

dr hab. Ewa Strauss, prof. IGC

Poznań, dnia 20.05.2026

Kierownik Samodzielnej Grupy Badawczej

Regionalnego Centrum Medycyny Cyfrowej

Instytut Genetyki Człowieka Polskiej Akademii Nauk

ul. Strzeszyńska 32

60-479 Poznań

Recenzja

rozprawy doktorskiej mgr inż. Mikołaja Danielewskiego

pt. „Aspekty metodyczne zastosowania metylomu i transkryptomu

w badaniu chorób cywilizacyjnych”

wykonanej pod kierunkiem

Promotora: dr. hab. n. med. Jana Krzysztofa Nowaka, prof. UMP

Promotor pomocniczej: dr n. med. Karoliny Wielgus

w Klinice Gastroenterologii Dziecięcej i Chorób Metabolicznych

Kolegium Nauk Medycznych

Uniwersytetu Medycznego im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu

Recenzja rozprawy doktorskiej Pana mgr inż. Mikołaja Danielewskiego przygotowana została na podstawie uchwały Kapituły Kolegium Nauk Medycznych Uniwersytetu Medycznego im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu nr 22/2026 z dnia 6 marca 2026, pismo z dnia 16 marca 2026 — podpisane przez Przewodniczącego Rady Kolegium Nauk Medycznych prof. dr. hab. Przemysława Mitkowskiego.

Ocena formalna pracy

Rozprawę stanowi praca pisemna - zbiór opublikowanych i powiązanych tematycznie artykułów naukowych. Do rozprawy dołączono streszczenie w języku angielskim. Poza cyklem prac stanowiących podstawę rozprawy doktorskiej, Doktorant przedstawił również wykaz pięciu publikacji naukowych, które stanowią:

1. Andrzej Hnatyszyn, Marlena Szalata, Aleksandra Zielińska, Karolina Wielgus, Mikołaj Danielewski, Piotr Tomasz Hnatyszyn, Andrzej Pławski, Jarosław Walkowiak, Ryszard Słomski, *Mutations in Helicobacter pylori infected patients with chronic gastritis, intestinal type of gastric cancer and familial gastric cancer, Heredit. Cancer Clin. Pract.* 2024, 22(9):1–11. – 70 pkt MNiSW, IF 2.4
2. Mikołaj Danielewski, Joanna Żuraszek, Aleksandra Zielińska, Karl-Heinz Herzig, Ryszard Słomski, Jarosław Walkowiak, Karolina Wielgus, *Methodological Changes in the Field of Paleogenetics, Genes* 2023, 14(1):234. – 100 pkt MNiSW, IF 2.8
3. Ryszard Słomski, Karolina Wielgus, Mikołaj Danielewski, Milena Szalata, Mariola Dreger, Marcin Ożarowski, Marlena Szalata, *Rocznica odkrycia struktury DNA – nowe wyzwania dla medycyny, Fides, Ratio et Patria. Studia Toruńskie* 2023, 19:11–43. – 140 pkt MNiSW
4. Karolina Wielgus, Mikołaj Danielewski, Jarosław Walkowiak, *Pääbo Svante, reader of the Neanderthal genome, Acta Physiol.* 2023, 237(1):e13902.
5. Mikołaj Danielewski, Jarosław Walkowiak, Karolina Wielgus, *Współczesne choroby cywilizacyjne – czego możemy się dowiedzieć analizując genomy starożytnych populacji?* Rozdział w: *Postępy w naukach przyrodniczych: stan obecny i perspektywy*. Lublin: Wydaw. Nauk. TYGIEL, 2022. – 20 pkt MNiSW

Za najważniejsze prace z przedstawionego dorobku Autor uznaje pracę pierwszą, zawierającą wyniki eksperymentalne z zakresu analizy genetycznej chorych zakażonych *Helicobacter pylori*, oraz drugą pracę o charakterze przeglądowo-metodologicznym, w której Doktorant jest pierwszym autorem. Ocena ta pozostaje zgodna z moją opinią.

Ocena doboru problematyki badawczej i tematu rozprawy

Rozprawa mgr inż. Mikołaja Danielewskiego dotyczy metodycznych aspektów zastosowania analiz metylomu i transkryptomu w badaniach nad chorobami cywilizacyjnymi, co stanowi aktualny i istotny kierunek współczesnych badań biomedycznych. Na podkreślenie zasługuje dobrze uzasadniona rola epigenomu i transkryptomu w medycynie oraz trafne powiązanie analiz molekularnych z poszukiwaniem biomarkerów chorób cywilizacyjnych. Cennym elementem pracy jest wykorzystanie w analizach *in silico* dużych publicznie dostępnych zbiorów danych, pochodzących z *Genotype-Tissue Expression Project* (GTEx) oraz repozytorium danych genomiki funkcjonalnej (ArrayExpress), co zwiększa wartość poznawczą i metodologiczną przedstawionych analiz. Przeprowadzone badania wpisują się w aktualne kierunki rozwoju europejskich przestrzeni danych medycznych (ang. *European Health Data*

Stram

Space, EHDS), zakładających bezpieczne współdzielenie oraz wtórne wykorzystanie danych biomedycznych w badaniach naukowych i praktyce klinicznej.

Uważam zatem, że tematyka rozprawy jest nowoczesna, zgodna z aktualnymi trendami badawczymi i adekwatna do dyscypliny nauki medycznej.

Ocena układu pracy

Rozprawa doktorska mgr inż. Mikołaja Danielewskiego składa się z 96 stron wydruku komputerowego i obejmuje 13 rozdziałów: Słowa kluczowe; Finansowanie (zapewniły granty Narodowego Centrum Nauki: SONATA BIS 7 o nr 2017/26/E/NZ5/00851 oraz SONATA 16 o nr 2020/39/D/NZ5/02720.); Wykaz stosowanych skrótów; Spis treści; Wykaz publikacji stanowiących rozprawę doktorską; Aktywność naukowa osoby ubiegającej się o nadanie stopnia naukowego doktora – wykaz publikacji poza cyklem; Przedmiot badań oraz komentarz (obejmujące: Wstęp; Założenia rozprawy; Omówienie publikacji wchodzących w skład cyklu; Wniosek rozprawy); Piśmiennictwo (39 aktualnych pozycji literaturowych); Streszczenie; Summary (streszczenie w języku angielskim); Kopię artykułów – załączniki; Oświadczenia współautorów; Opinię komisji bioetycznej (wskazanie, że badanie nie nosi cech eksperymentu medycznego). Odnośnie konstrukcji pracy przyjąłabym bardziej klasyczny układ, w którym elementy takie jak: Słowa kluczowe, Finansowanie, Wykaz stosowanych skrótów oraz Spis treści nie są ujmowane jako numerowane rozdziały. Podobnie końcowe części pracy, tj. Kopie artykułów – załączniki, Oświadczenia współautorów oraz Opinia komisji bioetycznej, mogłyby pozostać poza numeracją głównych rozdziałów.

Recenzowana praca została zredagowana poprawnie, a sporadyczne usterki językowe dotyczą głównie braku konsekwencji w pisowni rozwinięć skrótów w języku polskim i angielskim. Przykładowo, na str. 4 skrót HGP (ang. *Human Genome Project*) rozwinięto jako „projekt poznania genomu człowieka”, podczas gdy na str. 18 jako „projekt sekwencjonowania genomu człowieka”. Z kolei w spisie skrótów na str. 5 rozwinięcia skrótów mRNA, lncRNA i siRNA zapisano zgodnie ze standardową nomenklaturą naukową, tj. małymi literami (np. *long non-coding RNA*), podczas gdy w tekście pracy (np. na str. 10) zastosowano zapis wielkimi literami (np. *Long Non-coding RNA*). Inne uwagi dotyczą nieprecyzyjności językowych. Przykładowo, na str. 11 użyto sformułowania: „Nowatorskie zastosowania transkryptomu obejmują sekwencjonowanie RNA z pojedynczych komórek, przestrzenne, jak również bezpośrednie sekwencjonowanie RNA”. Bardziej trafnym określeniem byłoby: „Nowatorskie metody badania transkryptomu (...)” lub „Nowatorskie analizy transkryptomu (...)”.

Uchybienia te nie wpływają na ocenę wartości pracy, dlatego pomijam ich dalsze szczegółowe omawianie

W skład rozprawy doktorskiej wchodzi trzy publikacje naukowe:

1. Mikołaj Danielewski, Jarosław Walkowiak, Karolina Wielgus, Jan Krzysztof Nowak, *Stability of Blood DNA Methylation Across Two Timepoints in Three Cohorts*, Biomedicines 2024, 12(11):2557, doi: 10.3390/biomedicines12112557 – 100 pkt MNiSW, IF 3.9.

2. Mikołaj Danielewski, Marlena Szalata, Jan Krzysztof Nowak, Jarosław Walkowiak, Ryszard Słomski, Karolina Wielgus, *History of Biological Databases, Their Importance, and Existence in Modern Scientific and Policy Context*, Genes 2025, 16(1):100, doi: 10.3390/genes16010100 – 100 pkt MNiSW, IF 2.8.

3. Mikołaj Danielewski, Jarosław Walkowiak, Karolina Wielgus, Jan Krzysztof Nowak, *Exceptions to broad tissue-specific transcriptomic interdependence: searching for INDependence In Expression of genes*, Genes 2025, 16(9):1067, doi: 10.3390/genes16091067 – 100 pkt MNiSW, IF 2.8.

Publikacja oznaczona numerem 1 jest pracą oryginalną o charakterze metodologiczno-analitycznym opublikowaną w 2024 roku w czasopiśmie Biomedicines (parametry bibliometryczne: IF 3.9, punktacja MNiSW: 100). Publikacja oznaczona numerem 2 jest pracą przeglądową opublikowaną w 2025 roku w czasopiśmie Genes (parametry bibliometryczne: IF 2.8, punktacja MNiSW: 100). Publikacja oznaczona numerem 3 jest pracą oryginalną opublikowaną w 2025 roku w czasopiśmie Genes (parametry bibliometryczne: IF 2.8, punktacja MNiSW: 100).

Na podkreślenie zasługuje fakt, że Pan Mikołaj Danielewski jest pierwszym autorem we wszystkich trzech publikacjach stanowiących podstawę rozprawy doktorskiej. Łączna liczba punktów MNiSW przedstawionych prac wynosi 300, natomiast sumaryczny Impact Factor wynosi 9.5. Kandydat przedstawił również dodatkowy dorobek publikacyjny niewchodzący w skład rozprawy doktorskiej, obejmujący prace o zróżnicowanym charakterze, w tym oryginalne, przeglądowe i metodologiczne oraz rozdział w monografii naukowej. Tematyka tych publikacji koncentruje się głównie wokół zagadnień genetyki, paleogenetyki oraz biologii molekularnej.

Analiza opisów wkładu Autora przedstawionych w sekcjach „*Author Contributions*” wskazuje na istotny wkład merytoryczny i wykonawczy mgr. inż. Mikołaja Danielewskiego w powstanie wszystkich trzech prac wchodzących w skład rozprawy. W obu pracach

oryginalnych Doktorant uczestniczył w opracowaniu metodologii badań, analizie bioinformatycznej i statystycznej danych, przygotowaniu narzędzi analitycznych, gromadzeniu danych oraz wizualizacji wyników, a także współuczestniczył w przygotowaniu manuskryptów. W pracy przeglądowej brał udział zarówno w opracowaniu, jak i redakcji artykułu. Przedstawiony zakres prac wskazuje na istotny wkład Doktoranta w część analityczną publikacji, biegłość w interpretacji danych wielkoskalowych oraz aktywne zaangażowanie w opracowanie manuskryptów. Pisemne oświadczenia współautorów potwierdzają znaczący wkład Doktoranta w realizację prac wchodzących w skład rozprawy doktorskiej. Przedłożona dokumentacja koncentruje się głównie na dorobku publikacyjnym Kandydata, który w całości oceniam pozytywnie.

Ocena merytoryczna

W kolejnej części rozprawy, Doktorant przedstawia Rozdział „Przedmiot badań i komentarz”. W pierwszej jego części („Wstęp”) Doktorant przedstawił podstawy biologiczne i metodologiczne badań epigenetycznych oraz transkryptomicznych, ze szczególnym uwzględnieniem metylomu i transkryptomu jako narzędzi badania chorób cywilizacyjnych. Omówił znaczenie metylacji DNA w regulacji ekspresji genów, jej zależność od czynników środowiskowych i genetycznych oraz potencjalne zastosowanie stabilnych wzorców metylacyjnych jako biomarkerów. W części poświęconej transkryptomowi scharakteryzował mechanizmy regulacji ekspresji genów, dynamiczny charakter RNA oraz możliwości analityczne nowoczesnych metod sekwencjonowania. Autor uzasadnił również znaczenie analiz korelacyjnych ekspresji genów oraz potrzebę badania genów wykazujących względną niezależność ekspresji. Ponadto wskazał na rosnącą rolę publicznych biologicznych baz danych w badaniach *in silico* oraz ich znaczenie dla współczesnych analiz bioinformatycznych, poszukiwań biomarkerów przydatnych do badań klinicznych. Wnikliwie opracowany wstęp świadczy o dużej znajomości analizowanej przez Doktoranta problematyki. **Rozprawa doktorska prezentuje zatem szeroką wiedzę teoretyczną Kandydata w dziedzinie nauk medycznych i nauk o zdrowiu, w dyscyplinie nauki medyczne.**

Kolejny rozdział stanowi „Założenia rozprawy”, w którym Doktorant precyzyjnie określił zakres prowadzonych analiz oraz ich odniesienie do badań nad chorobami cywilizacyjnymi. Autor wskazał, że rozprawa koncentruje się na wybranych aspektach metodycznych zastosowania metylomu i transkryptomu, obejmujących analizę zmienności metylomu, identyfikację niezależnych czynników w obrębie transkryptomu człowieka oraz znaczenie biologicznych baz danych i narzędzi bioinformatycznych wykorzystywanych w analizach

wielkoskalowych. Podkreślono również praktyczny wymiar prowadzonych badań, wynikający zarówno z wykorzystania danych pochodzących od osób z chorobami cywilizacyjnymi, jak i potencjalnego zastosowania uzyskanych wyników w dalszych badaniach biomarkerowych i analizach *in silico*.

Przedstawiony zakres rozprawy pozostaje spójny z tematyką publikacji wchodzących w skład cyklu. Doktorant trafnie uzasadnił dobór analizowanych zagadnień badawczych oraz ich znaczenie dla badań nad metylomem i transkryptomem w kontekście chorób cywilizacyjnych.

W dalszej części rozprawy Pan Danielewski omawia prace naukowe wchodzące w skład cyklu publikacyjnego. Jako pierwszą przedstawia pracę oryginalną pt. „*Stability of blood DNA methylation across two timepoints in three cohort*”. Publikacja ta wpisuje się w aktualny nurt badań nad zmiennością metylomu oraz wpływem uwarunkowań genetycznych na poziom metylacji DNA. Doktorant stawia hipotezę, że w metylomie człowieka istnieją wzorce metylacji pozostające względnie stabilne w czasie, pomimo wpływu czynników środowiskowych i zróżnicowania genetycznego. Doktorant przeprowadził analizę stabilności profili metylacji genomowego DNA izolowanego z krwi obwodowej człowieka w różnych grupach wiekowych z wykorzystaniem publicznie dostępnych danych uzyskanych metodą mikromacierzy metylacyjnych Illumina 450K i EPIC (850K). Analizę prowadzono z uwzględnieniem wspólnego zestawu sond odpowiadającego platformie Illumina 450K. Badaniem objęto dzieci, osoby dorosłe z otyłością oraz osoby starsze, u których analizy metylacji wykonano w dwóch punktach czasowych oddzielonych okresem od 18 miesięcy do 10 lat. Doktorant zastosował rozbudowany schemat analizy bioinformatycznej obejmujący kontrolę jakości danych, normalizację, korekcję efektu serii oraz ocenę stabilności poziomu metylacji miejsc CpG z wykorzystaniem współczynnika korelacji wewnątrzklasowej (ICC) i parametru MMAD (maksymalnej średniej różnicy bezwzględnej). Najważniejszym wynikiem pracy było wykazanie, że jedynie niewielki odsetek miejsc CpG wykazuje wysoką stabilność poziomu metylacji w czasie, niezależnie od wieku badanych osób. Spośród ponad 450 tys. analizowanych miejsc wyłoniono 239 wysoce stabilnych *loci*, z czego 172 nie wykazywały oczywistego związku z wpływem czynników genetycznych. Autor wykazał również, że miejsca CpG zależne od genotypu charakteryzowały się większą stabilnością metylacji. **Za istotny wkład pracy do dziedziny nauk medycznych należy uznać wykazanie, że stabilne wzorce metylacji są relatywnie rzadkie, co wskazuje, że w projektowaniu badań biomarkerowych oraz interpretacji wyników analiz epigenetycznych dotyczących chorób człowieka konieczne jest stosowanie więcej niż jednego parametru oceny stabilności**

metylacji. W drugiej pracy przeglądowej pt. „*History of biological databases, their importance, and existence in modern scientific and policy context*” przedstawiono historię rozwoju biologicznych baz danych, ich znaczenie dla współczesnych badań biomedycznych oraz wybrane wyzwania regulacyjne i etyczne związane z gromadzeniem i udostępnianiem danych biologicznych. Omówiono najważniejsze repozytoria danych genomowych, transkryptomicznych, proteomicznych i klinicznych oraz ich zastosowanie w analizach bioinformatycznych i badaniach *in silico*. Szczególną uwagę poświęcono znaczeniu otwartego dostępu do danych, międzynarodowej współpracy oraz możliwości ponownego wykorzystania publicznie dostępnych zbiorów danych w badaniach naukowych. Praca stanowi obszerne opracowanie porządkujące wiedzę dotyczącą infrastruktury danych biologicznych wykorzystywanej we współczesnej biologii i medycynie. Potwierdza również dobrą orientację Doktoranta w zakresie narzędzi bioinformatycznych, biologicznych baz danych oraz metod prowadzenia analiz *in silico*. Świadczy o umiejętności krytycznej analizy literatury i syntezy dużej ilości informacji. Autor zwraca także uwagę na ograniczenia oraz wyzwania związane z wykorzystaniem wielkoskalowych danych biologicznych, w tym aspekty etyczne i regulacyjne.

Podsumowując, przedstawione zestawienie potwierdza dojrzałość naukową Doktoranta oraz jego dobrą orientację we współczesnych zagadnieniach bioinformatyki i biologii

systemów. Trzecia publikacja pt. *Exceptions to broad tissue-specific transcriptomic interdependence: searching for INDependence In Expression of genes*”, ma charakter pracy oryginalnej i dotyczy analizy korelacji ekspresji genów w różnych tkankach człowieka z wykorzystaniem danych projektu *Genotype-Tissue Expression Project* (GTEx, wersja 8). Celem pracy była identyfikacja genów wykazujących względną niezależność ekspresji od innych genów (ang. *INDependent in Expression*, INDIE), a następnie walidacja wyników w zewnętrznych zbiorach danych pochodzących z krwi pełnej i błony śluzowej jelita. Doktorant przeprowadził analizę obejmującą 34 tkanki, dla których dostępne były zestawy danych zawierające co najmniej 100 próbek, wykorzystując odporne na wartości odstające metody korelacyjne. Wykazano, że w transkryptomie człowieka występują geny charakteryzujące się niską korelacją ekspresji z innymi genami, przy czym zjawisko to ma charakter tkankowo-specyficzny. Najbardziej niezależnym transkryptem był pseudogen *RPL13P12*, identyfikowany jako gen INDIE we wszystkich analizowanych tkankach. Część uzyskanych wyników podległa walidacji w niezależnych zbiorach danych. Interesującą obserwacją było stwierdzenie, że klasyczne geny konstytutywne (ang. *housekeeping genes*), mimo względnie stabilnej ekspresji, zazwyczaj nie spełniają kryteriów genów INDIE, ponieważ ich ekspresja pozostaje skorelowana z ekspresją innych genów. **Za oryginalny element pracy należy uznać**

opracowanie podejścia analitycznego umożliwiającego identyfikację genów INDIE w danych transkryptomicznych człowieka.

Za najważniejsze wyniki rozprawy doktorskiej uznaję:

1. Wykazanie ograniczonej stabilności profili metylacji DNA krwi obwodowej w okresie przekraczającym 1 rok, przy jedynie niewielkim odsetku *loci* genomowych pozostających względnie niezmiennymi niezależnie od wieku i upływu czasu.
2. Identyfikację genów wykazujących względną niezależność ekspresji w różnych tkankach człowieka, w tym pseudogenu *RPL13P12*, najbardziej niezależnego transkrypcyjnie spośród analizowanych genów.
3. Wykazanie przydatności publicznych zbiorów danych biologicznych do prowadzenia wielkoskalowych analiz metylomicznych i transkryptomicznych.

Podjęta przez Doktoranta tematyka badań ma charakter ambitny i metodologicznie wymagający. Na podkreślenie zasługuje również spójność tematyczna rozprawy, konsekwencja w realizacji zagadnień związanych z regulacją ekspresji genów i analizą danych omicznych oraz wysoka jakość wizualizacji wyników badań. **Analiza stabilności metylacji w czasie oraz identyfikacja genów INDIE z wykorzystaniem publicznych zbiorów danych metylomicznych i transkryptomicznych stanowią nowatorskie cele badawcze, realizowane dotąd głównie fragmentarycznie. Fakt ten uzasadnia mój wniosek, iż rozprawa doktorska stanowi oryginalne rozwiązanie problemu naukowego.**

Uwagi krytyczne

Chciałabym zwrócić uwagę na pewne uproszczenia terminologiczne stosowane w pracy. W opisie badań metylacji Autor posługuje się określeniami „stabilne sondy metylacyjne” oraz „stabilność sond”, co może sugerować analizę właściwości technicznych samych sond stosowanych na mikromacierzach. Tymczasem przedmiotem badania była stabilność poziomu metylacji w określonych miejscach CpG, oceniana za pomocą sond oligonukleotydowych specyficznych dla danego *locus*. Ponadto Autor używa określeń „mutacja” oraz „polimorfizm pojedynczego nukleotydu (SNP)”, podczas gdy zgodnie z aktualnymi wytycznymi American College of Medical Genetics and Genomics/Association for Molecular Pathology preferowane są terminy „wariant patogenny” oraz „wariant pojedynczego nukleotydu (SNV, ang. *single nucleotide variant*)”. Warto również rozważyć zastąpienie określenia „inherentna stabilność” terminem „naturalna” lub „wewnętrzna” stabilność, a terminu „pacjent”, zależnie od kontekstu,

określeniami „osoba badana” lub „chory”. Zalecałabym ujednolicenie i doprecyzowanie stosowanej nomenklatury zgodnie z aktualnymi standardami metodologicznymi i genetycznymi.

Zagadnienia, wobec których proszę Doktoranta o ustosunkowanie się:

1. Proszę wskazać, jakie założenia powinno spełniać idealne badanie prowadzone w grupach chorych, umożliwiające identyfikację stabilnych miejsc metylacji DNA izolowanego z krwi obwodowej na potrzeby badań prospektywnych.
2. W przypadku których chorób o podłożu wieloczynnikowym zmiany metylacji DNA we krwi obwodowej wydają się mieć największe znaczenie biologiczne, a w których przede wszystkim biomarkerowe?

Wniosek końcowy

W podsumowaniu rozprawa doktorska mgr. inż. Mikołaja Danielewskiego stanowi spójny zestaw publikacji zebranych i podsumowanych w czytelny sposób. **Rozprawa wykazuje umiejętność samodzielnego prowadzenia pracy naukowej przez Doktoranta.** Wskazane w recenzji uwagi krytyczne mają jedynie charakter sugestii. **Pracę oceniam pozytywnie.**

Przedstawiona do oceny rozprawa doktorska mgr. inż. Mikołaja Danielewskiego pt. „Aspekty metodyczne zastosowania metylomu i transkryptomu w badaniu chorób cywilizacyjnych” wykonana pod kierunkiem Promotora: dr. hab. n. med. Jana Krzysztofa Nowaka, prof. UMP oraz Promotor pomocniczej: dr n. med. Karoliny Wielgus w Klinice Gastroenterologii Dziecięcej i Chorób Metabolicznych Uniwersytetu Medycznego im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu spełnia warunki określone w art. 187 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce.

Zwracam się zatem do Rady Kolegium Nauk Medycznych Uniwersytetu Medycznego im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu o dopuszczenie Pana Mikołaja Danielewskiego do dalszych etapów postępowania o nadanie stopnia doktora w dziedzinie nauk medycznych i nauk o zdrowiu, w dyscyplinie nauki medyczne.

W oparciu o wysoką ocenę rozprawy, współautorstwo Doktoranta w publikacjach naukowych oraz wartość merytoryczną przedstawionego cyklu prac, a także uwzględniając spełnienie przez Doktoranta założeń formalnych UMP (opublikowanie w całości lub części wyników rozprawy w przypadku cyklu publikacji w formie prac oryginalnych w recenzowanych czasopismach naukowych, co najmniej jednej pracy z IF i za 140 punktów lub

Graw

co najmniej dwóch prac z IF i za 100 punktów każda), zwracam się do Rady Kolegium Nauk Medycznych Uniwersytetu Medycznego im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu z **wnioskiem o wyróżnienie rozprawy doktorskiej.**

