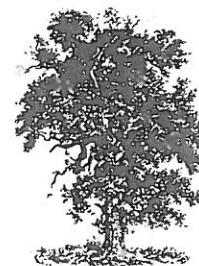




Uniwersytet Warszawski Wydział Biologii



Dr hab. Marta Koblowska , prof. ucz.
Zakład Biologii Systemów

Warszawa 05.07.2021

Opinia na temat osiągnięcia naukowego pt. " Nowe markery prognostyczne oraz nowe cele terapii spersonalizowanej w glejakach" oraz aktywności naukowej, działalności organizacyjnej i dydaktycznej dr Bartosza Wojtasia w związku z jego wnioskiem o nadanie stopnia doktora habilitowanego .

Opinia przygotowana na podstawie dokumentacji otrzymanej od prof. dr hab. Agnieszki Dobrzyń, Dyrektorki Instytutu Biologii Doświadczalnej im. Marcelego Nenckiego PAN. Dokumentacja zawierała odpowiednie załączniki, w tym: autoreferat Habilitanta; wykaz opublikowanych prac; informacje o osiągnięciach naukowych, dydaktycznych, organizacyjnych oraz popularyzatorskich. Do wniosku dołączone były artykuły wchodzące w skład osiągnięcia naukowego wraz z oświadczeniami głównych współautorów, oraz dane na temat pozostałych prac opublikowanych przez Habilitanta.

Uwagi Ogólne

Pan Bartosz Wojtaś otrzymał tytuł magistra inżyniera w zakresie biotechnologii w Międzywydziałowym Studium Biotechnologii Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w 2007 roku. Następnie uzyskał Stypendium Marii Curie Early Stage Researchi w latach 2007-2009 pracował w grupie naukowej w Szpitalu Klinicznym w Barcelonie pod kierunkiem dr Iratxe Torre-Martinez. W 2010 rozpoczął studia doktoranckie w ramach programu Fundacji na Rzecz Nauki Polskiej Międzynarodowych Studiów Doktoranckich finansowanych przez Unię Europejską. Realizował swój doktorat w dwóch ośrodkach naukowych - w Centrum Onkologii – Instytutu im. Marii Skłodowskiej-Curie w oddziale w Gliwicach pod kierunkiem prof. dr hab. Barbary Jarząb oraz na Uniwersytecie w Lipsku pod opieką prof. Ralfa Pashke, gdzie odbył roczny staż. Jego zainteresowania skupiały się wtedy na badaniach raka pęcherzykowatego tarczycy. Po obronie rozprawy doktorskiej w grudniu 2013 roku został zatrudniony w Pracowni Neurobiologii Molekularnej, Instytutu Biologii Doświadczalnej im. Marcelego Nenckiego PAN gdzie pracuje do dzisiaj.

W karierze naukowej dr Bartosza Wojtasia zwraca uwagę jego konsekwentny rozwój w dziedzinie nowoczesnych technologii genomicznych i transkryptomicznych, metod analiz bioinformatycznych danych wysokoprzepustowych oraz wykorzystanie zdobytej w wiedzy w badaniach nad rakiem. Co warto podkreślić niemal przez cały czas swojej kariery naukowej pan Bartosz Wojtaś rozwija współpracę naukową z wieloma grupami badawczymi, nie tylko krajowymi ale także z grupą dr Susanne Wolf z Berlina oraz grupą prof. Jacka Majewskiego z Kanady, co przynosi nowe odkrycia i kolejne prace naukowe.

Ocena osiągnięcia

Do osiągnięcia habilitacyjnego pt. "Nowe markery prognostyczne oraz nowe cele terapii spersonalizowanej w glejakach" dr Bartosz Wojtaś zaliczył cykl 6 publikacji naukowych: pięć prac eksperymentalnych i jedną pracę przeglądową. Tematyka przedstawionych publikacji jest spójna, wszystkie prace ukazały się po doktoracie w uznanych czasopismach z listy filadelfijskiej: *Scientific Reports* (2018), *Journal of Molecular Medicine* (2020), *International Journal of Molecular Sciences* (2019), *Acta Neuropathologica Communications* (2020), oraz dwie prace w *Cancers* (2020). Sumaryczny pięcioletni wskaźnik cytowań (IF) publikacji zaliczonych do osiągnięcia habilitacyjnego to 31,163.

Każda z prac włączonych do ocenianego osiągnięcia jest wieloautorska. Dr Bartosz Wojtaś jest pierwszym autorem jednej i korespondencyjnym dwóch z pięciu prac oryginalnych. Jest również autorem korespondencyjnym dwuautorskiej pracy przeglądowej, w powstanie której każdy z autorów miał taki sam wkład. W autoreferacie Habilitant szczegółowo przedstawił swoją rolę w powstaniu i opublikowaniu poszczególnych prac. Dr Bartosz Wojtaś i dwójce współautorów określili swój udział procentowy w realizacji opublikowanych artykułów. Pozostali autorzy którzy złożyli oświadczenia nie zdefiniowali swojego procentowego wkładu w powstanie prac zaliczonych do osiągnięcia habilitacyjnego, ale precyzyjnie przedstawili swoją rolę w przygotowaniu poszczególnych artykułów. Nie ma niezgodności w zawartych oświadczeniach. **Z otrzymanych informacji wynika, że dr Bartosz Wojtaś odegrał istotną bądź kluczową rolę w realizacji publikacji zaliczonych do cyklu prac osiągnięcia naukowego.**

W Autoreferacie Kandydat krótko wprowadził w tematykę badawczą podejmowaną w pracach zaliczonych do osiągnięcia naukowego oraz szczegółowo opisał najważniejsze wyniki swoich prac.

Cykl zaprezentowanych prac jest skoncentrowany na badaniach różnych typów glejaków z zastosowaniem analiz bioinformatycznych danych genomicznych, transkryptomicznych i epigenomicznych, które zostały otrzymane w ramach realizowanych projektów przez Pracownię Neurobiologii Molekularnej lub danych zgromadzonych przez konsorcjum The CancerGenome Atlas (TCGA). Głównym zamysłem przeprowadzonych analiz było utworzenie lepszej klasyfikacji guzów mózgu oraz identyfikacja nieznanych dotąd celów terapeutycznych wraz z określeniem ich roli zarówno w procesie powstawania jak i wznowy nowotworu.

Dwie prace z zaprezentowanego cyklu, jedna oryginalna i jedna przeglądowa, zostały poświęcone znaczeniu zmian wzoru metylacji DNA w glejakach. W pracy eksperymentalnej (Dąbrowski i inni., 2018. *Scientific Reports*) wykorzystano dane zebrane w TCGA dla 88 pacjentów chorych na glejaki o różnym stopniu złośliwości. Dane zawierały informacje o przeżywalności pacjentów, wyniki dla komórek nowotworowych obejmujące badania wzoru metylacji DNA uzyskane za pomocą mikromacierzy DNA oraz badania transkryptomów wykonane przy użyciu wysoko-przepustowego sekwencjonowania RNA. Tak wyselekcjonowane dane poddano analizie za pomocą narzędzia obliczeniowego Monte Carlo Feature Selection (MCSF), której celem była identyfikacja cech odróżniających pacjentów o przeżyciu krótkotrwałym od długoterminowego. Okazało się, że istotnymi cechami odróżniającymi te dwie grupy pacjentów były zmiany poziomu metylacji cytozyny w określonych obszarach DNA. Na niezależnej grupie pacjentów potwierdzono, że zidentyfikowane a dotąd niepowiązane z glejakami cechy epigenetyczne są lepszymi predyktorami przeżywalności pacjentów niż opisane wcześniej markery molekularne. Dalej analiza danych z projektu Encyclopedia of DNA Elements (ENCODE) pozwoliła ustalić, że istnieją miejsca wiązania czynnika transkrypcyjnego REST (represora genów neuronalnych w komórkach nie-neuronalnych) z DNA w komórkach glejaka wielopostaciowego linii U87, które pokrywają się z 6 zidentyfikowanymi przez autorów pracy miejscami w DNA o zmienionym poziomie metylacji. Dane eksperymentalne wskazały, że poziom metylacji DNA w jednym ze zidentyfikowanych obszarów rzeczywiście zmienia sposób oddziaływania białek jądrowych z tym regionem DNA. Jest to przykład pracy, w której autorzy dzięki nowej hipotezie

badawczej i zastosowaniu nowych metod obliczeniowych, wykorzystując dane zgromadzone w ramach innych projektów dokonują nowych i istotnych odkryć, które mają znaczenie zarówno dla badań podstawowych jak i aplikacyjnych.

Praca przeglądowa (Dąbrowski & Wojtaś. 2019. *International Journal of Molecular Sciences*) jest podsumowaniem wiedzy na temat roli metylacji DNA w glejakach. Przedstawia najnowszą wiedzę na temat fenotypów metylacyjnych identyfikowanych w glejakach, a przede wszystkim koncentruje się na zależnościach pomiędzy metylacją cytozyny a zaburzeniami innych znaczników epigenetycznych jakimi są inne modyfikacje cytozyny w DNA jądrowym i potranslacyjne modyfikacje histonowe. W artykule zaprezentowana jest także rola jaką odgrywają w glejakach zmiany w oddziaływaniu białek regulatorowych zależnych od poziomu metylacji DNA. Zestawione są wiadomości o czynnikach transkrypcyjnych, a także o wielozadaniowym regulatorze CTCF i zaburzeniach w przestrzennej strukturze chromatyny. Podsumowaniem pracy jest wskazanie możliwej przyszłej roli zmian na poziomie wzoru metylacji DNA jako źródła nowych biomarkerów, a także możliwych celów terapeutycznych. W pracy podkreślono także znaczenie nadchodzących nowych rozwiązań technologicznych, które pozwolą na jednoczesną analizę sekwencji i wzoru metylacji w pojedynczej cząsteczce DNA i tym samym lepsze poznanie roli tej modyfikacji w nowotworzeniu.

Kolejne dwie prace (Król i inni. 2020. *Cancers*; Roura i inni. 2020. *Journal of Mol. Medicine*) dotyczą charakterystyki cech glejaków o wysokim stopniu złośliwości (ang. high grade gliomas, HGG) w tym glejaków wielopostaciowych (ang. Glioblastoma, GBM). W Pracowni Neurobiologii Molekularnej wykryto mutacje w genie kodującym helikazę DNA RECQL4 w glejakach co wskazało istnienie nieznanych dotąd mechanizmów powstawania glejaków. W pierwszej z wymienionych prac skoncentrowano się właśnie na roli helikazy RECQL4. Korzystając z danych zgromadzonych w TCGA ustalono, podwyższenie poziomu ekspresji mRNA RECQL4 w glejakach, następnie potwierdzono ten fakt na niezależnych próbkach na poziomie białka. Ustalono także mitochondrialną lokalizację badanej helikazy DNA. Uzyskano dwie niezależne linie komórkowe glejaka z wyłączoną ekspresją genu helikazy RECQL4. Przeprowadzono szczegółową analizę transkryptomyczną obulini i wykazano zaburzenia ekspresji kilku tysięcy genów. Analiza funkcjonalna uzyskanych wyników wskazała na rolę helikazy w naprawie DNA w glejakach. Dodatkowe eksperymenty potwierdziły tę funkcję RECQL4. Badania obu linii komórkowych glejaka z wyłączonym genem kodującym RECQL4 wykazało także, że brak tej helikazy skutkuje zwiększeniem niestabilności genomu jądrowego. W pracy dokonano ważnej obserwacji. Wykazano, że brak RECQL4 w jednej z linii glejaka zwiększa podatność komórek na chemioterapeutyki. Wyniki tej pracy wskazują, że podwyższony poziom badanej helikazy w glejakach może zwiększać oporność tych nowotworów na leczenie chemioterapeutykami. Oznacza to, że helikaza RECQL4 może stanowić nowy i ważny cel terapeutyczny w walce z glejakiem.

Druga z prac (Roura i inni. 2020. *Journal of Mol. Medicine*) została poświęcona analizie zjawisk będących podstawą progresji i wznów glejaka o wysokim stopniu złośliwości. Zbadano 16 par glejaków pierwotnych i wtórnych o wysokim stopniu złośliwości, większość prób wykorzystanych w badaniu pochodziła z glejaków wielopostaciowych. Dokonano analizy na poziomie genomycznym, wykorzystano panel 700 genów opracowany w Pracowni oraz przeprowadzono analizę transkryptomiczną zgromadzonych prób. Wyniki celowanego sekwencjonowania DNA pozwoliły wytypować somatyczne mutacje charakterystyczne dla pierwotnych i wtórnych guzów. Okazało się, że wśród zidentyfikowanych mutacji tylko niewielka część była wspólna dla obu etapów nowotworu. Świadczy to o szybkiej ewolucji nowotworu i zyskiwania nowych cech przez nawracające guzy. Porównanie transkryptomów pierwotnych i wtórnych guzów wskazało główne szlaki, które podlegają zmianie podczas rozwoju choroby. Wśród genów o obniżonej aktywności w guzach wtórnych znalazły się te kodujące czynniki splicingowe. Jednocześnie zidentyfikowano zmiany w izoformach mRNA w porównywanych grupach guzów. Etap składania genów jest kluczowy w regulacji ekspresji genów, pokazano jasno, że jest on jednym z podstawowych elementów, który ulega deregulacji w guzach wtórnych w odniesieniu do zmian pierwotnych. Autorzy zauważyli, że obecnie istnieją już leki, którymi można modulować działanie spliceosomu i tym samym zmieniać efekt splicingu.

Istotnym elementem pracy były badania przeprowadzone *in silico* nakierowane na charakterystykę mikrośrodowiska guza. Analizy obliczeniowe danych transkryptomicznych posłużyły do ustalenia różnic w zawartości komórek układu odpornościowego w guzach pierwotnych i powstałych po wznowie. Badania dostarczyły całkowicie nowych informacji. Nie tylko zidentyfikowano zdecydowane różnice pomiędzy guzami pierwotnymi, a wtórnymi w zawartości komórek układu odpornościowego, ale przede wszystkim odkryto, że guzy po nawrocie są wzbogacone w niedojrzałe komórki dendrytyczne. Podkreślono w pracy, że szczegółowa charakterystyka mikrośrodowiska nowotworowego jest kluczowa dla ewentualnego stosowania np. immunoterapii. Praca Habilitanta pozwala na lepsze zrozumienie reguł rządzących złośliwością glejaków i zwraca uwagę na znaczenie zmian zachodzących w środowisku komórkowym złośliwych guzów mózgu.

Następna praca cyklu (Wojtaś i inni. 2019. *Cancers*) dotyczyła charakterystyki gelajkomieśaków - rzadkiego rodzaju nowotworu mózgu, który jest słabo poznany na poziomie molekularnym i jest traktowany jako podtyp GBM typu dzikiego IDH. Na podstawie analizy unikalnych 10 prób pobranych od pacjentów z gelajkomieśakiem, dokonano szczegółowej analizy genomowej i transkryptomicznej tego typu nowotworu. Przebadano zmiany somatyczne dla 664 wybranych genów. Pozwoliło to ustalić krajobraz mutacji somatycznych występujących w tym typie nowotworów, który jest bardzo zbliżony do GMB. Dodatkowo udało się wykazać, że częstość zmian somatycznych w genie *PTEN* jest zdecydowanie wyższa w glejokmieśakach niż w glejakach wielopostaciowych, co może świadczyć o roli tej zmiany w powstawaniu guza. Badania wskazały, że szlak którego regulatorem jest białko *PTEN* mógłby stać się celem terapeutycznym pomocnym w walce z gelajkomieśakami. U niektórych pacjentów zidentyfikowano występowanie mutacji *BRAFV600E*, co może dawać szansę na zastosowanie u tych pacjentów celowanej terapii z zastosowaniem inhibitorów zmienionego białka *BRAF*, dla których rozpoczęto badania kliniczne. Dla tych samych prób wykonano analizę zmiany liczby kopii (ang. copy number variation CNV), translokacji oraz analizy profili transkryptomicznych. Wykorzystując dane transkryptomiczne zidentyfikowano dotąd niescharakteryzowaną translokację pomiędzy genami *RABGEF1* i *GTF2IRD1P1*. Z kolei analiza profili transkryptomicznych gelajkomieśaków w odniesieniu do glejaków wielopostaciowych pokazała, że oba nowotwory zdecydowanie różnią się mikrośrodowiskiem. W glejokmieśakach zaobserwowano zdecydowanie wyższy poziom kolagenów i genów związanych z kompleksami integryn co wskazuje na wyższy poziom inwazyjności i migracji komórek tego nowotworu.

Ostatnia praca cyklu została poświęć selekcjonowaniu najlepszych biomarkerów związanych z progresją i rokowaniem w pediatrycznych guzach mózgu. Niedawno na podstawie analiz wzoru metylacji DNA zidentyfikowano 4 nowe podtypy złośliwych nowotworów mózgu u dzieci - CNS NB-FOXR2, CNS EFT-CIC, CNS HGNET-MN1 i CNS HGNET-BCOR. Jak dotąd nie istniały dobre markery immunocytochemiczne, które pozwoliłyby bez trudu przyporządkować nowotwór do jednej z tych klas. W tej pracy postawiono sobie za cel opracowanie łatwiejszego sposobu identyfikacji guzów mózgu u dzieci. Wykorzystano do tego celu profile transkryptomiczne wyznaczonych podtypów nowotworów. Założono, że odpowiednio dobrane geny definiujące sygnaturę genów charakterystyczną dla danej klasy guza pozwolą na przyporządkowanie danego nowotworu do określonej klasy guzów. Dokonanie takiej oceny jest kluczowe dla ustalenia możliwie najlepszego schematu leczenia. Ponowna analiza danych mikromacierzowych dostępnych w bazie GeneExpression Omnibus wykonanych dla złośliwych guzów pediatrycznych i zastosowanie skryptu obliczeniowego stworzonego przez Habilitanta pozwoliła na wytypowanie genów, które były najlepszymi predyktorami guzów z opisanych klas. Zaprezentowane w pracy badania zaowocowały uzyskaniem listy markerów, które pozwalają na właściwą klasyfikację pediatrycznych guzów mózgu wymienionych podtypów przy zastosowaniu stosunkowo łatwiej i powtarzalnej metody, która może być wykonywana w oparciu o rutynowo przygotowywane w szpitalach próby tzw. „błoczki parafinowe” wykorzystywane do badań histopatologicznych. Jest to bardzo ważna dla diagnostyki guzów mózgu praca naukowa.

Podsumowując – prace przedstawione przez dr Bartosza Wojtasia jako osiągnięcie naukowe zostały opublikowane w bardzo dobrych czasopismach specjalistycznych. Artykuły prezentują ciekawe i oryginalne wyniki, które nie tylko mają znaczenie poznawcze ale także mogą stanowić ważne wsparcie dla powstania nowych narzędzi diagnostycznych i ustalania celów terapeutycznych w leczeniu nowotworów mózgu o wysokim stopniu złośliwości. Znajomość technologii sekwencjonowania wysokoprzepustowego i analiz bioinformatycznych stanowi podstawę przedstawionych w osiągnięciu naukowym prac. Nie ulega wątpliwości, że udział dr Bartosza Wojtasia w powstanie tych prac był bardzo ważny, a często decydujący.

Ocena aktywności naukowej

Od 2013 roku dr Bartosz Wojtaś opublikował 41 artykułów – głównie prac oryginalnych, z czego 37 po doktoracie (w tym 6 prac włączonych do osiągnięcia naukowego). Należy podkreślić, że wśród prac, których Kandydat nie włączył do osiągnięcia naukowego znajdują się prace przynajmniej tak samo dobre jak te wliczone przez niego do osiągnięcia naukowego. Są wśród opublikowanych prac takie, w których Kandydat jest pierwszym lub ostatnim autorem, co świadczy o jego wiodącej roli w realizacji opublikowanych wyników. Warto zauważyć, że niedawno ukazała się praca ze współautorstwem dr Bartosza Wojtasia w prestiżowym czasopiśmie *Nature Communications*.

W swoich pracach Kandydat konsekwentnie wykorzystuje swoje długoletnie zainteresowanie i znajomość technologii sekwencjonowania wysokoprzepustowego oraz analizy danych. Eksperci w tej dziedzinie są powszechnie doceniani i poszukiwani przez wiele ośrodków badawczych. Swoją nowoczesny i poszukiwany warsztat badawczy Kandydat angażuje w prace, które przede wszystkim dotyczą badań nad nowotworami. Wyniki uzyskane przez Habilitanta mają szansę przyczynić się do lepszej diagnostyki nowotworów i identyfikacji nowych celów terapeutycznych do walki z rakiem. Kandydat uczestniczył w realizacji 10 projektów badawczych już zakończonych, których był przede wszystkim wykonawcą. Obecnie realizuje 4 projekty, a w jednym z nich jest zastępcą Kierownika. Poza projektami i pracami realizowanymi w ramach Pracowni Neurobiologii Molekularnej, Instytutu Biologii Doświadczalnej, Kandydat współpracuje z zespołem prof. Jacka Kuźnickiego z Międzynarodowego Instytutu Biologii Molekularnej i Komórkowej oraz z grupą prof. Piotra Wiślickiego z Narodowego Instytutu Onkologii im. Marii Skłodowskiej-Curie. Prowadzi także współpracę z grupą dr Susanne Wolf z Berlina oraz grupą prof. Jacka Majewskiego z Kanady.

Podsumowując - Habilitant nie tylko regularnie i dużo publikuje, prezentuje swoje prace na wielu konferencjach międzynarodowych, był zaproszonym wykładowcą na licznych kursach szkoleniowych i kongresie naukowym, ale także nawiązuje i realizuje wiele współprac naukowych z różnymi ośrodkami badawczymi, także zagranicznymi.

Przedstawione powyżej fakty świadczą o dużym zaangażowaniu Habilitanta i jego wysokim poziomie naukowym.

Muszę jednak zauważyć, że w aktywności naukowej Kandydata brakuje zdobywania środków na własne badania. Samodzielność naukowa na tym etapie rozwoju zawodowego powinno się pojawić. Podsumowując oceniam wysoko aktywność naukową Kandydata i podkreślam, że realizowane przez niego prace są na wysokim poziomie naukowym.

Ocena osiągnięć dydaktycznych i organizacyjnych

Dr Bartosz Wojtaś przez wiele lat z rzędu organizował i prowadził kursy dla studentów Studium Medycyny Molekularnej WUM. W tym samym studium wykładał w ramach Szkoły Wiosennej i Jesiennej. Przekazywał swoją wiedzę z zakresu sekwencjonowania nowej generacji i analizy danych prowadząc liczne szkolenia dla naukowców ze środowiska akademickiego i ośrodków diagnostycznych. Między innymi współorganizował i prowadził wykłady i ćwiczenia w dwóch edycjach kursu OMICS Data Science organizowanym przez Interdyscyplinarne Centrum Modelowania

Matematycznego i Komputerowego UW. Był wykładowcą w szkole doktorskiej TRIBIOCHEM w Instytucie Biologii Doświadczalnej im. Marcelego Nenckiego.

Do jego osiągnięć dydaktycznych należy zaliczyć opiekę na pracą doktorską mgr Adria-Jaume Roura oraz pomocnicze promotorstwo w przewodzie doktorskim mgr Bartłomieja Gielniewskiego.

Otrzymał także wyróżnienie wydawnictwa „Forum Akademickie” w konkursie „Skomplikowane i proste, młodzi naukowcy o swoich badaniach”.

Dr Bartosz Wojtaś był także współorganizatorem kilku spotkań naukowych i konferencji.

Działalność dydaktyczna i organizacyjna świadczy o dużym zaangażowaniu i chęci przekazywania swojej cennej wiedzy nie tylko studentom ale także innym doświadczonym naukowcom.

Uwagi końcowe

W oparciu o przesłane mi materiały jeszcze raz chcę podkreślić, że włączone przez dr Bartosza Wojtasia artykuły do osiągnięcia naukowego stanowią merytorycznie spójny cykl prac i zdecydowanie rozszerzają naszą wiedzę na temat procesów leżących u podstaw powstawania i nawrotów złośliwych guzów mózgu człowieka. Nowoczesny warsztat naukowy jakim dysponuje Habilitant oraz zadania jakie pełnił w trakcie realizacji prac włączonych do osiągnięcia naukowego przekonują mnie, że jest on dojrzałym i samodzielnym badaczem, który potrafi koncertować się na wybranym zagadnieniu biologicznym, proponuje właściwą koncepcję badań oraz potrafi rozpowszechniać wyniki swoich badań w międzynarodowych czasopismach. W mojej ocenie osiągnięcie i aktywność naukowa Kandydata, współprace badawcze oraz aktywność dydaktyczna i organizacyjna stanowią podstawę do nadania stopnia naukowego doktora habilitowanego.

W pełni popieram wniosek dr Bartosza Wojtasia o nadanie stopnia doktora habilitowanego i stwierdzam, że osiągnięcie naukowe pt. " Nowe markery prognostyczne oraz nowe cele terapii spersonalizowanej w glejakach" spełnia wymagania określone w art. 219 ust. 1 pkt. 2 i 3 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2020 r. poz. 85 z późn. zm.). Wnoszę do Rady Naukowej Instytutu Biologii Doświadczalnej PAN im. M. Nenckiego o nadanie dr n. med. Bartoszowi Wojtasiowi stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplinie nauk biologicznych."



Marta Kobłowska