Katowice, dn. 1 listopada 2025 r.

Dr hab. Agata Daszkowska-Golec, prof. UŚ
Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska
Wydział Nauk Przyrodniczych
Uniwersytet Śląski w Katowicach
Jagiellońska 28
40-032 Katowice
Tel. 0322009360
agata.daszkowska@us.edu.pl

Recenzja rozprawy doktorskiej
mgr Natalii Żyły
pt. „Dywergencja funkcjonalna i regulatorowa homologów genu *BnaHB6* w złożoności sieci transkrypcyjnej w warunkach deficytu wody u rzepaku (*Brassica napus* L.)"
przygotowanej pod kierunkiem promotor dr hab. Danuty Babuli-Skowrońskiej
w Instytucie Genetyki Roślin PAN w Poznaniu

Podstawą formalno-prawną przygotowania recenzji rozprawy doktorskiej mgr Natalii Żyły pt. „Dywergencja funkcjonalna i regulatorowa homologów genu *BnaHB6* w złożoności sieci transkrypcyjnej w warunkach deficytu wody u rzepaku (*Brassica napus* L.)" jest uchwała Rady Naukowej Instytutu Genetyki Roślin PAN w Poznaniu podjęta zgodnie z art. 190 ust. 3 Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. – Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (tekst jednolity Dz. U. z 2023 r. poz. 742, ze zm.).

Przedmiot rozprawy i jego naukowe znaczenie

Rozprawa doktorska Pani mgr Natalii Żyły dotyczy identyfikacji i szczegółowej funkcjonalnej charakterystyki homologów genu *HB6* u rzepaku (*Brassica napus* L.). Analizowane geny należą do rodziny czynników transkrypcyjnych HD-Zip I, które są zaangażowane w regulację odpowiedzi na stresy środowiskowe, w tym suszę oraz sygnalizację hormonalną. Praca jest istotna, ponieważ przyczynia się do lepszego zrozumienia, jak ewolucyjna różnorodność i regulatorowa dywergencja homologicznych genów w poliploidalnych roślinach wpływa na ich zdolność adaptacyjną do warunków ograniczonej dostępności wody. Zastosowane podejścia - od analiz transkryptomicznych, przez transformację roślin, po funkcjonalne testy fenotypowe - lokują pracę w nurcie nowoczesnej genomiki funkcjonalnej i biologii systemów roślinnych.

Część wyników uzyskanych w badaniach prowadzonych w ramach rozprawy doktorskiej Pani mgr Natalii Żyły została opublikowane w jednej pracy przeglądowej i jednej pracy oryginalnej w latach 2023-

University of Silesia in Katowice
Faculty of Natural Sciences
Institute of Biology, Biotechnology and Environmental Protection
Jagiellońska 28, 40-032 Katowice, Poland
phone: +48 32 20 09 592, 32 20 09 461, e-mail: ibbios.wnp@us.edu.pl

www.us.edu.pl/en

HR EXCELLENCE IN RESEARCH

2024, w czasopismach znajdujących się w bazie Journal Citation Reports (JCR), posiadających wskaźnik oddziaływania Impact Factor (IF). Sumarycznie IF wynosi 5.6.

1. Żyła N, Babula-Skowrońska D (2023) Evolutionary consequences of functional and regulatory divergence of HD-Zip I transcription factors as a source of diversity in protein interaction networks in plants. Journal of Molecular Evolution 91, 581–597. https://doi.org/10.1007/s00239-023-10121-4

2. Żyła N, Cieśla A, Szała L, Babula-Skowrońska D (2024) Functional and regulatory diversity of homeobox-leucine zipper transcription factors BnaHB6 under dehydration and salt stress in Brassica napus L. Plant Molecular Biology 114:59. https://doi.org/10.1007/s11103-024-01465-6

W każdej z tych prac Doktorantka jest pierwszą autorką i miała wiodący udział w powstaniu tychże publikacji. Prace są ze sobą powiązane i stanowią logiczną całość.

Badania finansowane były w ramach projektu OPUS12 2016/23/B/N29/02175 "Plastyczność odpowiedzi poliploidów na stresy środowiskowe: zbadanie regulonu ABI1/HB6 w warunkach stresów solnego i suszy u rzepaku (*Brassica napus* L.) (kierownikiem projektu była Pani dr hab. Danuta Babula-Skowrońska, promotor rozprawy).

Formalna i merytoryczna ocena rozprawy

Rozprawa doktorska Pani mgr Natalii Żyły stanowi obszerną analizę genów z podrodziny HD-Zip I u rzepaku. Autorka szczegółowo scharakteryzowała cztery homologi genu *BnaHB6*, identyfikując ich strukturę, wzory ekspresji oraz funkcje w regulacji odpowiedzi na odwodnienie. Praca łączy metody bioinformatyczne, analizy transkryptomiczne i eksperymenty biologii molekularnej oraz wykorzystanie mutanta uzyskanego metodą TILLING. Wyniki wskazują na istotne zróżnicowanie zarówno sekwencji regulatorowych, jak i funkcji tych genów.

Dysertacja przedstawiona została w formie monografii. Struktura pracy jest właściwa dla rozprawy naukowej z rozróżnieniem części wstępnych, głównej części badawczej i końcowych. Na podkreślenie zasługuje duża syntetyczność, systematyczność i przejrzystość wynikająca z właściwie przyjętej koncepcji. Pierwszym rozdziałem jest '**Wstęp**', gdzie Autorka przedstawia szeroki kontekst badania, omawiając niezwykle zajmująco ewolucję genomów roślin, znaczenie poliploidalności u Brassica, a także rolę czynników transkrypcyjnych HD-Zip I, w tym genu *HB6*, w regulacji odpowiedzi na stresy abiotyczne. Przegląd literatury jest obszerny i bogato udokumentowany i zilustrowany, uwzględnia znane informacje o ewolucji genów i znaczeniu duplikacji w plastyczności adaptacyjnej roślin. Wprowadzone zostały niezbędne definicje (np. homologii, ortologii, paralogii) oraz charakterystyka rośliny modelowej *B. napus*. Wstęp dostarcza czytelnikowi solidnej podstawy teoretycznej do zrozumienia dalszych rozdziałów. Język wstępu jest precyzyjny, styl naukowy odpowiada standardom, choć można by zasugerować nieco skondensowanie najdłuższych fragmentów, by ułatwić odbiór tekstu. Kolejno Kandydatka do stopnia doktora przechodzi do części '**Hipoteza i cel naukowy pracy'**, gdzie w jasny sposób formułuje hipotezy badawcze, oraz klarownie wyjaśnia cele nadrzędne przyświecające podjęciu badań. Główna hipoteza zakładała, że w poliploidalnym genomie rzepaku istnieją liczne kopie

University of Silesia in Katowice
Faculty of Natural Sciences
Institute of Biology, Biotechnology and Environmental Protection
Jagiellońska 28, 40-032 Katowice, Poland
phone: +48 32 20 09 592, 32 20 09 461, e-mail: ibbios.wnp@us.edu.pl

genu *HB6*, które uległy funkcjonalnej i regulatorowej dywergencji, co wpływa bezpośrednio na zwiększoną plastyczność adaptacyjną rzepaku, ponadto Autorka przypuszczała, że spośród homologów *HB6* są aktywnie regulowane przez czynniki środowiskowe, mając istotne znaczenie w kontekście transkrypcyjnej kontroli odpowiedzi stresowej, a przez to wpływają na fizjologiczne i molekularne cechy tolerancji na stresy. **Celem pracy było określenie podstaw molekularnych funkcjonalnej dywergencji i regulatorowego zróżnicowania homologów genu *HB6* u rzepaku (*Brassica napus* L.) oraz ich udziału w odpowiedzi na stres deficytu wody.** Następnie w części **Materiały i metody** Autorka opisuje wykorzystane materiały roślinne (rośliny *B. napus* i *A. thaliana*, linia mutanta z populacji TILLING) oraz procedury eksperymentalne. Znajdujemy tu listę odczynników, procedur biotechnologicznych (m.in. transformacja metodą floral dip, przygotowanie konstruktów genetycznych) oraz opis analiz bioinformatycznych (narzędzia MEGA11 do analizy filogenetycznej, PlantCARE do identyfikacji motywów cis-regulatorowych, oprogramowanie do analizy RNA-seq i opisy baz danych). Metody są opisane w sposób rzetelny i kompletny, z podaniem wszystkich istotnych parametrów. Zastosowane techniki są nowoczesne i odpowiednie do postawionych celów. W tym rozdziale brakuje jedynie wzmianki o przechowywaniu i dostępności surowych danych (np. surowych odczytów RNA-seq), co jednak nie jest krytyczne w rozprawie. Podsumowując, rozdział metodologiczny cechuje się wysoką poprawnością i starannością – opis pozwala na odtworzenie eksperymentów.

Następny rozdział zatytułowany '**Wyniki**' stanowi trzon pracy i przedstawia systematycznie kolejne etapy badań. Autorka zidentyfikowała cztery homologiczne kopie genu *BnaHB6* (*BnaA09HB6*, *BnaA04HB6*, *BnaC08HB6*, *BnaC04HB6*) w genomie *B. napus*, wykorzystując sekwencję *AtHB6* z *A. thaliana* i wyszukiwanie w bazie BRAD. Dokonano analizy filogenetycznej. Przeprowadzono też dokładną analizę domen białek i motywów, co dobrze świadczy o poprawności analizy filogenetycznej. Pełnej długości sekwencje kodujące wszystkie cztery izoformy BnaHB6 połączono z domeną DNA-BD GAL4 i wprowadzono do drożdży. Pozytywna aktywność transkrypcyjna zaobserwowana we wszystkich przypadkach jednoznacznie wykazała, że wszystkie homologi działają jako czynniki transkrypcyjne HD-Zip I, co było założone w hipotezach. Autorka wykonała serię analiz RT-qPCR, porównując ekspresję czterech homologów *BnaHB6* w różnych tkankach (liście, korzenie, kwiaty, organy we wczesnych stadiach) oraz ich odpowiedź na stresy (suszę, zasolenie, niską temperaturę, ABA) i dobowy rytm świetlny (16 h światła/8 h ciemności). Wnioskiem z tego rozdziału jest jasny obraz subfunkcjonalizacji. Autorka bioinformatycznie zanalizowała promotor (ca. 1500 pz) każdego genu *BnaHB6* za pomocą narzędzia PlantCARE. Zidentyfikowano typowe motywy regulacyjne odpowiedzi na stresy, światło, hormomny roślinne. Analiza wykazała, że promotory *BnaA09HB6* i *BnaC08HB6* są zdecydowanie bogatsze w elementy związane ze stresem abiotycznym (np. ABRE, DRE) niż promotory *BnaA04HB6* i *BnaC04HB6*. Ponadto układ tych motywów u A09/C08 był bardzo podobny względem promotora AtHB6 z *A. thaliana*, co sugeruje zachowaną regulację i podobną funkcję tych genów między gatunkami. Autorka trafnie podkreśla, że to rozmieszczenie elementów cis-regulatorowych może być kluczowe dla różnicowania ekspresji homologów w odpowiedzi na stres. W skrócie – analiza promotorów dobrze uzasadnia obserwowany wzór ekspresji: geny silnie reagujące na stres mają promotor wyposażony w liczne elementy stresowe. Wyniki przewidywań potwierdzono eksperymentalnie przez transformację *A.*

University of Silesia in Katowice
Faculty of Natural Sciences
Institute of Biology, Biotechnology and Environmental Protection
Jagiellońska 28, 40-032 Katowice, Poland
phone: +48 32 20 09 592, 32 20 09 461, e-mail: ibbios.wnp@us.edu.pl

www.us.edu.pl/en

HR EXCELLENCE IN RESEARCH

thaliana. Uzyskane wyniki są zgodne z profilami ekspresji mRNA, potwierdzając, że różnice w regionach promotorowych przekładają się na różnice funkcjonalne. Różnice między poziomami transkryptów a aktywnością GUS wskazują jednak, że mogą tu uczestniczyć także mechanizmy posttranskrypcyjne lub epigenetyczne (co sama autorka słusznie zanotowała). Wiedząc, że ortologom *AtHB6* przypisuje się regulację genów stresowych, autorka posłużyła się bazą PlantPAN, aby wskazać kluczowe cele AtHB6: ABF4 i DREB2A (czynniki związane z sygnałem ABA i suszy). Następnie zidentyfikowała w genomie *B. napus* wszystkie homologiczne kopie tych genów. Analiza sekwencji ich promotorów ujawniła zachowane motywy wiązania HB6 (motyw „CAATAATTG"). Za pomocą ChIP-qPCR potwierdzono, że białka BnaA09HB6 i BnaC08HB6 wiążą się specyficznie do fragmentów promotorowych zawierających ten motyw w przypadku homologów BnaDREB2A oraz niektórych BnaABF4. Te wyniki jednoznacznie wykazują, że BnaA09HB6 i BnaC08HB6 bezpośrednio regulują kluczowe geny odpowiedzi na suszę. Co więcej, wnioski autorki (w formie wniosków końcowych) mówią o „dwufunkcyjności" tych czynników transkrypcyjnych: w warunkach kontrolnych działają jako represory ABF4/DREB2A, a w stresie stają się aktywatorami. To interesujące spostrzeżenie dynamiki działania.

Autorka wykorzystała już istniejącą linię TILLING *B. napus* (cv. Maplus) zawierającą mutację w genie *BnaC08HB6*, przekazaną przez zespół prof. I. Bancrofta. Zidentyfikowała w tej linii sześć mutacji punktowych – pięć typu missense i jedną nonsensowną. Przy aplikacji stresu dehydratacji wywołanej przez użycie PEG mutant wykazywał znacząco obniżony poziom RWC w liściach w porównaniu z WT, co wskazuje na większą wrażliwość na stres wodny. Badanie to dowodzi, że BnaC08HB6 ma realny wpływ na rozwój rośliny i odpowiedź na odwodnienie. Dodatkowo RT-qPCR wykazał bardzo silny spadek ekspresji *BnaC08HB6* w mutancie (oczekiwany przez efekt mutacji nonsense). Zauważono też, że w linii mutanta w warunkach kontrolnych utrzymywał się wyższy poziom transkryptów niektórych genów stresowych *BnaABF4* i *BnaDREB2A* niż u WT, co koresponduje z koncepcją represora. Ostatecznie autorka przeprowadziła analizę transkryptomu liścia (RNA-seq) mutanta i WT w warunkach stresu odwodnienia. Ujawniło to szeroki wpływ mutacji: geny o wyższej ekspresji w mutancie to głównie czynniki transkrypcyjne (np. rodziny MYB, AP2, HLH) oraz białka związane ze stresem (transportery, enzymy ochronne); geny o obniżonej ekspresji są zaangażowane w procesy rozwojowe i podstawowy metabolizm (np. fotosyntetyczne). Klastrowanie genów wyraźnie rozdzieliło profile ekspresji WT i mutanta. Autorka wykorzystała bazy KEGG do wskazania najbardziej znaczących szlaków nadreprezentowanych przez DEGs. Wzbogacenie obejmowało głównie komponenty fotosyntezy (białka antenowe, ogólna fotosynteza), metabolizm chlorofilu/porfiryn, metabolizm siarki, aminokwasów (arginina, prolina, glikolat) oraz rytm okołodobowy. Podsumowując, uzyskane dane transkryptomiczne wskazują, że gen ten ma nadrzędną rolę w koordynacji odpowiedzi na odwodnienie, łącząc sygnały środowiskowe z regulacją metabolizmu komórkowego. W rozdziale VI zatytułowanym ***Dyskusja*** Autorka porównuje uzyskane rezultaty z doniesieniami innych badaczy, podkreślając nowatorskie aspekty i miejsca, gdzie wyniki są zgodne lub różne od uprzednich ustaleń.

Pod względem formalnym praca jest przygotowana starannie. Zostały zachowane wszystkie wymogi edytorskie (podział na rozdziały, tabele, ryciny ze zrozumiałymi podpisami). Autorce należą się pochwały za wysoką jakość analizy zarówno pod względem naukowym, jak i edytorskim.

University of Silesia in Katowice
Faculty of Natural Sciences
Institute of Biology, Biotechnology and Environmental Protection
Jagiellońska 28, 40-032 Katowice, Poland
phone: +48 32 20 09 592, 32 20 09 461, e-mail: ibbios.wnp@us.edu.pl

www.us.edu.pl/en

HR EXCELLENCE IN RESEARCH

Ocena wartości naukowej i nowatorstwa

Praca Pani mgr Natalii Żyły wnosi istotny wkład w zrozumienie funkcjonalnych konsekwencji duplikacji genów regulatorowych u poliploidalnych gatunków roślin. Konkretnie, kompleksowa analiza czterech homologów *HB6* u *B. napus* jest nowatorska – dotychczas brakowało systematycznego zbadania pod kątem różnic ekspresji i funkcji w odpowiedzi na stres tych blisko spokrewnionych paralogów. Wartość naukową podnosi zastosowanie wielu metod - od bioinformatyki sekwencji po eksperymenty *in vivo* – co pozwala na wielowarstwowe potwierdzenie hipotez. Wykazanie, że dwa ortologiczne geny (*BnaA09HB6*, *BnaC08HB6*) pełnią rolę kluczowych regulatorów stresowych, zdolnych zarówno do aktywacji, jak i represji genów docelowych (dynamicznie zależnie od warunków), stanowi istotny i interesujący wynik, pogłębiający wiedzę o elastycznej naturze sieci transkrypcyjnych. Analizy transkryptomiczne oraz identyfikacja szlaków KEGG w mutantach są szczególnie cenne dla zrozumienia całogenomowych skutków mutacji regulatora.

Metodologicznie praca jest poprawna i wszechstronna. Analizy bioinformatyczne i transkryptomiczne wykonano poprawnie, zastosowano filtrację i mapowanie RNA-seq na aktualną wersję genomu, a walidacja qRT-PCR zwiększa wiarygodność danych. Można jedynie zasugerować, że pełna dostępność surowych danych (np. w repozytorium publicznym) podniosłaby przejrzystość. Interpretacja wyników jest spójna z literaturą: autorka odwołuje się do znanych funkcji HD-Zip I i mechanizmów stresowych, dobrze uzasadniając wnioski. Podsumowując, wartość naukowa pracy jest wysoka. Nowatorstwo polega przede wszystkim na kompleksowym ujęciu czterech homologów *BnaHB6* – od genotypu po fenotyp – w kontekście stresu odwodnienia.

Najważniejsze uzyskane wyniki

Podsumowując, za najważniejsze odkrycia naukowe pracy doktorskiej Pani mgr Natalii Żyły uważam:

1. Identyfikację i charakterystykę czterech homologów *BnaHB6* u *B. napus*, wraz z analizą filogenetyczną.
2. Wykazanie aktywności transkrypcyjnej wszystkich badanych homologów *BnaHB6*.
3. Szczegółowa analiza ekspresji homologów *BnaHB6* w rozwoju i w warunkach stresowych.
4. Zidentyfikowanie specyficznych elementów cis-regulatorowych i eksperymentalne potwierdzenie ich roli.
5. Wykazanie roli *BnaA09HB6* i *BnaC08HB6* w regulacji ekspresji genów stresowych. Istotne jest także stwierdzenie, że w warunkach optymalnych te białka działają jako represory, natomiast w stresie stają się aktywatorami ekspresji docelowych genów. To odkrycie uwydatnia dynamikę ich funkcji w odpowiedzi na środowisko.
6. Charakterystyka funkcji *BnaC08HB6 in vivo* – uzyskano linię TILLING z mutacją w *BnaC08HB6* i opisano jej fenotyp. Ponadto analiza transkryptomiczna mutanta umożliwiła identyfikację genów o zmienionej ekspresji, zwłaszcza związanych z fotosyntezą, homeostazą redoks i metabolizmem chloroplastów, co podkreśla nadrzędną rolę *BnaC08HB6* jako integratora

University of Silesia in Katowice
Faculty of Natural Sciences
Institute of Biology, Biotechnology and Environmental Protection
Jagiellońska 28, 40-032 Katowice, Poland
phone: +48 32 20 09 592, 32 20 09 461, e-mail: ibbios.wnp@us.edu.pl

sygnałów stresowych. Wyniki te wnoszą nowe spojrzenie na funkcjonalną rolę HD-Zip I w organizacji transkryptomu pod wpływem stresu.

Przedstawiona rozprawa wnosi znaczący wkład do nauki, a uzyskane wyniki otwierają nowe możliwości badawcze. **Dlatego z całym przekonaniem mogę stwierdzić, że przedstawiona mi do oceny dysertacja ma znamiona odkrycia naukowego. Wyniki pracy mgr Żyły są oryginalne i mają duże znaczenie dla badań nad genomiką i fizjologią roślin o niezwykle złożonych genomach, jak rzepak. Ponadto, Doktorantka udowodniła, że potrafi samodzielnie prowadzić badania naukowe, rozwiązując jednocześnie oryginalny problem naukowy.**

Uwagi i pytania

Po zapoznaniu się z rozprawą doktorską Pani mgr Natalii Żyły, moje zainteresowanie wzbudziło kilka zagadnień, które chciałabym omówić podczas obrony.

1. Na czym dokładnie polega „dwufunkcyjność" transkrypcyjna homologów *BnaA09HB6* i *BnaC08HB6* (wspomniana również we wniosku 3)? Dokładnie jak autorka interpretuje fakt, że te czynniki działają jako represory w warunkach kontrolnych, a jako aktywatory w warunkach stresu (np. jakie mogą być mechanizmy molekularne takiego przełączania)? Czy podobne zjawisko obserwuje się u AtHB6 lub innych HD-Zip I?
2. Jakie znaczenie ma wykryte powiązanie *BnaHB6* ze szlakiem ABA (poprzez ABF4) i DREB (poprzez DREB2A)? Czy autorka może rozwinąć, jak zmiana ekspresji tych genów wpływa na fenotyp rośliny w stresie (np. czy zmiana regulacji *BnaABF4* tłumaczy zmianę RWC w mutantach)?
3. Jakie ograniczenia technologiczne lub interpretacyjne mają zastosowane metody transkryptomiczne? Na przykład, jak autorka uwzględnia fakt poliploidalności genomu *B. napus* przy mapowaniu odczytów RNA-seq i identyfikacji genu w danych? Jak zweryfikowano, że zmiany ekspresji są specyficzne dla mutanta, a nie różnic genetycznych między odmianami (Maplus vs Monolit)?

Wniosek końcowy

W podsumowaniu stwierdzam, że przedstawiona mi do oceny rozprawa doktorska mgr Natalii Żyły stanowi oryginalne i znaczące rozwiązanie problemu naukowego dotyczącego kluczowej roli duplikacji genów i następującej po niej specjalizacji funkcjonalnej w kontekście udowodnionej dywergencji funkcjonalnej i regulatorowej homologów genu *BnaHB6* u rzepaku. Po wnikliwym zapoznaniu się z Autoreferatem oraz załączonymi publikacjami naukowymi stwierdzam, że **Kandydatka do stopnia naukowego doktora wykazuje szeroką wiedzę teoretyczną w obszarze badań, a także udowodniła swoje umiejętności w zakresie samodzielnego prowadzenia skomplikowanych badań naukowych.**

Stwierdzam zatem, że **rozprawa doktorska Pani mgr. Natalii Żyły pt. „Dywergencja funkcjonalna i regulatorowa homologów genu *BnaHB6* w złożoności sieci transkrypcyjnej w warunkach deficytu**

University of Silesia in Katowice
Faculty of Natural Sciences
Institute of Biology, Biotechnology and Environmental Protection
Jagiellońska 28, 40-032 Katowice, Poland
phone: +48 32 20 09 592, 32 20 09 461, e-mail: ibbios.wnp@us.edu.pl

www.us.edu.pl/en

HR EXCELLENCE IN RESEARCH

wody u rzepaku (*Brassica napus* L.)" spełnia wszystkie wymogi określone w art. 187 ust. 1-2 Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o Szkolnictwie Wyższym i Nauce (Dz.U. 2023 poz. 742).

W związku z powyższym zwracam się do Wysokiej Rady Naukowej Instytutu Genetyki Roślin PAN w Poznaniu o dopuszczenie Pani mgr Natalii Żyły do dalszych etapów postępowania w sprawie nadania stopnia naukowego doktora.

Jednocześnie, biorąc pod uwagę wysoki poziom naukowy rozprawy, wartość przeprowadzonych badań oraz ich znaczenie dla dalszych prac badawczych w dziedzinie biologii roślin, wnioskuję o wyróżnienie rozprawy doktorskiej Pani mgr Natalii Żyły odpowiednią nagrodą.

University of Silesia in Katowice
Faculty of Natural Sciences
Institute of Biology, Biotechnology and Environmental Protection
Jagiellońska 28, 40-032 Katowice, Poland
phone: +48 32 20 09 592, 32 20 09 461, e-mail: ibbios.wnp@us.edu.pl

www.us.edu.pl/en

HR EXCELLENCE IN RESEARCH