



Białystok, 11.05.2026 r.

dr hab. Katarzyna A. Jadwiszczak, prof. UwB
Katedra Zoologii i Genetyki
Wydział Biologii
Uniwersytet w Białymstoku

**Recenzja rozprawy doktorskiej mgr inż. Martyzny Lasek
pt. „Zmienność genetyczna ekotypów sosny zwyczajnej (*Pinus sylvestris* L.) w Polsce i jej
implikacje w badaniach ewolucyjnych i gospodarowaniu zasobami leśnymi w obliczu zmian
środowiskowych”**

wykonanej Instytucie Dendrologii Polskiej Akademii Nauk pod kierunkiem prof. dr. hab.
Witolda Wachowiaka

1. Zasadność wyboru tematyki rozprawy doktorskiej

Od czasów ostatniego zlodowacenia aż do drugiej połowy XX wieku na Ziemi panowały stosunkowo stabilne warunki klimatyczne. Doprowadziło to nie tylko do ukształtowania się współczesnych ekosystemów, ale także pozwoliło na rozwinięcie cywilizacji ludzkiej na niewyobrażalną wcześniej skalę. Paradoksalnie rozwój cywilizacyjny człowieka stał się zagrożeniem dla wielu organizmów żywych, nie tylko z powodu ekspansji przestrzennej *Homo sapiens* i niszczenia czy przekształcania siedlisk. Skutkiem coraz silniejszej antropopresji jest przede wszystkim wyraźna zmiana klimatu. O ile w raporcie Intergovernmental Panel on Climate Change (IPCC) z 2007 roku wskazywano na wysokie prawdopodobieństwo wpływu człowieka na ocieplenie klimatu, to liczne dowody zaprezentowane w raporcie IPCC opublikowanym 10 lat później dowodzą niezbicie, że to człowiek jest odpowiedzialny za obserwowane zmiany klimatyczne (IPCC. Technical Summary. In: Climate Change 2021 – The Physical Science Basis: Working Group I Contribution to the Sixth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change. Cambridge University Press; 2023: 35-144).

Zachodząca zmiana klimatu jest jednym z najpoważniejszych wyzwań środowiskowych współczesnego świata, tym bardziej, że prognozy są niepokojące. Modelowanie sugeruje bowiem nasilanie się niekorzystnych procesów i zjawisk w kolejnych dekadach, co będzie prowadziło do istotnych przekształceń ekosystemów na całym świecie. Jedną z najważniejszych konsekwencji tych zmian jest ich wpływ na rozmieszczenie oraz funkcjonowanie populacji roślin. Modele klimatyczne przewidują przesunięcia zasięgów

wielu gatunków, często w kierunku wyższych szerokości geograficznych lub większych wysokości nad poziomem morza. Jednak nie wszystkie rośliny są w stanie dostosować się do zmieniających się warunków, co może prowadzić do spadku liczebności populacji, a w skrajnych przypadkach nawet do ich lokalnego zaniku. W związku z tym istnieje konieczność dokonania oceny zasobów genetycznych gatunków zagrożonych lub narażonych na niekorzystne zmiany środowiska oraz opisanie ich potencjału adaptacyjnego w celu wskazania, które populacje mogą być źródłem materiału rozmnożeniowego niezbędnego do przetrwania gatunku w dobie zachodzących zmian klimatycznych.

Analizowany przez Doktorantkę mgr inż. Martynę Lasek materiał, obejmujący 27 wyłączonych drzewostanów nasiennych reprezentujących 24 regiony nasienne sosny zwyczajnej (*Pinus sylvestris*) w Polsce, stanowi solidną podstawę do oceny, czy na obszarze naszego kraju istnieją populacje tego gatunku zdolne przetrwać i rozmnażać się w warunkach postępujących zmian klimatu. **Podjęta przez Doktorantkę tematyka jest niezwykle istotna i w pełni uzasadniona, gdyż sosna zwyczajna należy do najważniejszych gatunków lasotwórczych w Polsce oraz w całej Eurazji, a jej ewentualne ustępowanie mogłoby prowadzić do istotnych przekształceń ekosystemów leśnych strefy umiarkowanej. W tym kontekście analiza zmienności genetycznej w obrębie i między polskimi proveniencjami sosny oraz próba powiązania jej z warunkami klimatycznymi i siedliskowymi stanowią istotny wkład poznawczy do współczesnej wiedzy, pozwalając lepiej zrozumieć przestrzenne zróżnicowanie genetyczne sosny zwyczajnej oraz mechanizmy jej adaptacji do zmieniających się warunków środowiska. Uzyskane przez mgr inż. Martynę Lasek wyniki mają również bezpośrednie znaczenie aplikacyjne dla praktyków zajmujących się hodowlą drzew i ochroną lasu w obliczu zachodzących zmian środowiskowych.**

2. Struktura rozprawy doktorskiej i jej ocena formalna

Przedłożoną do recenzji rozprawę stanowią trzy prace:

- a) Lasek M., Zaborowska J., Łabiszak B., Chmura D.J., Wachowiak W. (2024). Genomic Data Support the Revision of Provenance Regions Delimitation for Scots Pine. *Evolutionary Applications*, 17: e70038. DOI:10.1111/eva.70038
- b) Lasek M., Łabiszak B., Wachowiak W. 2026. Admixture-Driven Genetic Diversity in Polish Scots Pine Seed Stands: A Blueprint for Climate-Resilient Forestry. *Forest Ecology and Management* - po recenzjach.
- c) Lasek M., Walas Ł., Chmura D.J., Wachowiak W. Balancing Genetic Integrity and Adaptive Potential under Climate Change: The Scots Pine Case. *Forest Ecology and Management* - w trakcie recenzji.

Dwie pierwsze z powyższych prac, w chwili przygotowywania recenzji, były już opublikowane. Trzeci manuskrypt, zgodnie z deklaracją Doktorantki, pozostawał w recenzjach. Oba czasopisma, do których zostały wysłane prace, cieszą się światową renomą, co potwierdza ich przynależność do kwartyła Q1. Przyjęcie prac do druku w takich czasopismach świadczy o tym, że zawierają ciekawe i dobrze opracowane wyniki, dyskusja

jest na wysokim poziomie merytorycznym, a wnioski płynące z badań mają znaczący wpływ na rozwój nauki.

Oprócz części zawierającej teksty trzech w. w. publikacji, w rozprawie doktorskiej znajdują się także:

- streszczenie w języku polskim i angielskim,
- rozdział „Wprowadzenie”, w którym Doktorantka nakreśliła historię glacialną i postglacialną sosny zwyczajnej oraz wyjaśniła przyczyny swojego zainteresowania podjętym tematem badawczym,
- rozdział „Cel i hipotezy”,
- rozdział „Materiały”, w którym Doktorantka podsumowuje liczbę analizowanych osobników i populacji, rodzaje i liczbę wykorzystanych markerów genetycznych oraz wspomina, że w trzeciej publikacji została przeprowadzona analiza danych klimatycznych i siedliskowych z danymi biometrycznymi w celu określenia potencjału adaptacyjnego polskich populacji sosny zwyczajnej,
- rozdział „Wyniki” to krótkie nakreślenie najważniejszych osiągnięć z przeprowadzonych badań, z jednoczesnym odniesieniem się do postawionych hipotez,
- rozdział „Podsumowanie i wnioski”,
- rozdziały „Bibliografia” i „Załączniki”. W ostatnim wymienionym tu rozdziale są oświadczenia współautorów na temat ich wkładu w powstanie kolejnych publikacji.

Przedstawiona do oceny rozprawa doktorska jest kompletna, a jej struktura prawidłowa pod względem formalnym. Mam jedną uwagę porządkową do spisu treści. Mianowicie w spisie treści nie ma rozdziałów końcowych, ale najważniejszych, czyli zawierających publikacje składające się na rozprawę.

We wszystkich publikacjach stanowiących rozprawę doktorską, które są wieloautorskie, mgr inż. Martyna Lasek jest pierwszym autorem. Wszystkie publikacje powstały w ramach współpracy z promotorem rozprawy prof. dr. hab. Witoldem Wachowiakiem oraz specjalistami z Instytutu Dendrologii PAN w Kórniku, Uniwersytetu Adama Mickiewicza w Poznaniu oraz Uniwersytetu Jagiellońskiego. Z przedłożonych oświadczeń wynika, że Doktorantka brała aktywny udział w każdym etapie powstania prac, począwszy od opracowania koncepcji i metodyki badań, poprzez analizy laboratoryjne, analizę wyników, a skończywszy na przygotowaniu manuskryptów oraz ich poprawie zgodnie z sugestiami recenzentów. **Z powyższego wynika, że Pani Martyna Lasek była w pełni zaangażowana w prowadzone badania, a jej udział w przygotowaniu koncepcji, pracach laboratoryjnych, opracowaniu wyników i ich analizie statystycznej oraz w powstawaniu publikacji wskazuje na nabycie umiejętności niezbędnych do samodzielnej pracy naukowej w przyszłości.**

3. Ocena merytoryczna rozprawy doktorskiej

Swoją rozprawę doktorską mgr inż. Martynę Lasek oparła na trzech hipotezach badawczych, określonych jako: hipoteza zmienności ekotypowej (H1), hipoteza admiksji populacji (H2)

oraz hipoteza środowiskowej zmienności genetycznej (H3). Do sformułowania pierwszej i trzeciej hipotezy nie mam zastrzeżeń, natomiast wydaje mi się, że wynik testowania hipotezy drugiej był raczej do przewidzenia. To, że polskie populacje sosny zwyczajnej powstały w wyniku mieszania się linii filogenetycznych wynikało, bowiem, z wcześniejszych badań. Przytoczę tu chociażby pracę prof. Witolda Wachowiaka i współpracowników z czasopisma *Forest Ecology and Management*, opublikowaną w 2024 r. (vol. 568, 122127), czy publikację dr Anny Hebdy i współpracowników z czasopisma *Silva Fennica* z 2017 r. (vol. 51 no. 2 article id 1721). W obu tych publikacjach wszystkie populacje sosny zlokalizowane na wyżynach i nizinach Polski były polimorficzne pod względem mitochondrialnego DNA. Faktem jest, że niektóre populacje górskie wykazywały tylko jeden haplotyp mtDNA, aczkolwiek w populacji Tarnawa zależało to prawdopodobnie od liczby analizowanych osobników (Wachowiak i in. 2023, *Journal of Systematics and Evolution* 61: 315-327). W związku z powyższym wydaje mi się, że hipoteza druga mogła mieć brzmienie mniej oczywiste, np. poziom admiksji linii filogenetycznych sosny nie jest równomierny na terenie Polski.

Wszystkie hipotezy badawcze wymagały przeprowadzenia analiz markerów molekularnych. Ocenę zasobów genetycznych i zróżnicowania genetycznego 27 wyłączonych drzewostanów nasiennych reprezentujących wszystkie regiony nasienne w Polsce, w odniesieniu do populacji z polskich gór oraz populacji europejskich, Doktorantka przeprowadziła w oparciu o loci jądrowego mikrosatelitarnego DNA (nSSR) oraz o loci SNP. Markery mikrosatelitarne były analizowane w pierwszej pracy, natomiast loci SNP posłużyły do analizy zmienności genetycznej we wszystkich publikacjach składających się na rozprawę. Dodatkowo, do określenia pochodzenia badanych populacji Doktorantka wykorzystwała markery mtDNA. W tym miejscu proszę o wyjaśnienie dwóch kwestii. Po pierwsze, ile markerów nSSR i mtDNA było analizowanych, bo w różnych rozdziałach publikacji składających się na rozprawę figurują różne liczby. Po drugie, czy identyczne liczby loci SNP (37957) otrzymane po filtrowaniu jakościowym w publikacji pierwszej i drugiej, które to prace bazują na różnych liczbach badanych osobników, są efektem zastosowanej metodyki? Jeśli tak, to czy w ten sposób nie została utracona część zmienności?

W oparciu o markery molekularne Doktorantka wraz z zespołem badawczym stwierdziła, że poziom zmienności genetycznej w wytypowanych drzewostanach nasiennych jest umiarkowany. Wskazują na to przeciętne wartości takich parametrów jak: bogactwo alleliczne ($A_r = 7.118$), heterozygotyczności obserwowanej ($H_o = 0.540$) i oczekiwanej ($H_e = 0.548$) loci nSSR. Wahania wartości tych parametrów pomiędzy 27 lokalizacjami, z których zostały pobrane igły sosny do badań, jest zaskakująco wyrównana. To samo dotyczy parametrów zmienności loci SNP: średniej liczby różnic nukleotydowych ($K = 10,152$), H_o (0,327) i H_e (0,327). Oba systemy markerów wykazały także niskie (nSSR) lub bardzo niskie, a nawet ujemne (SNP) wartości współczynnika inbredu. Oznacza to, że w drzewostanach zdecydowanie dominują osobniki niespokrewnione. Cennym wnioskiem płynącym z badań jest m.in. ten, że wyniki uzyskane z analizy nSSR są zgodne z tymi dla loci SNP, co gwarantuje efektywność loci nSSR w badaniach sosny zwyczajnej.

Każdy z analizowanych wyłączonych drzewostanów nasiennych charakteryzował się występowaniem kilku haplotypów mtDNA. Ponadto dwa najczęstsze haplotypy H1 i H2

występowały w każdej z 27 lokalizacji. Jako że haplotypy te różnią się siedmioma mutacjami, oznacza to, że powstały najprawdopodobniej na długo przed ostatnim zlodowaceniem. Jeśli dobrze interpretuję małe kropki na drzewie haplotypów (Fig. 1a w publikacji pierwszej), które zazwyczaj odpowiadają mutacjom brakującym w zestawie danych, to większość haplotypów pochodnych od H1 i H2 mogła się pojawić przed maksimum ostatniego zlodowacenia. Wraz z wycofywaniem się lodowca plejstoceńskiego nastąpiła ekspansja sosen izolowanych w refugiach korytarzami zlokalizowanymi w Europie Środkowej i Europie Wschodniej i doszło do wymieszania linii filogenetycznych na terenie m.in. Polski.

Wymieszanie się fal migracji pochodzących z różnych izolatów glacialnych doprowadziło do braku struktury genetycznej, co wykazały liczne analizy wykorzystujące trzy systemy markerów molekularnych. Na obszarze Polski stwierdzono bardzo niskie wartości zróżnicowania genetycznego pomiędzy lokalizacjami oraz brak korelacji pomiędzy matrycą dystansu genetycznego i dystansu geograficznego różnych drzewostanów (test Mantela dla loci SNP; $r^2 = -0,161$, $p = 927$). Ten ostatni wynik będący efektem braku barier do przepływu genów oznacza, że sąsiednie populacje nie są do siebie bardziej podobne genetycznie niż populacje pozostające w dalszej odległości. Analiza loci nSSR i SNP przeprowadzona w programie STRUCTURE także wykazała brak jakiegokolwiek grupowania się 27 wyłączonych drzewostanów nasiennych. Jedynymi nieco odróżniającymi się pod względem genetycznym drzewostanami są te z lokalizacji Międzyzlesie (Sudety) i Wichrowo (północna Polska). Analizy głównych składowych (PCA) przeprowadzona w oparciu o 99 loci SNP typu outlier, czyli pozostających pod wpływem doboru naturalnego, wykazała co prawda podział na trzy grupy genetyczne, jednak każda z nich zawierała osobniki pochodzące z najróżniejszych populacji i regionów proveniencji. Jest to kolejny dowód na brak zróżnicowania genetycznego różnych drzewostanów nasiennych. Proszę o odpowiedź na następujące pytanie: czy na rycinach obrazujących wyniki PCA dla loci SNP (S9 z pierwszej publikacji, a zwłaszcza S9 c), tzw. drzewa plus grupują się razem z innymi, czy może lokalizują się odrębnie?

Analiza przeprowadzona w programie SAMOVA w oparciu o mtDNA wykazała trzy grupy genetyczne. Jedną grupę tworzy 25 drzewostanów, a kolejne dwie odrębne to populacje Międzyzlesie i Kobiór z południowej Polski. Jeśli w programie SAMOVA (Dupanloup i in. 2002; *Molecular Ecology* 11: 2571–2581) pojawia się wynik wskazujący, że jedna lub więcej populacji tworzą oddzielne klastry, to świadczy to o braku struktury genetycznej na badanym obszarze (Magri i in. 2006; *New Phytologist* 171: 199–221). Z powyższego wynika, że analizy mtDNA także potwierdzają jednorodność genetyczną drzewostanów nasiennych sosny. Bardzo proszę o wyjaśnienie co przedstawia rycina S4 z pierwszej publikacji. Podpis do ryciny głosi, że pokazuje ona grupowanie $K = 3$, jednak na osi odciętych są liczby od 2 do 12. Czy na osi rzędnych są wartości zróżnicowania genetycznego?

Wyniki uzyskane w pierwszej publikacji tworzącej rozprawę doktorską pozwoliły mgr inż. Martynie Lasek odrzucić hipotezę pierwszą, która głosiła, że zmienność ekotypowa fenotypów sosny idzie w parze ze zmiennością genetyczną. Otwiera to drogę do ponownego rozważenia podziału terytorium Polski na proveniencje nasienne, który to podział dopuszcza wykorzystanie materiału rozmnożeniowego pochodzącego wyłącznie z określonego obszaru.

W drugiej z prac składających się na rozprawę doktorską Pani Martynty Lasek wykazano, że admiksja matczynej linii filogenetycznej przedstawia skomplikowany obraz genetyczny polskich stanowisk nasiennych sosny zwyczajnej. Z jednej strony analiza TreeMix sugeruje wywodzenie się tych stanowisk z linii północno-zachodniej i zachodniej, z drugiej zaś wydaje się prawdopodobne, że udział w mozaice genetycznej na obszarze Polski mają też linie południowo-europejska oraz wschodnioeuropejska. Ta niezwykle mieszanka doprowadziła do tego, że 56 rejestrowanych stanowisk nasiennych cechują wyraźnie wyższe wartości wszystkich parametrów opisujących zmienność markerów mtDNA, tj. liczba haplotypów, liczba efektywnych haplotypów, różnorodność oraz bogactwo haplotypów mtDNA, w odróżnieniu od stanowisk z Europy Zachodniej, Południowej i Północnej, a także z obszaru polskich gór. Sugeruje to, że stanowiska z obszarów nizinnych i wyżynnych naszego kraju mogą odznaczać się najwyższym potencjałem ewolucyjnym tego gatunku w zasięgu europejskim, co dobrze rokuje jeśli chodzi o adaptację sosny zwyczajnej do zmieniającego się klimatu. Natomiast niektóre polskie górskie stanowiska nasienne zawierają haplotypy spotykane wyłącznie w innych częściach kontynentu. Utrwalenie haplotypu H1 w Pienińskim Parku Narodowym oraz współdzielenie jednego haplotypu przez tatrzańską populację Wielkie Koryciska z populacjami szwajcarską i francuską dowodzi unikalnego charakteru stanowisk sosny zwyczajnej z polskich obszarów górskich oraz ich wyraźnej izolacji geograficznej. Ten drugi fakt może być przyczyną niezależnego od pozostałej części kraju różnicowania się stanowisk górskich, które w efekcie w swych pulach genowych zawierają allele rzadkie oraz takie, które są związane z lokalnymi adaptacjami. Efektem szeregu analiz przeprowadzonych w oparciu o markery mtDNA i SNP w pierwszej i drugiej publikacji był fakt, że Doktorantka nie miała podstaw do odrzucenia hipotezy drugiej, która głosiła, że polskie drzewostany sosny powstały na skutek mieszania się linii filogenetycznych.

Trzecia z publikacji wchodzących do rozprawy doktorskiej mgr inż. Martynty Lasek ma nieco inny charakter. Włączone są tu, co prawda, analizy markerów SNP, ale zmienność genetyczna jest korelowana z parametrami biometrycznymi sosen (wysokość drzew, obwód na wysokości pierśnicy), warunkami siedliskowymi i danymi klimatycznymi. Celem tej pracy było sprawdzenie z czego wynika zróżnicowanie fenotypowe drzew z różnych proveniencji Polski oraz jakie są rokowania dla sosny w odniesieniu do zmian klimatycznych. Doktorantka wykazała, że drzewa dominujące w poszczególnych lokalizacjach różnią się istotnie pod względem wysokości i średnicy pnia, przy czym najwyższe wartości obu parametrów wystąpiły w populacji Hajnówka. Największą produktywnością siedliska wyrażoną jako suma powierzchni przekroju poprzecznego drzew charakteryzowały się stanowiska o największej dostępności wody. PCA przeprowadzona w oparciu o parametry klimatyczne i siedliskowe wykazała, że populacje tworzą dwie nakładające się częściowo grupy. Pierwsza grupa obejmowała stanowiska pozostające pod mniejszym wpływem klimatu kontynentalnego i wyższą roczną temperaturą. Do tej grupy przynależą populacje z zachodniej i południowo-zachodniej Polski. Wszystkie pozostałe drzewostany utworzyły drugą grupę. Taki podział wyraźnie sugeruje, że warunki klimatyczne nie są w stanie wyjaśnić obserwowanej zmienności fenotypowej sosen. Jednakże wyraźne różnice pomiędzy wartościami parametrów klimatycznych w proveniencjach może wskazywać, że materiał rozmnożeniowy

pochodzących z różnych regionów Polski może mieć różną zdolność adaptacyjną. Ze wzorem zmienności fenotypowej sosny nie korespondowała także zmienność genetyczna wyrażona miarą F_{st} pomiędzy parami populacji, która była najniższa między populacjami z Polski Wschodniej i rosła w kierunku zachodnim, co pozwoliło odrzucić hipotezę trzecią dotyczącą środowiskowej zmienności genetycznej.

W świetle przeprowadzonych analiz nie można stwierdzić, że zmienność fenotypowa sosny w różnych proveniencjach wynika z lokalnych adaptacji, bo do tego są konieczne badania loci pozostających pod wpływem selekcji oraz testowanie potomstwa. Modelowanie zmian klimatycznych, którym mogą podlegać stanowiska sosny pokazało, że średnia roczna temperatura w populacjach może wzrosnąć o ponad 1°C wg scenariusza MPI-SSP126 (zerowa emisja netto CO_2 około roku 2075) lub ponad 3°C wg scenariusza MPI-SSP370 (emisja CO_2 utrzyma się na stałym poziomie do roku 2050, potem zmaleje). Jednocześnie oba modele przewidują wzrost ilości opadów. Trzeba jednak pamiętać, że prognozowane są tzw. opady zlewne, które szybko ustają i w efekcie nie zapewniają tak ważnego dla roślin nawodnienia gleby w dłuższym okresie czasu. Przeprowadzona przez Doktorantkę analiza obecnych warunków klimatycznych polskich drzewostanów sosny pokazuje, że cechuje je stosunkowo wysoka średnia roczna temperatura oraz najniższe średnie roczne wartości opadów, zarówno w odniesieniu do średniej dla gatunku, jak i dla populacji z Europy Centralnej. Wydaje się prawdopodobne, że potencjał adaptacyjny polskich stanowisk nasiennych sosny pozwoli im dostosować się do zmian klimatycznych. Proszę Panią Martynę Lasek o udzielenie odpowiedzi na dwa ostatnie pytania. Czy brała Pani pod uwagę również scenariusz klimatyczny zakładający potrojenie emisji CO_2 przed rokiem 2027 (IPCC, 2021), o którym pojawia się wzmianka w rozdziale 2.2 *Climatic Data and Environmental Variables* w trzeciej publikacji? Jaki jest czas reakcji sosny na suszę i w jaki sposób ta reakcja się objawia?

Wniosek końcowy

Przedłożona do oceny rozprawa doktorska mgr inż. Martyny Lasek stanowi oryginalne rozwiązanie problemu badawczego jakim jest ocena zasobów genetycznych i możliwości adaptacyjnych polskich proveniencji sosny zwyczajnej w dobie zachodzących zmian klimatycznych. Doktorantka wysunęła ważne hipotezy, które testowała w oparciu o kilka systemów markerów genetycznych, dziedziczonych jedno- i dwurodzicielsko, analizę warunków siedliskowych i klimatycznych na stanowiskach sosny oraz oszacowanie parametrów biometrycznych wybranych drzew nasiennych, stosując szeroki wachlarz programów i analiz statycznych. Otrzymane wyniki mają ogromne znaczenie aplikacyjne, gdyż sugerują konieczność rewizji granic obszarów proveniencji nasiennej w celu zwiększenia potencjału ewolucyjnego rodzimych drzewostanów. Rewizja ta powinna zostać dodatkowo poprzedzona poszukiwaniem adaptacyjnych loci SNP, testowaniem potomstwa i eksperymentami wspomaganej migracji.

Sposób wprowadzenia w problematykę poszczególnych publikacji (rozdział „Wprowadzenie”) oraz zakres merytoryczny prowadzonych dyskusji w publikacjach pokazują, że Doktorantka jest doskonale zorientowana w ogólnej wiedzy teoretycznej z

zakresu nauk biologicznych i nauk leśnych, a zastosowane metody dowodzą, że dysponuje nowoczesnym warsztatem badawczym, który pozwolił jej uzyskać oryginalne wyniki i zweryfikować postawione hipotezy. Przeprowadzone badania zostały bardzo dobrze zaplanowane, stanowią logiczny ciąg realizowany w kolejnych publikacjach. W związku z powyższym stwierdzam, że recenzowana rozprawa doktorska pt. „Zmienność genetyczna ekotypów sosny zwyczajnej (*Pinus sylvestris* L.) w Polsce i jej implikacje w badaniach ewolucyjnych i gospodarowaniu zasobami leśnymi w obliczu zmian środowiskowych” mgr inż. Martyny Lasek spełnia warunki określone w art. 187 Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (tj. Dz. U. z 2024 r. poz. 1571 z późn. zm.) i wnioskuję do Rady Naukowej Instytutu Dendrologii Polskiej Akademii Nauk o dopuszczenie mgr inż. Martyny Lasek do dalszych etapów postępowania w sprawie nadania stopnia doktora.

Katarzyna Jodwiszewska