

prof. dr hab. Adam Waśko
Kierownik Katedry Biotechnologii,
Mikrobiologii i Żywienia Człowieka
Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie
ul. Skromna 8, 20 -704 Lublin
e-mail: adam.wasko@up.lublin.pl

RECENZJA

rozprawy doktorskiej pt.: „**Extremophilic filamentous fungi – source of biomolecules with potential industrial applications**” („**Ekstremofilne grzyby strzępkowe – źródło biomolekuł o potencjalnych zastosowaniach przemysłowych**”)

wykonanej przez mgr inż. Weronikę Śliżewską w Instytucie Biotechnologii Molekularnej i Przemysłowej na Wydziale Biotechnologii i Nauk o Żywności Politechniki Łódzkiej

pod kierunkiem promotora dr hab. Olgi Marchut-Mikołajczyk prof. PŁ oraz promotora pomocniczego dr Katarzyny Struszyk-Świta

Podstawę formalną realizacji recenzji stanowi Uchwała Rady Naukowej Dyscypliny Technologia Żywności i Żywienia nr 20/2026 Szkoły Politechniki Łódzkiej (z dnia 16.06.2026 r.) oraz rozprawa doktorska mgr inż. Weroniki Śliżewskiej

Podstawę prawną stanowi art. 190 ustawy z dnia 20 lipca 2018 roku *Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce* (DZ.U. z 2024 r. poz. 1571 ze zm.).

Informacje dotyczące Kandydatki

Mgr Weronika Śliżewska jest absolwentką Politechniki Łódzkiej. W latach 2016–2020 studiowała na kierunku Biogospodarka na Wydziale Biotechnologii i Nauk o Żywności Politechniki Łódzkiej, realizując także semestry rotacyjne na Politechnice Warszawskiej i Wojskowej Akademii Technicznej. Studia inżynierskie ukończyła w lutym 2020 r., przygotowując pracę pt. „Production of microbial oil from *Mucor circinelloides* IBT-83”. Następnie, od marca 2020 r. do lipca 2021 r., odbywała studia magisterskie na kierunku biotechnologia, w specjalności biotechnologia molekularna i przemysłowa, na



Politechnice Łódzkiej. Tytuł zawodowy magistra uzyskała w lipcu 2021 r. na podstawie pracy pt. „Halophilic filamentous fungi as a source of lipolytic enzymes”. Od października 2021 r. do czerwca 2026 r. była doktorantką Interdyscyplinarnej Szkoły Doktorskiej Politechniki Łódzkiej w dyscyplinie technologia żywności i żywienia, gdzie realizowała badania stanowiące podstawę ocenianej rozprawy doktorskiej. Kandydatka zdobywała również doświadczenie badawcze podczas staży naukowych, m.in. w Department of Biochemistry and Molecular Biology Federal University of Viçosa w Brazylii (sierpień–wrzesień 2019 r.) oraz w Instytucie Biotechnologii Przemysłu Rolno-Spożywczego w Łodzi (sierpień–wrzesień 2020 r.). W okresie kształcenia doktorskiego uczestniczyła ponadto w projektach badawczych, a w 2023 r. kierowała projektem realizowanym w ramach programu FU2N Politechniki Łódzkiej. W przedłożonej rozprawie i zawartych w niej informacjach biograficznych nie podano informacji o wcześniejszym ubieganiu się przez mgr inż. Weronikę Śliżewską o nadanie stopnia doktora ani o wcześniejszym postępowaniu doktorskim. Nie przedstawiono również odrębnego przebiegu zatrudnienia zawodowego; opis aktywności Kandydatki koncentruje się na kształceniu akademickim, pracy naukowej, stażach oraz działalności projektowej.

Ocena formalnej strony pracy

Przedmiotem niniejszej recenzji jest rozprawa doktorska mgr inż. Weroniki Śliżewskiej przygotowana na Wydziale Biotechnologii i Nauk o Żywności Politechniki Łódzkiej. Rozprawa została opracowana w języku angielskim i liczy 189 stron. Ma charakter cyklu publikacyjnego, którego zasadniczy korpus obejmuje streszczenia w języku angielskim i polskim, wykaz publikacji składających się na rozprawę, syntetyczny rozdział wprowadzający, cele pracy, opis materiału i metod, zintegrowany rozdział „Results and Discussion”, wnioski końcowe, piśmiennictwo, informacje o dorobku Kandydatki, kopie publikacji oraz oświadczenia współautorów.

Część merytoryczna poprzedzająca kopie artykułów obejmuje strony 1–71, strony 72–174 zawierają pełne teksty publikacji, natomiast końcowa część pracy obejmuje oświadczenia współautorów. Rozprawa doktorska mgr inż. Weroniki Śliżewskiej ma charakter cyklu publikacyjnego obejmującego cztery powiązane tematycznie prace naukowe. Doktorantka jest pierwszą autorką wszystkich czterech publikacji stanowiących



podstawę rozprawy, wskazuje na jej wiodący udział w realizacji przedstawionego osiągnięcia naukowego. Ponadto w pracy P4 została wskazana jako współautorka korespondencyjna. Analiza zamieszczonych w rozprawie deklaracji wkładu autorskiego potwierdza jej zasadniczą rolę w realizacji całego cyklu. W pracy przeglądowej P1 Doktorantka przeprowadziła analizę literatury, przygotowała pierwotną wersję manuskryptu oraz materiały graficzne. W publikacjach eksperymentalnych P2–P4 jej udział obejmował współtworzenie koncepcji badań, opracowanie metodyki, wykonanie zasadniczej części doświadczeń laboratoryjnych, analizy statystyczne i bioinformatyczne, interpretację wyników oraz przygotowanie pierwszych wersji manuskryptów. Szczególnie istotny jest jej udział w analizach genomicznych szczepów *Aspergillus tubingensis* FF14 i *Aureobasidium pullulans* P8, obejmujący składanie genomów, ich anotację oraz zdeponowanie uzyskanych sekwencji w publicznych bazach danych. W przypadku szczepu *A. pullulans* P8 Doktorantka została ponadto wskazana jako główna autorka projektu złożenia genomu. Całość przedstawionej dokumentacji pozwala stwierdzić, że wkład mgr inż. Weroniki Śliżewskiej w powstanie publikacji stanowiących podstawę rozprawy był dominujący i potwierdza jej zdolność do samodzielnego planowania, prowadzenia oraz interpretowania badań naukowych. Na cykl składają się cztery prace: jedna publikacja przeglądowa, dwie prace oryginalne opublikowane w czasopismach o zasięgu międzynarodowym oraz jedna praca pozostająca w recenzji. Łączny deklarowany Impact Factor publikacji włączonych do rozprawy wynosi 17,1, a suma punktów MEiN – 440. Należy zaznaczyć, że jedna z prac (P4) w chwili złożenia rozprawy nie była jeszcze opublikowana; nie wyklucza to jej wykorzystania w dysertacji, lecz powoduje, że ta część wyników wymaga szczególnie samodzielnej oceny recenzenta.

Konstrukcja rozprawy jest logiczna i odpowiada formule doktoratu publikacyjnego. Poszczególne części tworzą spójną narrację: od uzasadnienia wyboru ekstremofilnych grzybów strzępkowych jako źródła biomolekuł, poprzez screening i charakterystykę funkcjonalną szczepów, aż do identyfikacji wybranych metabolitów, optymalizacji ich biosyntezy i analiz genomowych. Układ ten ułatwia prześledzenie związku pomiędzy celami badawczymi, zastosowaną metodyką i wynikami publikacji wchodzących w skład cyklu.



Praca jest czytelna i estetycznie przygotowana, a język angielski jest komunikatywny i na ogół odpowiada standardowi publikacji naukowych. W tekście występują jednak drobne uchybienia językowe i redakcyjne, m.in. konstrukcje typu „This research expand”, „strains safety”, czy „biosurfactants producer”.

Nie wpływają one na odbiór zasadniczych wyników, ale w kilku miejscach wymagają korekty. Dotyczy to także niekonsekwentnego zapisu stężeń NaCl – raz jako % (w/v), a w innych miejscach jako % (v/v). W przypadku chlorku sodu zapis objętościowy jest oczywiście nieprawidłowy i traktuję go jako błąd redakcyjny, który powinien zostać poprawiony. Należałoby również ujednolicić użycie terminów „halophilic”, „halotolerant” i „psychrophilic”.

Ryciny są zasadniczo poprawne i informacyjne, choć rycina 12 na stronie 42 jest nadmiernie złożona i mało czytelna w formacie A4. W pracy tej objętości przydatny byłby także odrębny wykaz rycin i tabel. Bibliografia jest aktualna i obejmuje liczne publikacje z ostatnich lat, co świadczy o dobrym rozpoznaniu współczesnego piśmiennictwa.

Podsumowując stwierdzam, że pod względem formalnym w świetle aktualnych przepisów prawa praca spełnia wymogi stawiane pracy doktorskiej.

Ocena wyboru tematu i zakresu pracy

Temat rozprawy należy uznać za trafny, aktualny i ważny zarówno z poznawczego, jak i aplikacyjnego punktu widzenia. Poszukiwanie nowych źródeł enzymów, pigmentów i związków powierzchniowo czynnych pochodzących z mikroorganizmów ekstremofilnych jest jednym z istotnych kierunków współczesnej biotechnologii przemysłowej. Organizmy zdolne do wzrostu przy wysokim zasoleniu lub niskiej temperaturze mogą wytwarzać metabolity zachowujące aktywność w warunkach, w których biomolekuły pochodzenia mezofilnego tracą stabilność lub funkcjonalność.

Na szczególne podkreślenie zasługuje objęcie badaniami zarówno grzybów pochodzących ze środowisk zasolonych, jak i antarktycznego szczepu *Aureobasidium pullulans* P8. Pozwoliło to Kandydatce odnieść się do dwóch odmiennych typów presji środowiskowej oraz kilku grup biomolekuł: enzymów hydrolitycznych, pigmentów ksantofilowych i biosurfaktantów aktywnych w niskiej temperaturze.



Zakres badań zawarty w dysertacji jest szeroki. Obejmuje charakterystykę 21 szczepów, ocenę tolerancji NaCl, screening aktywności enzymatycznej i biosurfaktantowej, oznaczanie wybranych mykotoksyn, identyfikację pigmentów, optymalizację ich produkcji, sekwencjonowanie genomów i analizy bioinformatyczne. Taka konstrukcja pozwala na wieloaspektową ocenę potencjału biotechnologicznego badanych mikroorganizmów, choć sprawia jednocześnie, że poszczególne obszary badawcze zostały przeanalizowane z różnym stopniem szczegółowości. Najpełniej rozwinięto badania *Aspergillus tubingensis* FF14, podczas gdy część dotycząca biosurfaktantów *A. pullulans* P8 ma bardziej wstępny charakter.

Problematyka pracy mieści się w obszarze biotechnologii mikroorganizmów i biotechnologii przemysłowej, a jej wyniki mogą mieć znaczenie również dla technologii żywności, zwłaszcza w kontekście naturalnych barwników, enzymów i biosurfaktantów. Temat i zakres rozprawy są zatem w pełni wystarczające do przygotowania dysertacji doktorskiej.

Merytoryczna ocena pracy

Rozprawa ma charakter cyklu publikacji. Taki model wymaga nie tylko przedstawienia wyników opublikowanych w odrębnych pracach, lecz także ich integracji w jedną spójną koncepcję badawczą. W mojej ocenie Kandydatka zasadniczo spełniła ten warunek. Główny cel sformułowano jako charakterystykę grzybów ekstremofilnych oraz ocenę ich potencjału do wytwarzania biomolekuł o możliwym zastosowaniu przemysłowym. Cele szczegółowe obejmowały screening szczepów, wybór najbardziej perspektywicznych producentów, optymalizację produkcji oraz analizę genomowych podstaw biosyntezy badanych związków.

Układ celów jest logiczny i odzwierciedla kolejne etapy badań od wyboru i charakterystyki szczepów grzybów ekstremofilnych, poprzez ocenę wytwarzanych przez nie biomolekuł, aż po analizę ich potencjalnych zastosowań biotechnologicznych. *Pewne zastrzeżenie w mojej opinii budzi natomiast sposób sformułowania hipotezy badawczej, która jest zbyt szeroka. Stwierdzenie, że grzyby ekstremofilne mogą być źródłem nowych związków bioaktywnych lub biomolekuł o unikalnych właściwościach, stanowi raczej ogólne założenie uzasadniające podjęcie badań niż precyzyjną hipotezę podlegającą*



*eksperymentalnej weryfikacji. Bardziej precyzyjna hipoteza powinna wskazywać konkretny związek między presją środowiskową a produkcją określonych grup metabolitów. Pewnej uwagi wymaga również ocena stopnia realizacji czwartego celu badawczego (O4), dotyczącego poznania genomowych podstaw produkcji biomolekuł poprzez analizę szlaków metabolicznych i regulacyjnych uczestniczących w ich biosyntezie. W mojej ocenie w rozprawie występuje w tym zakresie pewna niespójność. W przypadku *A. tubingensis* FF14 przeprowadzone analizy genomowe pozwoliły na identyfikację genów i klastrów związanych z ogólną biosyntezą karotenoidów, jednak nie umożliwiły jednoznacznego wskazania szlaków odpowiedzialnych za biosyntezę wykrytych ksantofili: neoksantyny, wiolaksantyny i anteraksantyny. Sama Doktorantka przyznaje w podsumowaniu tej części badań (s. 45), że cel O4 został osiągnięty jedynie częściowo. Odmienne przedstawia się sytuacja w przypadku *A. pullulans* P8, gdzie analiza genomu umożliwiła identyfikację genów i klastrów biosyntetycznych potencjalnie związanych z produkcją glikolipidowych biosurfaktantów, a wyniki analiz genomicznych zestawiono z eksperymentalnie wykazaną zdolnością szczepu do wytwarzania związków powierzchniowo czynnych. Należy jednak podkreślić, że również w tym przypadku nie przeprowadzono funkcjonalnej walidacji zidentyfikowanych genów i szlaków, np. poprzez analizę ich ekspresji lub badania mutantów. W tym kontekście pewne zastrzeżenie budzi końcowe stwierdzenie Doktorantki, że wszystkie cele naukowe rozprawy zostały w pełni osiągnięte (s. 50). Bardziej precyzyjne byłoby stwierdzenie, że cel O4 został zrealizowany w zakresie identyfikacji potencjalnych genomowych uwarunkowań biosyntezy badanych biomolekuł, natomiast pełne wyjaśnienie mechanizmów i szlaków ich biosyntezy wymaga dalszych badań funkcjonalnych. Nie traktuję tego jako istotnego uchybienia rozprawy, lecz raczej jako ograniczenie wynikające z zakresu zastosowanych metod, które jednocześnie wyznacza interesujący kierunek dalszych badań. Być może moja wątpliwość wynika również z niezrozumienia informacji zawartej w celu O4 stąd chciałbym by Pani Weronika wyjaśniała jak rozumie „realizację” O4: czy jako identyfikację kandydackich genów i szlaków, czy jako wykazanie mechanizmu biosyntezy ?*

Część literaturowa jest syntetyczna, aktualna i dobrze powiązana z zakresem badań. Autorka omawia podstawowe grupy ekstremofili, mechanizmy adaptacji do wysokiego zasolenia i niskiej temperatury oraz klasy biomolekuł wytwarzanych przez



grzyby ekstremofilne. Na stronach 14–23 przedstawiono enzymy, pigmenty, biosurfaktanty, hydrofobiny, osmoprotektanty, białka przeciwwzmacniające i egzopolisacharydy. Mankamentem tej części pracy jest zbyt opisowy jej charakter zabrakło natomiast miejsca dla istotnych elementów takich jak: bariery wdrożeniowe, produktywność, skalowanie, downstream processing, stabilność procesu, bezpieczeństwo toksykologiczne czy wymogi regulacyjne.

Materiał biologiczny obejmował 21 szczepów grzybów pochodzących z zasolonych gleb Polski i Włoch oraz antarktyczny szczep *A. pullulans* P8. Kandydatka przejrzyscie zaznacza, że nie uczestniczyła w pierwotnej izolacji i identyfikacji części szczepów w projekcie CANALETTO; jej własny wkład obejmował przede wszystkim reidentyfikację, charakterystykę funkcjonalną oraz analizy genomowe. Jest to istotne dla oceny samodzielności badawczej i zostało w rozprawie przedstawione właściwie za co należy pochwalić Doktorantkę.

Identyfikacja 21 szczepów oparta na ITS i TEF1- α jest zasadniczo akceptowalna dla badań przesiewowych, jednak w obrębie niektórych rodzajów, szczególnie *Aspergillus* i *Penicillium*, należałoby rozważyć dodatkowe markery, np. β -tubulinę lub kalmodulinę. Dobrym przykładem ograniczenia pierwotnej identyfikacji jest szczep FF14, który po analizie całogenomowej został przeklasyfikowany z *A. neoniger* do *A. tubingensis*.

Zastosowany warsztat badawczy jest szeroki i nowoczesny: testy halotolerancji, półilościowe oznaczenia aktywności enzymatycznej, HPLC do detekcji mykotoksyn, UHPLC-DAD-ESI-MS/MS do analizy pigmentów, FTIR do charakterystyki biosurfaktantów, metoda Taguchiego, sekwencjonowanie genomów, filogenomika i analizy anotacyjne. *Największe zastrzeżenie dotyczące syntetycznego rozdziału metodycznego budzi jego nadmierna skrótowość. Na stronach 27–29 szereg kluczowych procedur badawczych zostało jedynie wymienionych, a czytelnik jest odsyłany do publikacji P2–P4. W mojej ocenie takie rozwiązanie, nawet w przypadku rozprawy doktorskiej opartej na cyklu publikacji, jest niewystarczające.* Syntetyczna część rozprawy powinna umożliwiać samodzielną ocenę poprawności zaplanowania doświadczeń, ich powtarzalności oraz wiarygodności uzyskanych wyników, bez konieczności każdorazowego poszukiwania podstawowych informacji w załączonych artykułach. *Szczególnie istotny jest brak jednoznacznego podania liczby powtórzeń biologicznych i technicznych dla*



poszczególnych doświadczeń, a także bardziej szczegółowego przedstawienia kluczowych parametrów hodowli, sposobu przygotowania materiału biologicznego oraz kryteriów stosowanych w identyfikacji i analizie badanych biomolekuł. Informacje te nie mają charakteru drugorzędnych szczegółów technicznych, lecz stanowią podstawę oceny jakości eksperymentu i siły wnioskowania. Uważam zatem, że rozdział metodyczny powinien zostać opracowany znacznie bardziej szczegółowo i stanowić samodzielną, spójną charakterystykę warsztatu badawczego zastosowanego w rozprawie, natomiast odwołania do publikacji źródłowych powinny pełnić funkcję uzupełniającą, a nie zastępować zasadniczy opis metodyki.

W części enzymatycznej wykorzystano indeks enzymatyczny na podłożu stałym. Jest to poprawne narzędzie screeningowe, ale nie jest równoważne ilościowemu oznaczeniu aktywności w jednostkach enzymatycznych. Dlatego określenia „najwydajniejszy producent” czy „wysoka aktywność” należy traktować jako odnoszące się do etapu przesiewowego. Szczególnie interesujący jest szczep *Ramularia mali* FF1, którego potencjał hydrolityczny powinien być w przyszłości zweryfikowany w hodowli płynnej z oznaczeniem aktywności U/mL, stabilności i profilu enzymatycznego. Analogiczne zastrzeżenie dotyczy screeningu biosurfaktantów. Hemoliza nie jest testem swoistym, ponieważ może wynikać z obecności innych metabolitów cytotoksycznych. Uzupełnienie jej o oil displacement, drop collapse i indeks emulsji było zasadne, lecz do pełnej charakterystyki potrzebne byłyby pomiary napięcia powierzchniowego i krytycznego stężenia micelnego.

Wyniki dotyczące halotolerancji wskazują, że wszystkie analizowane szczepy rosły przy 10% NaCl, a siedem tolerowało 17,5% NaCl. Potwierdza to ich znaczną tolerancję osmotyczną. Mam jednak zastrzeżenie do terminologii. Na stronie 31 Autorka pisze o „diversity among fungal communities”, mimo że badano kolekcję izolowanych szczepów, a nie społeczności grzybowe. Rycina 6 nie może być zatem interpretowana jako struktura społeczności w sensie ekologicznym. Trafniejsze byłoby określenie „różnicowanie badanej kolekcji izolatów”. Ponadto klasyfikacja większości szczepów jako umiarkowanie halofilnych na podstawie optimum wzrostu przy 5% NaCl wymaga ostrożności, ponieważ klasyczne progi halofilności opracowano głównie dla prokariotów.

Zastosowanie analizy korelacji oraz analizy głównych składowych (PCA) stanowi



interesujące uzupełnienie interpretacji uzyskanych wyników i pozwala na wskazanie zależności pomiędzy analizowanymi cechami badanych szczepów. Do wyników tych analiz należy jednak podchodzić z pewną ostrożnością ze względu na stosunkowo niewielką liczbę badanych szczepów ($n = 21$) w odniesieniu do liczby uwzględnionych zmiennych, co może ograniczać stabilność i możliwość uogólniania uzyskanego modelu PCA. Pewne zastrzeżenie budzi również interpretacja korelacji pomiędzy optymalnym stężeniem NaCl dla wzrostu a przypisaniem szczepów do określonej kategorii halofilności. Zmienne te nie są bowiem od siebie w pełni niezależne klasyfikację szczepów jako halofilnych lub halotolerancyjnych ustalono między innymi na podstawie ich odpowiedzi na stężenie NaCl. Obserwowana zależność wynika zatem przynajmniej częściowo z przyjętego sposobu klasyfikacji, a nie wyłącznie z niezależnej zależności biologicznej.

Ważnym elementem pracy jest screening wybranych mykotoksyn. Brak ich detekcji w badanych warunkach jest wynikiem korzystnym, ale nie uprawnia do szerokiego wniosku o bezpieczeństwie szczepów dla przemysłu spożywczego. Analizowano ograniczony panel sześciu toksyn, a profil metabolitów wtórnych grzybów zależy od warunków hodowli. Z tego względu bezpieczeństwo wymagałoby szerszej analizy metabolomicznej i toksykologicznej.

Najbardziej oryginalnym elementem rozprawy jest identyfikacja mieszaniny neoksantyny, wiolaksantyny i anteraksantyny w biomasie *A. tubingensis* FF14. Połączenie analizy chemicznej, aktywności antyoksydacyjnej, optymalizacji produkcji i genomiki porównawczej stanowi mocną stronę pracy. Po optymalizacji uzyskano $39,74 \pm 7,92$ mg/g biomasy oraz $2,00 \pm 0,35$ g/L hodowli, co wskazuje na interesujący potencjał bioprosowy. Jednocześnie brak informacji o wykorzystaniu certyfikowanych wzorców analitycznych wszystkich trzech ksantofili ogranicza stopień pewności bezwzględnej identyfikacji i stężenia tych związków. Interpretacja genomowa tego wyniku pozostaje częściowo hipotetyczna. Nie wykryto bezpośrednich homologów genów VDE, ZE i NSY, a wskazany gen contig_70.g8715 może mieć funkcję pomocniczą lub regulatorową, lecz jego związek z biosyntezą ksantofili nie został funkcjonalnie potwierdzony. Stwierdzenie na stronie 45 o „first case of xanthophyll biosynthesis in an *Aspergillus species*” jest zatem zbyt kategoryczne i powinno być sformułowane ostrożniej jako pierwszy opis według dostępnej literatury, wymagający dalszego potwierdzenia.



Metoda Taguchiego została właściwie zastosowana jako narzędzie optymalizacji przesiewowej. Plan L16 dobrze identyfikuje efekty główne, ale nie daje pełnego obrazu interakcji między czynnikami. Dodatkowo określenie „aeration” wyłącznie poprzez objętość pożywki w kolbie jest uproszczeniem, ponieważ rzeczywiste natlenienie zależy także od geometrii naczynia, prędkości i amplitudy wytrząsania oraz wartości kLa.

Analizy genomowe wykonano na dobrym poziomie. Dla *A. tubingensis* FF14 uzyskano genom 35,6 Mb w 129 kontigach i kompletność BUSCO 99,0%, natomiast dla *A. pullulans* P8 – 404 scaffolds i 97,86% BUSCO. Zdeponowanie danych w NCBI zwiększa odtwarzalność i wartość naukową badań.

Część dotycząca *A. pullulans* P8 dostarcza interesujących danych o wytwarzaniu związków powierzchniowo czynnych w niskiej temperaturze. Wyższa aktywność po hodowli w 10°C niż w 20°C jest zgodna z adaptacją szczepu do środowiska polarnego. Nie ma jednak podstaw do jednoznacznego stwierdzenia, że produktami są liamocyny. FTIR pozwala scharakteryzować grupy funkcyjne, ale nie rozstrzyga struktury molekularnej. Do pełnej identyfikacji potrzebne są techniki takie jak LC/GC-MS oraz NMR. Wydajność 0,654 g/L wskazuje na potencjał, ale jest niewystarczająca do formułowania daleko idących wniosków przemysłowych bez dalszej optymalizacji.

*W rozdziale Wnioski dostrzegłem jedną istotną niespójność. We wniosku 2 na stronie 50 Rumalaria mali FF1 przypisano wysoką aktywność chitynazową, podczas gdy w części wynikowej na stronie 33 podano, że żaden z badanych szczepów nie wykazywał aktywności chitynazowej. Jest to błąd merytoryczno-redakcyjny wymagający wyjaśnienia przez Kandydatkę. Podobnie wniosek o przydatności większości szczepów dla przemysłu spożywczego powinien zostać zawężony, a określenie liamocyn i pierwszego przypadku produkcji ksantofili przez *Aspergillus* złagodzone zgodnie z rzeczywistym poziomem dowodu.*

Pomimo wskazanych uwag rozprawa wnosi oryginalne dane do mikrobiologii i biotechnologii grzybów ekstremofilnych. Najważniejszym osiągnięciem jest identyfikacja nietypowych ksantofili w *A. tubingensis* FF14 i powiązanie tej obserwacji z optymalizacją produkcji oraz analizą genomu. Drugim wartościowym elementem jest charakterystyka związków powierzchniowo czynnych *A. pullulans* P8 i wskazanie klastrów genowych potencjalnie związanych z biosyntezą liamocyn. Kandydatka wykazała umiejętność



integrowania danych mikrobiologicznych, chemicznych i bioinformatycznych oraz dojrzałość w interpretacji wyników.

W związku z zapoznaniem się z treścią rozprawy, podczas publicznej obrony chciałbym zadać Pani mgr inż. Weronice Śliżewskiej następujące pytania:

1. *Jakie kryteria powinny, Pani zdaniem, decydować o zaliczeniu grzyba do grupy halofilnych, a jakie do halotolerancyjnych, i jak wpłynęłoby to na klasyfikację szczepów analizowanych w rozprawie?*
2. *Jak wyjaśnia Pani obecność neoksantyny, wiolaksantyny i anteraksantyny w *A. tubingensis* FF14 przy jednoczesnym braku jednoznacznie zidentyfikowanych genów VDE, ZE i NSY? Jakie eksperymenty pozwoliłyby funkcjonalnie zweryfikować udział genu *contig_70.g8715*?*

Podsumowując, rozprawa doktorska mgr Weroniki Śliżewskiej jest dojrzałym opracowaniem naukowym, zawierającym wartościowe i w części oryginalne wyniki z zakresu biotechnologii grzybów ekstremofilnych wnoszące nową wiedzę w dyscyplinie technologia żywności i żywienia. Kandydatka wykazała się znajomością nowoczesnych metod badawczych, umiejętnością planowania wieloetapowych badań i integrowania wyników pochodzących z różnych poziomów analizy. Zgłoszone uwagi krytyczne dotyczą przede wszystkim zakresu interpretacji, terminologii i stopnia potwierdzenia niektórych wniosków, nie podważają jednak zasadniczej wartości rozprawy.



Wniosek końcowy

Rozprawa doktorska przygotowana przez mgr Weronikę Śliżewską pt. „Extremophilic filamentous fungi – source of biomolecules with potential industrial applications” („Ekstremofilne grzyby strzępkowe – źródło biomolekuł o potencjalnych zastosowaniach przemysłowych”) stanowi oryginalne i wartościowe osiągnięcie naukowe w obszarze biotechnologii mikroorganizmów. Praca łączy badania podstawowe z wyraźnym komponentem aplikacyjnym i dokumentuje kompetencje Kandydatki w zakresie mikrobiologii, chemii analitycznej, optymalizacji bioprocessów i genomiki.

W mojej ocenie rozprawa prezentuje ogólną wiedzę teoretyczną Kandydatki w dyscyplinie, potwierdza umiejętność samodzielnego prowadzenia pracy naukowej oraz zawiera oryginalne rozwiązanie problemu naukowego. Stwierdzam zatem, że rozprawa spełnia wymagania określone w art. 187 ust.1-4 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (DZ.U. z 2024, poz. 1571 ze zm.) i wnoszę o dopuszczenie mgr Weroniki Śliżewskiej do dalszych etapów postępowania w sprawie nadania stopnia doktora.

