klasyfikacyjnych PLS-DA, SIMCA i SVM oraz kompleksowość modeli, a także zastosowała różne podejścia w zakresie wstępnego przygotowania danych. Jako kryterium optymalizacji stosowała dokładność, precyzję, specyficzność i czułość dla zbioru treningowego oraz testowego, definiując łącznie aż 1260 modeli klasyfikacyjnych. W efekcie w artykule [P5] sformułowała rekomendacje w zakresie prowadzenia obliczeń chemometrycznych, gdy rejestrowana odpowiedź eksperymentalna to voltamogramy CV.

Ocena pracy

Przechodząc do oceny pracy chcę podkreślić, że jest to znakomita rozprawa naukowa, która posiada wiele aspektów nowości. Autorka efektywnie wykorzystwała aktualny stan wiedzy na temat rozwiązywanych problemów, a także dostępny warsztat badawczy. Chociaż rozprawa jest wielowątkowa, jednak wspólna platforma prezentująca różne aplikacje w oparciu o dane pozyskane w eksperymentach wykonanych techniką fluorescencji multispektralnej i analiza danych wykonanych metodami chemometrycznymi łączy poszczególne projekty. Sformułowane wnioski potwierdzają właściwe zaplanowanie i przeprowadzenie eksperymentów, wstępnej transformacji danych, definicji oraz walidacji modeli. Decyzje w zakresie rozważanych wariantów obliczeń były podejmowane właściwie, w relacji do uzyskanych efektów. Doktorantka zaprezentowała adekwatne do omawianych zagadnień rysunki i tabele, które często powstały jako efekt wieloetapowej interpretacji uzyskiwanych wyników. Układ rozprawy doktorskiej jest w pełni akceptowalny. Cele rozprawy zostały jasno sformułowane i zamieszczone w osobnym rozdziale. Natomiast

w komentarzu do cyklu artykułów znajdziemy obszernie uzasadnienie celowości pojęcia kolejnych etapów pracy badawczej.

Przedstawiona do recenzji rozprawa to seria artykułów o wysokim poziomie naukowym, charakteryzująca się nowatorskim podejściem w zakresie interpretacji złożonych danych chemicznych oraz prezentująca spójne i kompleksowe strategie badawcze użyteczne w bioanalityce do rozwiązywania różnych szczegółowych zadań. Wszystkie publikacje zawierają obszerny opis dotychczasowych osiągnięć różnych autorów w podejmowanej tematyce, wyczerpujący spis wymaganych odczynników, aparatury, algorytmów analizy wielowymiarowej, podają sposób przygotowania próbek oraz protokoły zoptymalizowanych strategii eksperymentalnych. Artykuły prezentują w typowy sposób otrzymane wyniki eksperymentalne, najczęściej w układzie porównawczym, a także w obszernym zakresie strategii przygotowania danych a także wyniki obliczeń statystycznych oraz chemometrycznych z odpowiednim komentarzem. Ten sposób prezentacji nie budzi wątpliwości i jest adekwatny do zakresu podejmowanych zagadnień. Szczególnie należy zwrócić uwagę na przyjęte jednolite oznaczenia i opracowanie uniwersalnego sposobu prezentacji map EEM w zestandaryzowanym formacie.

Przechodząc do oceny całości dokonania naukowego, a w szczególności podjętych badań uważam, że należy zauważyć interdyscyplinarną aktywność Doktorantki oraz Jej obszerny dorobek publikacyjny, udział w konferencjach oraz trzech projektach badawczych (jako wykonawca), a także odbycie stażu naukowego w University of Copenhagen, w zespole p. prof. Rasmusa Bro. Moim zdaniem należy także docenić, że p. mgr inż. K. Głowacz sprawowała opiekę nad ośmioma pracami inżynierskimi i magisterskimi. Do istotnych osiągnięć badawczych Autorki, które posiadają aspekt nowości można zaliczyć:

- opracowanie **spójnej metodologii** wykorzystania fluorescencji multispektralnej do analizy ilościowej i jakościowej związków biologicznych oraz metali ciężkich, które charakteryzują się fluorescencją natywną lub mają wpływ na fluorescencję kropek kwantowych; strategia ta ogólnie polega na rejestracji widm EEM i modelowaniu map wzbudzenia-emisji z wykorzystaniem podejścia chemometrycznego

- opracowanie i weryfikację interesującej strategii badawczej, polegającej na **ocenie żywotności komórek w hodowlach *in vitro***, po poddaniu ich kontrowanemu wpływowi stresogennych czynników zewnętrznych fizycznych i chemicznych

- zbadanie wpływu bioanalitów oraz jonów metali na odpowiedź fluorescencyjną **kropek kwantowych** oraz opracowanie strategii eksperymentalnej i chemometrycznej do identyfikacji oraz analizy ilościowej wytypowanych biomolekuł i metali ciężkich

- wykazanie możliwości odróżnienia peptydów beta-amyloidowych uczestniczących w patogenezie choroby Alzheimerera, w mieszaninach **dwuskładnikowych** i **trójskładnikowych** na podstawie map EEM, rejestrowanych w obecności kropek kwantowych oraz z wykorzystaniem algorytmu klasyfikacyjnego PLS-DA; podejście sytuuje się w głównym nurcie rozwoju współczesnej analityki w zakresie badania złożonych mieszanin bez konieczności separacji analitów

- wykazanie istotnej roli algorytmów (PCA, PARAFAC, PLS, n-PLS, PLS-DA) umożliwiających obliczenie w ukierunkowany sposób **zmiennych ukrytych** i wykazanie, że ten sposób wydobycia istotnych informacji z danych pozwala na uzyskanie poszukiwanych

zależności w rozwiązywanych różnych problemach; tym samym udowodnienie, że rejestrowane sygnały analityczne przekazują często istotną wiedzę o badanych obiektach i procesach ale przy wykorzystaniu wyłącznie typowej ich interpretacji efekty czasochłonnych i kosztownych eksperymentów nie zostaną zaobserwowane i w pełni wykorzystane

- opracowywanie interesującego i efektywnego podejścia regresyjnego, opisanego w artykule [P2], które **wykorzystuje regresję wieloraką MLR dla danych, które są wynikiem działania algorytmu PARAFAC**, a nie dla danych pierwotnych (map EEM); w efekcie zaproponowano nowatorskie podejście, które jest rozszerzeniem algorytmu Principal Component Regression PCR, które potwierdza zgodność oceny żywotności komórek w hodowlach *in vitro* badanej przy użyciu nowych strategii i wartości referencyjnych MTT

- wykazanie wpływu **wstępnego przetwarzania danych** tj. standaryzacji oraz normalizacji sygnałów rejestrowanych w eksperymentach woltamperometrycznych oraz dyskretnej transformacji falkowej, **optymalizacji kompleksowości modelu** a także **hiperparametrów** algorytmów klasyfikacyjnych (PLS-DA, SIMCA, SVM) na jakość modeli.

Po szczegółowym zapoznaniu się z rozprawą proponuję tematy/pytania, szczegółowe i o ogólnym charakterze, do dalszej dyskusji podczas obrony.

1. Doktorantka wielokrotnie wspomina, że potwierdziła korelację odpowiedzi o żywotności komórek w hodowlach *in vitro*, wykonanej na pomocą testu MTT oraz fluorescencji multispektralnej połączonej z analizą chemometryczną. Czy w związku z tym zdefiniowane modele regresyjne mogą zostać wykorzystane do predykcji żywotności komórek w hodowlach, o których informacja nie była wykorzystana podczas treningu (tzw. nowe obiekty)?
2. Proszę o informację, jakich wyników dostarcza test MTT? Czy należą one do przedziału ciągłego? Jeżeli tak, to dlaczego w obliczeniach, gdy ta zmienna była używana jako zmienna celu, były wykorzystane tylko niektóre jej wartości (np. rys. S1 w [P1])? Może zastosowanie tej zmiennej w pełnym zakresie dostarczy modeli wyższej jakości.
3. Odnosząc się do artykułu [P2] proszę o ogólny komentarz, czy stosując algorytm PARAFAC można na podstawie obliczonych składowych identyfikować liczbę i typ analitów (fluoroforów) w mieszaninach.
4. Co oznaczają hiperparametry c , ν , stosowane podczas optymalizacji SVM [P5], np. na rys. 4.?
5. Jak obliczany jest błąd średniokwadratowy procedurach klasyfikacyjnych (chodzi o RMSE w różnych wariantach tj. pierwiastek z błędu średniokwadratowego). Typowo ten parametr jest wykorzystywany w podejściu regresyjnym. Współczynniki RMSE są przykładowo zaprezentowane m.in. w Tab. 1 w artykule [P3].
6. Chciałabym prosić Doktorantkę, aby w czasie obrony krótko scharakteryzowała platformę obliczeniową *Solo*. Z zakresu zastosowanych algorytmów chemometrycznych oraz ogólnie wykonanej analizy danych można wnioskować, że jest to użyteczne narzędzie, idealnie dopasowane do wymagań współczesnej metrologii, gdzie często uzyskujemy odpowiedź wielowymiarową.

Podsumowanie recenzji

Podsumowując stwierdzam, że zgodnie z wymogami ustawowymi oceniana rozprawa doktorska Pani mgr inż. Klaudii Głowacz prezentuje ogólną wiedzę teoretyczną osoby ubiegającej się o nadanie stopnia doktora, stanowi oryginalne rozwiązanie problemu naukowego, a Doktorantka posiada umiejętność samodzielnego prowadzenia pracy badawczej. Praca przedstawia dużą wartość pod względem poznawczym, wnosi elementy nowości w zakresie wykorzystania widm EEM w połączeniu z modelami chemometrycznymi do badania (bio)analitów oraz wykorzystania do tego celu kropek kwantowych. Reasumując uważam, że przedłożona do oceny rozprawa pt. *„Fluorescencja multispektralna i metody chemometryczne w zastosowaniach (bio)analitycznych”* spełnia wszystkie wymagania merytoryczne i kryteria formalne nakładane na prace doktorskie w art. 187 Ustawy z dnia 20 lipca 2018 roku - Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2023 r. poz. 742 z późn. zm.).

Z pełnym przekonaniem wnoszę do Rady Naukowej Dyscypliny Nauk Chemicznych Politechniki Warszawskiej wniosek o dopuszczenie Doktorantki do dalszych etapów przewodu doktorskiego.

Ponieważ jest to rozprawa o szerokim aspekcie badawczym i wysokim poziomie merytorycznym, a uzyskane efekty zostały już opublikowane w czasopiśmie o wysokim współczynniku oddziaływania, zwracam się do Rady Naukowej Dyscypliny Nauk Chemicznych Politechniki Warszawskiej o jej wyróżnienie. Załączam dodatkowy dokument z uzasadnieniem mojego wniosku.

