

**Prof. dr hab. inż. Henryk Jeleń**  
Wydział Nauk o Żywności i Żywieniu  
Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu  
Ul. Wojska Polskiego 31, 60-624-Poznań  
Tel: 061-8487273  
E-mail: [henryk.jelen@up.poznan.pl](mailto:henryk.jelen@up.poznan.pl)

Poznań, 09.12.2024

## **RECENZJA**

**rozprawy doktorskiej Pani mgr inż. Magdaleny Lasoń – Rydel pt. „Opracowanie innowacyjnego systemu analitycznego opartego na kompleksowym badaniu składu aminokwasów i dipeptydów w wieloskładnikowych matrycach rolno – spożywczych i medycznych” realizowanej pod kierunkiem prof. dr hab. Tomasza P. Olejnika jako promotora oraz dr hab. inż. Katarzyny Ławińskiej jako promotora pomocniczego.**

Podstawą do wykonania recenzji jest pismo Pani Prodziekan Wydziału Biotechnologii i Nauk o Żywności Politechniki Łódzkiej dr hab. Edyty Gendaszewskiej – Darmach, prof. uczelni, z dnia 09.10.2024 odwołujące się do Uchwały 1/2024 Rady dyscypliny technologia żywności i żywienia z dnia 8.10.2024 o powierzeniu funkcji recenzenta rozprawy doktorskiej Kandydatki. Praca doktorska była realizowana na Wydziale Biotechnologii i Nauk o Żywności Politechniki Łódzkiej oraz w Łódzkim Instytucie Technologicznym – Sieci Łukasiewicz w ramach programu doktorat wdrożeniowy.

### **Wybór tematyki pracy**

Analiza aminokwasów jest jednym z podstawowych oznaczeń w chemii żywności w obszarze analityki białek, polipeptydów i peptydów, ale także w badaniach medycznych. Powyższe analizy w ujęciu historycznym obejmują pośrednie metody oceny ich zawartości (metoda Kiejdahla, metod Dumasa), metody obejmujące wykorzystanie spektroskopii w podczerwieni (IR, FTIR), czy spektrofotometrii UV-Vis z wykorzystaniem reakcji barwnych, oraz metod chromatograficznych. Te ostatnie, uznane za najbardziej dokładne i umożliwiające oznaczenie poszczególnych aminokwasów (i/lub peptydów) wykorzystują zarówno chromatografię ciekłą, jak i gazową. Z uwagi na różnorodność matryc, w których oznaczane są aminokwasy istotną rolę odgrywa proces przygotowania próbek do analizy. Z tego powodu opracowanie metod oznaczania aminokwasów wymaga uwzględnienia specyfiki matrycy. Podjęcie tematu pracy, której celem było opracowanie systemu analitycznego, dedykowanego do złożonych matryc, zarówno rolno – spożywczych, jak i medycznych, oraz biorąc pod uwagę specyfikę jednostki w której realizowana była praca – odpadowe matryce z przemysłu garbarskiego, uważam za istotne i zasadne.

## Formalna ocena pracy

Praca ma tradycyjną formę monografii, składającej się z typowych dla tego typu rozpraw rozdziałów. W przeglądzie literatury Autorka skupiła się na wyzwaniach analitycznych związanych z oznaczaniem związków w wieloskładnikowych matrycach i specyficznemu oznaczaniu zawartości w nich aminokwasów i dipeptydów, przedstawiła podstawowe informacje na temat aminokwasów, ich budowy i klasyfikacji. Osobne miejsce w tym rozdziale zajmują wybrane matryce rolno spożywcze (miody, kolagen, grzyby jadalne, owoce/warzywa przetwory mączne i białkowe - izolaty białkowe), produkty odpadowe (odpadowy kolagen wołowy, strużyny garbarskie bogate w kolagen) i medyczne (mocz). Autorka przedstawiła także trendy żywieniowe związane z zawartością i różnorodnością aminokwasów. Rozdział kończy przedstawienie systemów/technik analitycznych do badania matryc wieloskładnikowych omawiając w skrócie te, wykorzystane w realizacji pracy - FTIR, UV-Vis, oraz głównie HPLC i GC.

Po przeglądzie literatury (35 stron), określeniu celu pracy, opis materiałów i metod zajmuje 38 stron, część wynikowa pracy to 35 stron, po której następuje dyskusja wyników, podsumowanie i wnioski, spis tabel i wykresów oraz spis literatury. Obejmuje on 166 pozycji, w większości anglojęzycznych i aktualnych. Cała praca liczy 136 stron.

## Merytoryczna ocena pracy

W pracy badano wybrane matryce pod kątem zawartości aminokwasów i wybranych dipeptydów. Było to: 18 próbek miodów o różnym pochodzeniu botanicznym, 9 próbek kolagenu spożywczego w zróżnicowanych formach (kapsułki, żele, tabletki, draże, ciecz), 2 gatunki grzybów jadalnych (*Pleurotus ostreatus* oraz *Shiitake*), wybrane gatunki owoców i warzyw (pomidory dwóch odmian, oraz papryka 4 odmian), susz roślinny (zielony jęczmień), a także odpadowy kolagen wołowy i rybi, strużyny garbarskie, moczu ludzki, oraz żywność ujęta w grupę *novel foods* zawierająca m. in. odżywki proteinowe, mąki ze świerszczy, kasztanów i ciecierzycy.

Badane matryce są bardzo zróżnicowane pod względem chemicznym. Ich dobór prawdopodobnie był podyktowany analizami produktów wykonywanymi w laboratorium Autorki w ramach różnych projektów, obejmujących interesujące pod względem złożoności produkty. Możemy wyróżnić zasadniczo dwie grupy produktów – pierwsza to produkty spożywcze i surowce roślinne, obejmujące także suplementy diety (kolagen, odżywki białkowe), żywność typu *novel food* (w tym mąki z owadów), oraz druga grupa – produkty uboczne przemysłu spożywczego (odpadowy kolagen), czy garbarskiego (strużyny).

Różnorodność matryc uważam za zaletę w/w pracy, aczkolwiek stanowi ona też przeszkodę w dogłębnym przestudiowaniu wpływu składników matrycy np. na odzysk, albo proces derywatyzacji aminokwasów, lub porównanie większej liczby metod analitycznych do badania jednego produktu.

Mocz ludzki stanowi odrębną grupę – (tutaj) matrycy medycznej i w mojej opinii umieszczenie go w pracy, wśród surowców, produktów spożywczych i ew. odpadowych (*ang. sidestreams*) jest dyskusyjne. Powinien on stanowić jedną z aplikacji odnoszących się np. do płynów ustrojowych człowieka, a w tej pracy bym go nie umieszczał.

Jeśli chodzi o dobór materiału badanego spośród produktów spożywczych brakuje mi np. hydrolizatów białkowych czy serów, szczególnie tych z zaawansowanym procesem proteolizy, aczkolwiek literatura na ten temat jest dość obszerna. Profil lub wybrane, aminokwasy (prolina – miód, hydroksypolina – kolagen z surowców odpadowych) są istotne w charakterystyce jakościowej badanych produktów, więc oznaczanie wybranych, lub wszystkich aminokwasów w zależności od produktu jest zasadne.

### Proces przygotowania próbek do analizy i analiza instrumentalna

Oznaczanie aminokwasów obejmuje przygotowanie próbki – głównie procedury wyodrębniania, oczyszczania, derywatywacji oraz samą analizę instrumentalną. Bardzo wartościowe porównanie ilustrujące wpływ procesu przygotowania próbek na zawartość oznaczanego składnika (w tym wypadku hydroksypoliny) przedstawiono w Tabeli 2. Aczkolwiek, w celu optymalnego doboru parametrów i odczynników w procesie hydrolizy/ekstrakcji można było się pokusić o wykorzystanie programu do projektowania eksperymentów w celu zminimalizowania ich liczby i jednoznacznego określenia wpływu danego parametru na proces. Termin optymalizacja (strona 52) w odniesieniu do metod przygotowania próbek używany jest zazwyczaj, gdy opracowanie parametrów opiera się na procedurze matematycznej/statystycznej. Autorka wykazała, że procedura przygotowania próbek ma zasadnicze znaczenie dla otrzymanego wyniku – głównie w kontekście wydajności ekstrakcji/oczyszczania.

Do oznaczania proliny w miodach (przy badaniu ich autentyczności) wykorzystywana i skodyfikowana rozporządzeniem MRiRW (z 2009 r.) jest technika UV-Vis, w której oznaczane są produkty reakcji aminokwasów z ninhydryną. Ta sama technika z wykorzystaniem aldehydu p-dimetyloaminobenzoesowego (DABA) była wykorzystana do oznaczania zawartości hydroksypoliny w odpadowym kolagenie wołowym. Analizy te są relatywnie proste w wykonaniu, potencjalne niebezpieczeństwo w oznaczeniach powodowane jest małą selektywnością (w porównaniu do metod chromatograficznych) metod spektrofotometrycznych, w których z reguły wykorzystuje się reakcję (barwną) określonej grupy (grup) funkcyjnych, w tym substancji potencjalnie interferujących, pochodzących z matrycy.

Oznaczanie aminokwasów za pomocą HPLC jest jedną z najlepiej opracowanych aplikacji przez producentów sprzętu analitycznego. Wykorzystywane są do tego zazwyczaj zestawy odczynników oferowane przez producentów aparatury cytowane w notach aplikacyjnych, w

których do derywatywacji (przedkolumnowej) wykorzystuje się OPA lub/i FMOc lub podobne w zależności od producenta odczynnik, reagujące z grupą aminową aminokwasów, a do wykrywania i analizy ilościowej detektory DAD (z listą diodową) lub FLD (det. fluorescencyjny). Kandydatka wykorzystwała w swoich analizach metodę AccQ•Tag (Waters), wykorzystując do derywatywacji odczynnik AccQ Fluor (6-aminochinolino-N-hydroksy sukcyndimidylo karbaminian) i detektor FLD. Za pomocą chromatografii gazowej ze spektrometrią mas Autorka oznaczała zawartość aminokwasów w matrycach odpadowych, owocowo – warzywnych i medycznych. W analizie aminokwasów prowadzonej za pomocą GC lub GC/MS analizuje je się zazwyczaj jako pochodne TMS lub pochodne chloromrówczanów (najczęściej propylu). Te ostatnie zostały użyte w zestawach do derywatywacji dostępnych komercyjnie, którymi prawdopodobnie posługiwała się Kandydatka. Do oznaczenia aminokwasów w żywności *novel food* i suszu roślinnym wykorzystano HPLC z tandemową spektrometrią mas i jonizacją ESI stosując do derywatywacji zestaw MetAmino®.

Wykorzystanie tak różnorodnych narzędzi dowodzi dużej sprawności analitycznej Kandydatki i swobodnego poruszania się w obszarze analityki aminokwasów. Przedstawione w części zarówno metodycznej, jak i wynikowej rezultaty dotyczące wpływu procesu przygotowania próbek na zawartość wybranych aminokwasów lub ich sumy uważam za bardzo wartościowe.

### Wyniki badań

W pracy przyjęto konwencję przedstawienia w osobnym rozdziale wyników, po którym następuje rozdział poświęcony ich dyskusji. W mojej opinii łatwiej byłoby połączyć te dwa rozdziały i prowadzić dyskusję bezpośrednio po przedstawieniu wyników danego etapu pracy. Zyskałaby na tym także przejrzystość rozprawy.

Badanie zawartości proliny w 18 próbkach miódów odbywało się wg. PN-88/A-77626 oraz rozporządzenia MRiRW z dn. 3 października 2003. Cztery spośród analizowanych próbek charakteryzowały się zbyt wysoką (wg PN) zawartością proliny. Z punktu widzenia analityki i ew. wyzwań metoda ta nie przedstawia zasadniczych problemów i jest metodą stosowaną rutynowo. Interesujące są wyniki ilustrujące znaczne zróżnicowanie zawartości proliny w obrębie analizowanych próbek.

W badaniach zawartości hydroksyproliny w odpadowym kolagenie wołowym metodą UV-Vis przedstawiono wyniki z różnymi metodami oczyszczania próbek (filtracja, filtracja z użyciem membran, nanofiltracja, dializa, SPE). Wartości średnie dla oznaczeń wskazują, że zawartości są bardzo podobne, a sposób oczyszczania preparatu nie ma znaczenia dla końcowego wyniku, co jest ciekawą obserwacją, aczkolwiek nie przedstawiono oceny statystycznej istotności różnic.

Wyniki badań zawartości aminokwasów w 9 próbkach kolagenu spożywczego wykonano techniką zarówno HPLC-DAD jak i HPLC-FLD. Porównanie dwóch technik detekcji jest bardzo interesujące z punktu widzenia analityki. Autorka dysponowała znaczną ilością (naważką) poszczególnych próbek, w tej sytuacji granice oznaczalności dla tych dwóch rodzajów detekcji nie miały aż takiego znaczenia, jak np. w badaniu próbek biologicznych, gdzie zazwyczaj dysponujemy małą ilością materiału badanego. Rycina 25 pokazuje porównanie wyników uzyskanych za pomocą obu metod. Niestety z uwagi na sposób przedstawienia danych (wykres 3D) trudno się zorientować w szczegółach tego porównania. W mojej opinii Autorka mogła porównać obydwie metody w ujęciu tabelarycznym, jeśli chodzi o zawartości poszczególnych aminokwasów i przede wszystkim porównać podstawowe charakterystyki walidacyjne obu metod, takich jak granice oznaczalności, powtarzalność, zakres liniowości, dokładność. Byłoby to istotne szczególnie dla analityków dysponujących tylko detektorem DAD, czy nawet UV-Vis, który jest bez wątpienia najbardziej rozpowszechnionym detektorem wchodzącym w skład zestawów HPLC.

Za bardzo wartościowy element pracy uznaję zainteresowanie Autorki analizą produktów ubocznych przemysłu spożywczego (kolagen odpadowy wołowy i rybi) i zwrócenie uwagi zarówno na proces przygotowania próbek, jak i analizy. Na rycinie 27 przedstawiono porównanie zawartości aminokwasów w odpadowym kolagenie wołowym oraz kolagenie spożywczym, a w tabeli 12 i na rycinie 28 przedstawiono zawartości aminokwasów w odpadowym kolagenie rybim. Odnośnie tabeli 12 – ciekawe, co może być powodem tak małej zawartości aminokwasów w próbkach R7-R9. Choć Autorka dość szczegółowo dyskutuje przyczyny niskiej wydajności aminokwasów kolagenu rybiego pozyskanego z odpadowych skór jesiota hodowlanego przytaczając wpływ procesu przygotowania próbek (Ref. 162) te dane literaturowe wydają mi się dość wątpliwe. Autorka pisze, że „powodem takiego stanu rzeczy (niskiego poziomu stężeń analitów) jest niewystarczający poziom przeprowadzenia procesów oczyszczania i hydrolizy. Istnieje przypuszczenie, że jest to wynikiem niewłaściwie dobranych parametrów analitycznych, a także zbyt krótkiego czasu prowadzenia procesów oczyszczania” (str. 115). W mojej opinii powodem tak dużego zróżnicowania zawartości aminokwasów dla próbek R7-R9 jest jakość/stopień oczyszczenia surowca, zakładając, że wszystkie próbki były poddane tej samej procedurze analitycznej. Niecelowe natomiast wydaje mi się porównanie zawartości aminokwasów w produktach odpadowych i produktach spożywczych z grupy suplementów diety (Rycina 29, dyskusja str. 115). Jak najbardziej wartościowe są porównania zawartości i profilu aminokwasów w odpadowym kolagenie wołowym i rybim, co zrobiono na rycinie 30, aczkolwiek rycina powinna być zastąpiona tabelą, w celu lepszej przejrzystości danych.

Z punktu widzenia zagospodarowania produktów ubocznych istotne jest zbadanie strużyn garbarskich pod kątem zawartości aminokwasów. Oznaczenia te wykonano techniką HPLC-FLD wskazując na relatywnie wysokie zawartości aminokwasów (28 – 72 g/100g). W tabeli

14 przedstawiono stężenia aminokwasów w wybranych grzybach jadalnych. Nie wnoszą one wiele w charakterystykę chemiczną grzybów z uwagi na małą liczbę analizowanych gatunków natomiast ilustrują przydatność techniki HPLC-FLD do w/w oznaczeń. Szczególnie ciekawe są wyniki porównania zawartości aminokwasów przedstawione na rycinach 33-36 ilustrujące wpływ temperatury w procesie dezaktywacji materiału na uwalnianie aminokwasów z białek grzybów.

W tabelach 17 -20 zamieszczono wyniki oznaczeń zawartości aminokwasów w próbkach papryki 4 odmian z podaniem oznaczeń dla poszczególnych powtórzeń, wartości średniej oraz wartości odchylenia standardowego, co nie było regułą we wszystkich tabelach. Autorka porównała na rycinie 43 zawartość kolagenu z odpadów garbarskich K1-K4 oznaczanych techniką HPLC-FLD z próbami kolagenu ze strużyn garbarskich P1-P6 oznaczanych techniką GC-MS wnioskując, że „technika GC-MS jest mało selektywna w zakresie badania zawartości aminokwasów w multiskładnikowej matrycy, jaką są strużyny garbarskie”. Tego rodzaju wniosek można by wysnuć, gdyby wszystkie próbki były analizowane tą samą techniką. Może po prostu w próbkach kolagenu z odpadów garbarskich (kolagen wołowy) zawartość aminokwasów jest znacznie wyższa niż w próbkach strużyn – niezależnie od techniki, którą użyjemy do analizy?

Wobec powyższego ciekawym wynikiem jest porównania profilu aminokwasów wykonanych w tym samym surowcu (odpadowy kolagen wołowy) z wykorzystaniem HPLC-FLD i GC-MS (Rycina 44). Choć porównanie obu technik na wykresie 3D jest utrudnione wydaje się, że wyniki są w miarę porównywalne. Jak domniemam te same próbki strużyn analizowano techniką HPLC-FLD (próbki S1-S6) oraz GC-MS (P1-P6) – Rycina 45. Wyniki dla próbek P1-P6 przedstawiono w tabeli (Tabela 22), nie wiem, dlaczego tego samego nie zrobiono dla próbek S1-S6. Jeśli są to te same próbki, to rzeczywiście uwaga na temat małej selektywności (?), a raczej czułości GC-MS w odniesieniu do strużyn przytaczana powyżej miałyby sens, natomiast jak wytłumaczy wtedy Autorka porównywalne wyniki zamieszczone na rycinie 44?

Na stronach 108 – 125 przeprowadzono dyskusję wyników. Na stronie 111 autorka pisze, że porównanie badań zawartości aminokwasów przy zastosowaniu detektorów DAD i FLD dowodzi, że detektor DAD można zastosować do badań stężenia aminokwasów, lecz pod pewnymi warunkami tj. należy zoptymalizować powtarzalność metodyki, która powoduje problemy ze względu na „ogonowanie” pików i słaby sygnał na chromatogramie (konieczność zatężania próbki). Dodatkowo, aby uzyskać wiarygodną i powtarzalną metodykę należy zoptymalizować kształt pików, czas retencji i ciśnienie układu. Natomiast z przedstawionych danych (Ryc. 25) nie wynikają żadne szczegóły odnośnie porównania pików (brak chromatogramów, nie obliczono symetrii pików, nie określono powtarzalności metody), które uzasadniałyby takie wnioski. Podobnie, porównanie HPLC-FLD z GC-MS (Ryc. 44) jest utrudnione z powodu metody przedstawienia wyników (rycina 3D) i braku

tabelarycznego ich ujęcia oraz brak elementów walidacji metody (zakres liniowości powtarzalność, LOD, LOQ). Autorka wyciąga wnioski odnośnie przewagi HPLC-FLD nad GC-MS w oznaczaniu profilu aminokwasów odpadowego kolagenu wołowego (str. 112), natomiast wnioski te nie są poparte wynikami. Podobne wnioski pojawiają się w odniesieniu do precyzji HPLC-FLD na stronie 116.

#### Uwagi dotyczące części literaturowej:

- *W części poświęconej platformom analitycznym przyjęto dość duży poziom ogólności. Zakładając, że czytelnik pracy doktorskiej orientuje się na czym polegają zasady opisywanych technik skupiłbym się na cytowaniu aplikacji związanych wyłącznie z analizą aminokwasów, najlepiej w matrycach opisywanych wcześniej przez Autorkę, by zobrazować dotychczasowy stan wiedzy w tym obszarze.*
- *Rysunek 1. Klasyfikacja niektórych mąk i produktów (izolatów) białkowych do grupy novel foods w świetle istniejących definicji jest wątpliwa*
- *Z uwagi na to, że w swoim zakresie praca dotyczy głównie aminokwasów wyeliminowałbym z tytułu dipeptydy. Z powodów podanych wcześniej usunąłbym także z tytułu (i pracy) matryce medyczne.*

#### Uwagi dotyczące części metodycznej i wynikowej:

- *W części metodycznej daje się zauważyć brak tabeli, która jednoznacznie identyfikowałaby próbki zgodnie z numeracją i nazewnictwem używanym w części wynikowej. Ułatwiłoby to znacznie orientację w wykonywanych analizach, zwłaszcza w obliczu znacznej liczby i różnorodności próbek. Na schemacie ilustrującym dobór produktów (Rycina 1) w grupie novel food ujęto mąki i produkty białkowe, w opisie znajdziemy przetwory mączne, preparaty białka rzepakowego, natomiast w części wynikowej (Rycina 46) nie znajdziemy białka rzepakowego.*
- *Moje główne zastrzeżenia odnoszą się do sposobu prezentacji wyników: Kandydatka wykorzystuje trójwymiarowe wykresy do ilustracji zawartości poszczególnych aminokwasów w próbkach, a także do porównania próbek np. analizowanych różnymi technikami. Choć atrakcyjne wizualnie, wykresy 3D często uniemożliwiają porównania przedstawionych na nich danych. Powinny one być zastąpione przez tabele, albo w uzupełnieniu tabele powinny znajdować się w załącznikach. Problem ten był artykułowany przez mnie wcześniej w niniejszej recenzji. Dotyczy to głównie rycin 25, 27, 30 i 45.*
- *W Tabeli 13 przedstawiono zawartość aminokwasów w 6 próbkach strużyn garbarskich podając w pierwszym wierszu wynik (+/- niepewność), podczas gdy w kolumnach przedstawiono wyniki (tylko) dwóch oznaczeń i średnią (bez wartości odchylenia standardowego). Czy przedstawione powtórzenia odnoszą się do dwóch nastrzyków tej samej próbki, czy dwóch ekstrakcji? Rycina 32 jest powtórzeniem danych zawartych w Tabeli 13.*
- *W Tabeli 14 podano stężenia aminokwasów w próbkach grzybów jadalnych podając wyniki dwóch powtórzeń oraz wartości odchylenia standardowego, natomiast nie podano wartości średniej.*
- *Strona 65: Kolumna ZB-AAA-GC (15m x 0.25 x 0.1µm grubość filmu (fazy stacjonarnej), a nie folii!)*
- *Na rycinach 37-40 (6.12, str. 89) Autorka przedstawia zawartość aminokwasów wolnych i po hydrolizie w próbkach białka zbożowego analizowanych techniką GC-MS. Bezpośrednio za rycinami zamieszczono tabelę (15) z różnymi wariantami hydrolizy (temperatura/czas), ale w opisie w/w rycin nie zaznaczono które warianty hydrolizy zostały wykorzystane w poszczególnych eksperymentach. Nie można niestety znaleźć identyfikacji poszczególnych próbek Z1-Z4 w części materiały i metody – czy próbki te reprezentują jęczmień ozimy? Odpowiedź znajdujemy (?) w tabeli 24 (str. 107), gdzie znajdują się wyniki badania zawartości aminokwasach w 6 próbkach suszu zielonego (pszenica ozima, nadziemne części zielone, próbki Z1-Z6, analiza wykonana techniką LC-MS/MS (co z kolei wskazywałoby, że próbki Z1-Z4 i Z1-Z6 to dwie różne grupy próbek).*
- *W punkcie 6.13 Kandydatka pisze, że wyniki badań zawartości aminokwasów w różnych matrycach opisano w punktach 5.13.1 – 5.13.5, podczas gdy rozdział 5 poświęcono opisowi eksperymentów, a na kolejnych stronach nie wskazano, że poszczególne punkty powinny mieć numerację 6.13.1 – 6.13.5.*
- *Str. 117 – powinno być Tabela 15, a nie Tabela 35.*

- *Str. 122 – na schemacie dla grzybów określono GC-MS jako technikę analityczną, podczas gdy w części wynikowej jako technika analityczna pojawia się HPLC-FLD.*

Wymienione powyżej uwagi mają charakter głównie edytorski i nie umniejszają wartości pracy.

Podsumowując, powinniśmy odpowiedzieć na pytanie, czy cel pracy został osiągnięty i przede wszystkim, czy doktorant uzyskał umiejętności analityczne i wiedzę w danym obszarze, którego tematyka pracy dotyczy. Autorka przeprowadziła bardzo dużo analiz z wykorzystaniem różnych systemów analitycznych, począwszy od relatywnie nieskomplikowanych – (UV-Vis) do bardzo skomplikowanych (LC-MS/MS). Doktorantka wykazała się biegłością analityczną wykorzystując różne platformy w trakcie realizacji pracy. Pełniła kluczową rolę w realizacji eksperymentów. Opanowała zarówno techniki przygotowania próbek, obejmujące ekstrakcję, hydrolizę białek, derywatyzację zarówno w wypadku chromatografii cieczowej, jak i gazowej oraz techniki separacyjne – HPLC i GC z różnymi systemami detekcji. Wnioskować można, że jest specjalistką w tym obszarze analiz.

Cel pracy dotyczył opracowania systemów analitycznych do analizy aminokwasów w zróżnicowanych matrycach głównie rolno – spożywczych. Z zadania tego Doktorantka wywiązała się w sposób satysfakcjonujący przedstawiając wyniki dotyczące znacznej liczby zróżnicowanych pod względem składu i pochodzenia próbek. Konsekwencją dużej liczby próbek reprezentujących różne matryce jest pewna powierzchowność, szczególnie w opisywaniu wyników i wnioskach. Zabrakło mi danych odnoszących się do aspektów walidacyjnych implementowanych metod (głównie LOD, LOQ, zakresu liniowości, powtarzalności itd.). Niewątpliwą zaletą pracy jest zajęcie się surowcami odpadowymi przemysłu rolno spożywczego (kolagen) i garbarskiego. Jest to interesujące zagadnienie w obliczu zainteresowania zagospodarowania odpadów, czy raczej strumieni ubocznych w produkcji.

Biorąc powyższe pod uwagę zwracam się z prośbą do Rady dyscypliny technologia żywności i żywienia Politechniki Łódzkiej o dopuszczenie Pani Magdaleny Lasoń – Rydel do dalszych etapów postępowania w ubieganiu się o nadanie stopnia doktora w dyscyplinie technologia żywności i żywienia.

Prof. dr hab. inż. Henryk Jeleń