Prof. dr hab. inż. Aleksander Astel
Zakład Chemii i Toksykologii Środowiska
Instytut Geografii
Uniwersytet Pomorski w Słupsku
ul. Arciszewskiego 22a, 76-200 Słupsk
tel. (+48 59) 8405-423,
e-mail: aleksander.astel@upsl.edu.pl

Słupsk, 11 listopada 2026 r.

Recenzja rozprawy doktorskiej magistra Viecheslava Muratova pt. „A properties-to-omics predictive Framework for hazard assessment of metal- and carbon-based nanomaterials"

Niniejszą recenzję sporządziłem na podstawie decyzji Rady Dyscypliny Nauki Chemiczne Uniwersytetu Gdańskiego, która w dniu 30 września 2026 roku powołała mnie na recenzenta ww. rozprawy.

1. Przedmiot recenzji

Przedmiotem recenzji jest rozprawa doktorska mgr Viacheslava Muratova pt.: „A properties-to-omics predictive Framework for hazard assessment of metal- and carbon-based nanomaterials" ubiegającego się o stopień doktora nauk chemicznych przed Radą Dyscypliny Nauki Chemiczne Uniwersytetu Gdańskiego. Promotorem rozprawy doktorskiej jest Prof. Tomasz Puzyn, promotorem pomocniczym dr inż. Karolina Jagiełło a pracę wykonano na Wydziale Chemii UG, w pracowni Chemoinformatyki Środowiska.

2. Ocena formalna rozprawy doktorskiej

Przedstawiona do oceny rozprawa doktorska to monotematyczny cykl trzech artykułów naukowych opublikowanych w latach 2025-2026 w czasopismach o międzynarodowej cyrkulacji, indeksowanych w bazie Web of Science. Wszystkie artykuły opublikowano w czasopismach ujętych w aktualnym wykazie czasopism naukowych i recenzowanych materiałów z konferencji międzynarodowych wraz z przypisaną liczbą punktów w zakresie od 140 do 200, oraz współczynniku oddziaływania (ang.: *Impact Factor*) w zakresie od 5,2 do 11,3. Średnia punktacja opublikowanych artykułów wynosi 180 pkt. zaś sumaryczna wartość współczynnika IF to ponad 22. Należy podkreślić, że wartość wskaźników bibliometrycznych cyklu publikacji prezentuje się okazale a same czasopisma, w których publikowano prace cieszą się uznaną renoma naukową. We wszystkich publikacjach cyklu mgr Muratov jest pierwszym autorem, lecz w żadnym z nich nie jest autorem korespondencyjnym. W tym przypadku autorami korespondencyjnymi są promotor i promotor pomocniczy rozprawy doktorskiej. Do rozprawy dołączono oświadczenia współautorów prac, z których wynika, że wkład autorski mgr Muratova w ich powstanie dotyczył współtworzenia koncepcji badań, uzyskiwania danych, wykonywania analiz, poszukiwania i testowania optymalnych rozwiązań metodologicznych jak również walidacji uzyskanych wyników i tworzenia pierwotnej wersji manuskryptów. Nie jest możliwe oszacowanie autorskiego wkładu mgr Muratova w powstanie

Dokument zanonimizowany za pomocą UG DLP Anonimizator, 2026-11-18 08:08:16

dzieł ze względu na fakt, że wkładu pozostałych autorów nie oszacowano ilościowo, a pokrywające się obszary udziału (np. tworzenie koncepcji badań, które wykazano również w przypadku dr inż. Karoliny Jagiełło) utrudniają ocenę, czy wkład kandydata w powstanie dzieł był wiodący. W tym świetle trudno jednoznacznie ocenić, czy indywidualny wkład kandydata do stopnia doktora w rozwój dyscypliny nauki chemiczne jest istotny, gdyż prace tworzono w zespole o znaczącej rozpoznawalności naukowej i uznaniu wśród innych badaczy, aczkolwiek na korzyść kandydata przemawia jego pierwsza pozycja na liście autorów publikacji. Dołączenie szacunków procentowych udziału mgr Muratova w powstanie dzieł znacząco ułatwiłoby dokonanie oceny udziału kandydata, tym bardziej, że wszystkie prace wykonywano w zespołach wieloautorskich. Z jednej strony jest to obecnie powszechne i cenne, gdyż prowadzi do budowania relacji, sieci naukowych i znacząco ułatwia kontynuowanie rozwoju naukowego na jego dalszych etapach, z drugiej jednak strony identyfikowanie wkładu kandydata do uzyskania stopnia naukowego może być utrudnione. Konkludując wątek oceny formalnej rozprawa doktorska **spełnia kryterium oparcia o kilka, spójnych merytorycznie publikacji naukowych, opublikowanych w indeksowanych, recenzowanych czasopismach**.

3. Trafność wyboru tematu

Chemoinformatyka, tradycyjnie wykorzystywana do prognozowania właściwości różnych cząsteczek, jako potencjalnych substancji aktywnych w lekach nowej generacji, gwałtownie ewoluowała w wyspecjalizowaną dziedzinę „nanoinformatyki", którą wykorzystuje się obecnie, między innymi, do oceny bezpieczeństwa i toksyczności tworzonych lub obecnych w środowisku nanomateriałów. Badania obejmują zarówno cząstki metaliczne (np. tlenek miedzi, złoto, srebro), jak i struktury węglowe, takie jak wielościenne rurki węglowe czy tlenek grafenu. Wnikając do układu oddechowego, nanomateriały mogą wchodzić w reakcje z komórkami pęcherzyków płucnych, wywołując stres oksydacyjny poprzez generowanie reaktywnych form tlenu oraz prowadzić w konsekwencji do uszkodzenia błon komórkowych. Aby przewidywać te szkodliwe efekty bez konieczności prowadzenia kosztownych i budzących wątpliwości etyczne badań in vivo, naukowcy sięgają po metody ilościowej zależności między strukturą a właściwościami/aktywnością (QSPR/QSAR) połączone z modelami uczenia maszynowego. Ze względu na brak jednoznacznej i jednorodnej struktury cząsteczkowej nanocząstek, klasyczne deskryptory chemoinformatyczne nie znajdują tu bezpośredniego zastosowania a dodatkowym utrudnieniem jest konieczność sprawnej i efektywnej eksploracji danych o naturze wielowymiarowej. Zamiast deskryptorów chemoinformatycznych wykorzystuje się alternatywne cechy fizykochemiczne — takie jak nominalna długość, potencjał zeta, powierzchnia właściwa, średnica czy stopień czystości — które służą do trenowania zaawansowanych algorytmów uczenia maszynowego, m.in. opartych na idei wykorzystywania drzew decyzyjnych (lasów losowych lub XGBoost) oraz sztucznych sieci neuronowych. Zastosowanie chemoinformatyki w tym obszarze charakteryzuje się wysoką skutecznością. Modele predykcyjne regularnie osiągają wysokie wskaźniki dokładności w zadaniach klasyfikacji oraz regresji, co znacząco usprawnia profilowanie bezpieczeństwa nowych nanomateriałów, przyczynia się do przewidywania toksyczności nanomateriałów obecnych w środowisku a przede wszystkim znacząco ogranicza konieczność realizowania eksperymentów z wykorzystaniem organizmów żywych. W konsekwencji, nanotoksykologia

obliczeniowa stała się niezwykle atrakcyjną i innowacyjną gałęzią nauki, leżącą na styku inżynierii danych oraz koncepcji projektowania bezpiecznych nanomateriałów już na etapie ich tworzenia (tzw. safe-by-design). Wśród najnowszych osiągnięć z lat 2024–2026 widoczne jest przejście od prognozowania statycznej toksyczności do modelowania toksyczności dynamicznej nanocząstek w czasie. Nowoczesne algorytmy uczenia maszynowego potrafią obecnie skutecznie przewidywać, czy działanie cytotoksyczne nanocząstek ulegnie zmianie w zależności od czasu ekspozycji oraz dokładnego stężenia w zróżnicowanych podłożach hodowlanych. Mimo tak dynamicznego rozwoju technologicznego, w kontekście regulacyjnym, kluczowym wyzwaniem pozostaje brak dobrze opisanego i powszechnie zaakceptowanego standardu przeprowadzania obliczeń toksyczności nanocząstek. Badacze wciąż zmagają się z dużą niejednorodnością dostępnych danych eksperymentalnych, różnicami w warunkach prowadzenia testów biologicznych oraz brakiem ustandaryzowanych zestawów danych do walidacji zewnętrznej. Analizy bibliometryczne wskazują jednak na wykładniczy wzrost zainteresowania tym obszarem. Każdego roku w latach 2024–2026 publikowano kilkaset prac naukowych poświęconych bezpośrednio wykorzystaniu uczenia maszynowego w nanotoksykologii, stanowiących część szerszego dorobku tysięcy artykułów badających zastosowanie sztucznej inteligencji w nanotechnologii. Biorąc pod uwagę wyzwania, które stoją przed nowoczesną nanoinformatyką, **tematykę dotyczącą opracowania frameworku oceny narażenia organizmów na ekspozycję wziewną nanocząstek ditlenku tytanu oraz nanorurek węglowych należy uznać za pożądany, uzasadniony i wartościowy kierunek badań.**

4. Cel pracy

Całość rozprawy doktorskiej opiera się na hipotezie zakładającej, że ekspozycja wziewna na wybrane kategorie nanocząstek (ditlenek tytanu, nanorurki węglowe) indukuje skoordynowane zmiany transkryptomiczne, które odzwierciedlają zaburzenia procesów biologicznych leżących u podstaw ich mechanizmów działania, oraz że odpowiedzi te są powiązane z właściwościami fizykochemicznymi nanomateriałów i warunkami ekspozycji. Hipoteza zawiera również założenie, że zmiany te mogą być reprezentowane przez komplementarne, predykcyjne i biologicznie istotne punkty końcowe wykorzystywane do scharakteryzowania ogólnej odpowiedzi ze strony płuc oraz zidentyfikowania procesów molekularnych istotnych dla oceny jakościowej i ilościowej zagrożenia. W celu weryfikacji ogólnej hipotezy badawczej mgr Muratov sprecyzował trzy kluczowe pytania badawcze:

1. Czy jeden, globalny wskaźnik TRI (indeks odpowiedzi transkryptomicznej) może uchwycić biologicznie istotne odpowiedzi płuc na ekspozycję wziewną na nanorurki węglowe a tym samym wspierać ocenę ilościową siły działania na podstawie właściwości materiału i warunków ekspozycji?
2. Czy podejście TRI można rozszerzyć na nanocząstki TiO_2, zachowując jego znaczenie biologiczne i wartość predykcyjną?
3. Które biomarkery transkryptomiczne ujawniają procesy biologiczne i potencjalne mechanizmy działania po ekspozycji na formę nano ditlenku tytanu oraz czy istnieje relacja pomiędzy biomarkerami a właściwościami materiału i warunkami ekspozycji?

Sposobem weryfikacji hipotez badawczych oraz sformułowania odpowiedzi na postawione pytania było skompresowanie wielowymiarowej struktury przestrzeni ekspresji genów za pomocą metody analizy głównych składowych do pojedynczego, biologicznie istotnego parametru, który miałby odzwierciedlać globalną odpowiedź transkryptomiczną indukowaną przez testowane nanomateriały a następnie przewidywanie jego wartości z wykorzystaniem strukturalnych i związanych z ekspozycją deskryptorów wybranych układów nanocząstek. W kolejnym kroku użyteczność pojedynczego wskaźnika testowano na nanomateriałach innych typów wykonując każdorazowo optymalizację wskaźnika z uwzględnieniem odrębnych zbiorów danych dla każdej z badanych klas materiałów. W końcowym etapie stosowano nadzorowane uczenie maszynowe do identyfikowania biomarkerów transkryptomicznych ilościowo powiązanych z efektami działania toksycznego nanomateriałów w tkance płucnej oraz przewidywania ich aktywacji z wykorzystaniem właściwości fizykochemicznych i warunków związanych z ekspozycją. W tym miejscu należy wyraźnie podkreślić, że zastosowanie konkretnych technik i narzędzi obliczeniowych znalazło pełne uzasadnienie w założeniach merytorycznych badania a dobrane techniki *in-silico* stanowią obecnie *state-of-the-art* nanoinformatyki.

Zestaw hipotez badawczych, pytań i celów, które należy osiągnąć, aby globalnie zrealizować założenia rozprawy doktorskiej przedstawiono w sposób precyzyjny i klarowny.

5. Ocena merytoryczna cyklu prac rozprawy doktorskiej

Zrozumienie molekularnych mechanizmów toksyczności wywoływanej poprzez ekspozycję dróg oddechowych na wielościenne nanorurki węglowe stanowi kluczowe wyzwanie we współczesnej nanotoksykologii. Ze względu na podobieństwo strukturalne do włókien azbestu oraz biotrwałość w tkance płucnej, inhalacja nanorurek węglowych wiąże się z ryzykiem powstawania przewlekłych stanów zapalnych, włóknienia płuc, nowotworów oraz zaburzeń rozwojowych. Mimo że profilowanie ekspresji genów umożliwia analizę tych zaburzeń, wysoka wymiarowość danych transkryptomicznych utrudnia budowanie bezpośrednich modeli predykcyjnych.

Biorąc powyższe pod uwagę głównym celem pierwszej pracy cyklu było rozwiązanie problemu wysokiej złożoności danych transkryptomicznych poprzez podjęcie próby zaproponowania pojedynczego wskaźnika odpowiedzi transkryptomicznej. W założeniu doktoranta wskaźnik ten miał za zadanie skompresować wielowymiarową przestrzeń transkryptomiczną do pojedynczej zmiennej predykcyjnej i powiązać ją z właściwościami fizykochemicznymi wdychanych wielościennych nanorurek węglowych przy użyciu modelu opartego na ilościowych zależnościach pomiędzy strukturą a aktywnością biologiczną. W ramach eksperymentu wykorzystano uzyskane wcześniej dane dotyczące ekspresji genów pochodzące z tkanki płucnej myszy, które były poddane dotchawiczej ekspozycji na dziewięć różnych rodzajów wielościennych nanorurek węglowych o różnej długości, średnicy oraz modyfikacjach chemicznych, podawanych w różnych stężeniach. Z otrzymanej bazy danych wyselekcjonowano ponad pięć tysięcy genów ulegających zróżnicowanej ekspresji w odpowiedzi na działanie ksenobiotyku. Wyselekcjonowano blisko 5200 genów o statystycznie istotnej zmianie ekspresji a następnie zastosowano nienadzorowaną analizę głównych składowych, uzyskując 19 głównych składowych wyjaśniających niemal 99.9% całkowitej wariancji danych. Aby numerycznie scharakteryzować wprowadzane do organizmu nanomateriały, obliczono specjalistyczne deskryptory oparte na metodzie sympleksowej reprezentacji struktury molekularnej. W końcowym etapie użyto regresji grzbietowej

zoptymalizowanej za pomocą algorytmu genetycznego do wyselekcjonowania najbardziej istotnych cech molekularnych i wytrenowania nadzorowanego modelu uczenia maszynowego. Otrzymane rezultaty potwierdziły wysoką zdolność predykcyjną modelu, osiągając współczynnik determinacji na poziomie 0,83 oraz wysokie wskaźniki walidacji krzyżowej i zewnętrznej. Wykazano, że kluczowy wpływ na odpowiedź transkryptomiczną płuc wywierają cechy strukturalne związane z rozkładem ładunku elektrycznego oraz refrakcją nanorurek. Mocną stroną zaprezentowanego badania jest drastyczne zmniejszenie zapotrzebowania na zasoby obliczeniowe, używanie narzędzi (regresja grzbietowa), które ograniczają problem analizy silnie skorelowanych ze sobą zmiennych objaśniających oraz udostępnienie wysoce interpretowalnego i transparentnego narzędzia bioinformatycznego zaś cała koncepcja eksperymentu doskonale wpisuje się w nowoczesne metodologie badawcze dążące do zminimalizowania konieczności przeprowadzania inwazyjnych testów na zwierzętach. Obszarem, który ponad wszelką wątpliwość wymaga głębszego zastanowienia jest stosunkowo niewielka liczba wykorzystanych w eksperymencie danych (20). Taka skala eksperymentu zwiększa ryzyko nadmiernego dopasowania parametrów modelu i silnie zawęża jego domenę stosowalności wyłącznie do wąskiej grupy materiałów węglowych. Dodatkowo przyjęto uproszczone założenie o liniowej zależności między zastosowaną dawką a reakcją organizmu, co nie zawsze trafnie odzwierciedla nieliniowe zjawiska charakterystyczne dla biologii systemowej.

Analogiczne do założeń przedstawionych powyżej (ekspozycja dotchawiczna na nanocząstki ditlenku tytanu może indukować zmiany patologiczne, wnioskowanie w oparciu o wielowymiarowy zestaw danych wejściowych jest problematyczne, możliwe jest stworzenie pojedynczego, ustandaryzowanego punktu końcowego służącego do predykcji reakcji układu oddechowego na ekspozycję na nanocząstki ditlenku tytanu) w drugiej pracy cyklu wykorzystano dane dotyczące ekspresji genów w tkance płucnej myszy poddanych dotchawiczej ekspozycji na pięć typów nanocząstek dwutlenku tytanu w dawkach 18, 54 i 162 μg na zwierzę po 1 oraz 28 dniach od ekspozycji. Wyłoniono 621 genów wykazujących różnicową ekspresję, a następnie zastosowano analizę głównych składowych w celu kompresji danych. Zbudowano warianty wskaźnika obejmujące od dwóch do dwudziestu dziewięciu składowych i oceniono ich zdolność predykcyjną przy użyciu metod regresyjnych. Uzyskane rezultaty wykazały, że chociaż wariant obejmujący dwadzieścia dziewięć składowych odtwarza niemal całą wariancję transkryptomiczną, to najbardziej optymalnym i odpornym rozwiązaniem okazał się zwięzły wskaźnik oparty na pierwszych dwóch składowych, wyjaśniający około 44% procent wariancji. Wykazano, że kluczowymi determinantami odpowiedzi biologicznej są powierzchnia właściwa oznaczona metodą Brunauera, Emmetta i Tellera, pierwotny rozmiar nanocząstek, stężenie oraz czas od momentu podania.
Wykorzystując możliwość polemiki z kandydatem chciałbym zapytać:

Jak mogłaby się zmienić zdolność predykcyjna oraz domena stosowalności modeli, gdyby proces algorytmicznego uczenia przeprowadzono na znacząco większej i bardziej zróżnicowanej chemicznie bazie nanomateriałów w obrębie badanych klas? W pierwszym przypadku wykorzystano 20, zaś w drugim jedynie 5 typów nanocząstek.

W jaki sposób, w opinii doktoranta, implementacja matematycznych algorytmów uwzględniających nieliniowe modele oceny progu toksyczności mogłaby wpłynąć na stabilność i rzetelność przewidywań globalnych zmian w ekspresji genów na poziomie tkankowym?

Czy proponowana metodologia obliczeniowa może być rozszerzona na zagadnienie modelowania dynamiki zmian toksyczności nanocząstek w układach biologicznych zarówno z punktu widzenia analizy toksyczności ostrej jak i chronicznej, wykraczającej daleko poza perspektywę 28 dni?

Czy możliwe jest sformułowanie standardowych rekomendacji prowadzenia metodyki obliczeniowej, w której do ustalenia liczby istotnych składowych uzyskanych dzięki zastosowaniu modelu PCA wykorzystuje się progowe poziomy zasobu zmienności? Pytanie wydaje się zasadne tym bardziej, że w drugiej pracy model z dwoma składowymi (44% wariancji) okazał się optymalny, zaś w pierwszej wykorzystano 19 składowych. Dlaczego, w przypadku pierwszej publikacji nie zastosowano analogicznej procedury testowania wskaźnika TRI w wielu wariantach ilości uwzględnionych składowych?

Czy zastosowanie procedury dotchawicznej ekspozycji na nanomateriały nie może generować bardziej intensywnej odpowiedzi toksycznej ze względu na pominięcie naturalnych systemów obronnych organizmów w przypadku klasycznego modelu inhalacji wziewnej?

Głównym celem trzeciej publikacji cyklu było opracowanie modeli uczenia maszynowego pozwalających na predykcję zmian ekspresji genów w płucach myszy na podstawie właściwości fizykochemicznych nanocząstek ditlenku tytanu oraz parametrów ekspozycji. W analizach wykorzystano zestaw danych, który był już uprzednio podstawą opracowań opisanych w publikacji 2. Zidentyfikowano 621 genów o statystycznie istotnej zmianie ekspresji ($|FC| \geq 1{,}5$; $p \leq 0{,}05$), które sklasyfikowano binarnie. Do zbudowania modeli klasyfikacyjnych wykorzystano algorytm losowego lasu połączony z techniką równoważenia klas, a ich jakość zweryfikowano poprzez 5-krotną walidację krzyżową oraz walidację zewnętrzną. Zastosowano również hierarchiczną analizę skupień oraz analizę ważności cech w celu identyfikacji mechanizmów biologicznych. Uzyskane rezultaty doprowadziły do wyłonienia 17 wysokiej jakości modeli predykcyjnych (o średniej dokładności 0,95 i zdolność modelu do przypisywania wyższych rang przypadkom pozytywnym niż negatywnym w całym zakresie progów decyzyjnych $\geq 0{,}7$), odpowiadających kluczowym biomarkerom transkryptomicznym patologii płucnych, takim jak Saa3, Saa1, Ccl2, Il1b, Serpina3n, Ccl3 czy Hmox1. Wykazano, że najważniejszym parametrem determinującym zmiany ekspresji genów jest powierzchnia cząstek (odpowiadająca za średnio 43% wpływu predykcyjnego), a następnie czas po ekspozycji (32%) oraz ładunek powierzchniowy (25%). Ujawniono, że silna nadekspresja genów ostrej fazy Saa1 i Saa3 zachodzi przede wszystkim w krótkim czasie od ekspozycji na nanocząstki o najwyższej powierzchni, co wiąże się z kaskadą zapalną i włóknieniem płuc. Mocną stroną pracy jest udane połączenie danych omicznych z uczeniem maszynowym, co umożliwia wczesną predykcję toksyczności nanomateriałów i ogranicza potrzebę testów na zwierzętach. Słabą stroną publikacji jest zastosowanie upraszczającej dyskretyzacji binarnej progu ekspresji genów, co prowadzi do utraty informacji o ilościowym nasileniu i kierunku zmian. Ponadto domena stosowalności modeli jest ograniczona do formy rutylowej dwutlenku tytanu oraz określonego zakresu dawek i modelu mysiego, co utrudnia bezpośrednią ekstrapolację na warunki zawodowej ekspozycji ludzi.

Po zakończeniu lektury rozprawy doktorskiej muszę stwierdzić, że mgr Viacheslav Muratov zrealizował bardzo ambitny program badawczy. Wysoko oceniam poziom merytoryczny

zastosowanej metodologii i wieloaspektowość badań. Pod względem merytorycznym zastosowany warsztat badawczy nie budzi zastrzeżeń a jego opis dowodzi, że autor dokonał świadomego wyboru poprawnych narzędzi i technik. Pozytywnie odbieram także udostępnienie w repozytorium otwartym kodów źródłowych procedury obliczeniowej, co powoduje, że inni badacze mogą ją wykorzystać do własnych celów. Takie działanie, połączone z poprawnym i transparentnym wnioskowaniem dowodzi znaczącego wkładu doktoranta w rozwój dyscypliny nauki chemiczne.

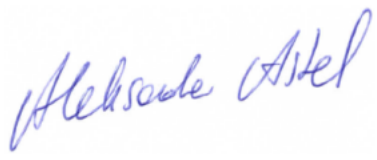
6. Wnioski końcowe

Podsumowując ocenę merytoryczną z całym przekonaniem pragnę stwierdzić, że autor w pełni i konsekwentnie zrealizował sprecyzowane cele badawcze a poprzez to, wniósł wiele elementów nowości naukowej do badań nad oceną toksyczności nanozwiązków. Do szczególnie wartościowych zaliczam podjęcie próby zdefiniowania indeksu odpowiedzi transkryptomicznej oraz zastosowanie nowoczesnych technik z domeny sztucznej inteligencji w badaniach. Obszarem, który z pewnością powinien podlegać dalszym rozważaniom jest opracowanie takiego modelu inhalacji, który w możliwie największym stopniu mógłby odwzorować rzeczywiste narażenie organizmów wyższych rzędów na ekspozycję wziewną na nanomateriały. Lektura rozprawy dowodzi, że mgr Viacheslav Muratov posiadł biegłą znajomość stosowania metod programistycznych, w których integruje klasyczne metody analizy danych, takie jak analiza głównych składowych czy analiza skupień z metodami należącymi do domeny sztucznej inteligencji (las losowy). Warto także wspomnieć, że w krokach pośrednich dostrzega i odpowiednio reaguje na uwarunkowania obecne w danych (stosowanie regresji grzbietowej w miejscu liniowej w przypadku analizy danych wysoce skorelowanych).

Pozytywną ocenę rozprawy doktorskiej samej w sobie należy uzupełnić wysoką oceną aktywności publikacyjnej doktoranta, który już w chwili obecnej jest autorem lub współautorem kilku dodatkowych publikacji oraz szeregu wystąpień konferencyjnych, prezentowanych głównie na arenie międzynarodowej.

Stwierdzam, że oceniona rozprawa spełnia warunki określone w art. 187 Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (tekst jednolity: Dz.U.2024.1571 ze zm.) i wnoszę o dopuszczenie mgr Viacheslava Muratova do dalszych etapów przewodu doktorskiego.

Dokument podpisany przez
Aleksander Maria Astel
Data: 2026.11.11 17:34:30
CET



Podpis elektroniczny/certyfikat został usunięty podczas anonimizacji dokumentu.