



Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

ul. Wojska Polskiego 28

60-637 Poznań

tel. +48 61 848 75 21

e-mail: dziekles@up.poznan.pl

**WYDZIAŁ LEŚNY
I TECHNOLOGII
DREWNA**

Dr hab. Monika Dering

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
Wydział Leśny i Technologii Drewna
Katedra Hodowli Lasu

Poznań, 4 września, 2023 r.

Recenzja rozprawy doktorskiej

mgr Małgorzaty Pałuckiej pt.:

„Zmienność genetyczna sosny zwyczajnej (*Pinus sylvestris* L.) w oparciu
o polimorfizm markerów mikrosatelitarnych”

Bezdyskusyjnie, sosna zwyczajna to najbardziej rozpowszechniony i rozpoznawalny gatunek drzewa w naszym kraju. Naturalny zasięg sosny, będąc najszerszym wśród gatunków należących do rodzaju *Pinus*, sięga jednak daleko poza Polskę i obejmuje rozległe obszary Eurazji. Niezwykła różnorodność fenotypowa i genetyczna tego gatunku wraz z szerokim zasięgiem i spektrum zajmowanych siedlisk spowodował, że jest to gatunek modelowy w wielu dyscyplinach nauk biologicznych i leśnych. Wyszukiwanie w bazie Web of Science z użyciem słowa kluczowego *Pinus sylvestris* zwraca ponad 28 tys. rekordów! Specyficzny zestaw cech funkcjonalnych i cech historii życia tego gatunku spowodowały, że stał się on również bardzo atrakcyjny w hodowli. Przez prawie dwa ostatnie stulecia, obok świerka, był to najbardziej promowany w hodowli gatunek iglasty w strefie klimatu umiarkowanego i borealnego. Sosna zwyczajna jest podstawą gospodarki leśnej w Polsce i wielu krajów Europy.

Przedstawiona mi do recenzji praca doktorska Pani mgr Małgorzaty Pałuckiej napisana pod kierunkiem promotora prof. dr. hab. Jarosława Burczyka prezentuje wyniki badań z zakresu genetyki leśnej. Praca dotyczy zmienności genetycznej drzew matecznych sosny pospolitej zlokalizowanych na terenie 17 regionalnych Dyrekcji Lasów Państwowych w Polsce. Doktorantka przeanalizowała imponującą liczbę prawie 3000 drzew, a wykorzystała do tego celu standardowe i powszechnie

wykorzystywane markery mikrosatelitarne oraz metody obliczeniowe.

Praca liczy 203 strony z czego 29 to spis literatury (338 pozycji) i ma następujący układ: spis treści, wstęp obejmujący wprowadzenie, przegląd literatury i cele wraz z hipotezami badawczymi, materiał i metody, wyniki, dyskusja wyników oraz podsumowanie i wnioski. Nietypowo, moim zadaniem, streszczenie po polsku i po angielsku zostały umieszczone na końcu dysertacji. Praca zawiera ponadto aneks, który opisuje zawartość dodatkowych materiałów znajdujących się pod podanym adresem w repozytorium cyfrowym. Niestety nie udało mi się do tych danych dostać, ponieważ podany link skierował mnie do strony logowania. Przeszukiwanie zasobów repozytorium z wykorzystaniem danych pracy (tytuł, autor, afiliacja, itp.) również nie przyniosło skutku. Z racji istotnego znaczenia deklarowanej otwartości danych związanych z pracą sugeruję ponownie sprawdzenie dostępności zdeponowanych danych lub poprawności linka zawartego w pracy.

Pierwszą zasadniczą częścią pracy jest „Wstęp” rozpoczynający się od „Wprowadzenia”, zajmującego siedem stron. Domyślam się, że Doktorantce zależało na wieloaspektowym i głębokim przedstawieniu roli różnych ekosystemów leśnych obecnych na Ziemi. Do tak szerokiego ujęcia problemu wymagana jest przemyślana koncepcja i szeroka wiedza. Szczegółowość tej części, nadmiar wątków często bardzo luźno ze sobą powiązanych i pobieżnie prezentowanych powodują, że jest to część chaotyczna i eklektyczna merytorycznie oraz pozbawiona wyraźnej struktury i koncepcji. Brak precyzyjności w formułowaniu myśli powoduje również u czytelnika dezorientację i niezrozumienie przekazywanych treści. Doktorantka omawia funkcje i rolę lasów namorzynowych i tropikalnych (te pierwsze sprowadza do ochrony przed powodzią), a brakuje merytorycznego odniesienia do lasów strefy umiarkowanej i borealnej, w których sosna rośnie. Doktorantka mieszcząc w jednym akapicie rolę lasów w obiegu węgla (zaczyna od lasów jako emitera gazów cieplarnianych, a nie ciągle jednak dominującej roli w pochłanianiu CO₂), wododziały, lasy miejskie, a kończy danymi na temat światowego produktu krajowego brutto, by w następnym akapicie przejść do wpływu wielkoskalowego rolnictwa i danych FAO na temat degradacji wywołanych rolnictwem w Afryce Subsaharyjskiej, Ameryce Południowej czy Azji. Brak jest w tej części skondensowanego akapitu o związku bioróżnorodności i ekosystemów leśnych, która to kwestia w sposób powierzchowny jest podejmowana w różnych akapitach całej części pracy. Po prezentacji danych



statystycznych na temat powierzchni zalesionej w Polsce, przychodach sektora leśnego w Polsce i wielkości pozyskania Doktorantka rozpoczyna wątek znaczenia wiedzy na temat historii gatunku (zapewne ewolucyjnej lub demograficznej) dla właściwego zarządzania zasobami leśnymi sprowadzając ten problem do stwierdzenia o trwałości drzew na przestrzeni milionów lat cykli glacialnych (Plejstocen to zaledwie 2,5 mln, chyba, że Doktorantka odnosi się do innych zlodowaceń w historii Ziemi). W tej części pracy Doktorantka prezentuje, również bardzo pobieżnie, historię demograficzną gatunku i wybrane szczegóły na temat zmienności genetycznej sosny pospolitej. Pomija zupełnie informacje których dostarczają analizy paleopalinologiczne i makrofosylia, które stanowią niezbędne tło do właściwej interpretacji wzorców filogeograficznych. Dopuszcza się pewnych nieścisłości i niekonsekwencji w interpretacji wyników badań na temat późoplejstocenijskiej (ostatni cykl glacialny) i holocenijskiej historii sosny. Wspomina o długotrwałej izolacji przestrzennej sosny w Europie podczas ostatniego zlodowacenia powołując się na pracę Cheddadi i in. 2006. Dzisiaj wiemy, że w przypadku sosny, nie ma mowy o długotrwałej izolacji przestrzennej w refugiach, jak klasycznie zakładał paradygmat południowych refugium, i na co dobitnie wskazują przecież wyniki uzyskane w pracy przez Doktorantkę oraz prace bardziej współczesne, również cytowane przez Doktorantkę (np. Wójkiewicz in. 2016 czy Hebda i in. 2017). Doktorantka w tej części próbuje również zmierzyć się z tematem ewolucji adaptacyjnej tego gatunku, ale sposób niewłaściwy, moim zadaniem, pojmuje proces adaptacji i najwyraźniej nie rozumie czy są cechy adaptacyjne pojawiające się w wyniku działania doboru naturalnego. Interesuje mnie dlaczego pierśnica czy miąższość uznaje za cechy adaptacyjne? Jak wpływają te adaptacje (oraz inne, które Doktorantka wspomina w tym akapicie – str. 11) na którykolwiek z komponentów dostosowania? Jak „Adaptacja do konkretnych warunków środowiskowych [...] spowodowały, że sosna wykształciła populacje dobrze zaadaptowane do lokalnych warunków siedliskowych” (str. 12)? Proszę o wyjaśnienie, dlaczego Doktorantka uważa, że unikatowe mitotypy znajdujące na półwyspie Azja Mniejsza definiują ten region jako obszar endemizmu dla sosny? Odnosząc się do historii ewolucyjnej gatunku w tej części zasięgu i procesów biogeograficznych, sądzę, że raczej powinniśmy mówić reliktowym statusie tego gatunku w regionie i reliktovej zmienności?

„Przegląd literatury” rozpoczyna się opisem gatunku. Doktoranta nie do

końca poradziła sobie z opisem podziału taksonomicznego rodzaju. Prezentuje nieaktualny stan wiedzy w zakresie taksonomii i filogenetyki, i wyciąga niewłaściwie wnioski, jak choćby ten o najniższym pokrewieństwie między *P. sylvestris* i *P. nigra* *P. densiflora* czy *P. tabuloiformis*, co może świadczyć o niepełnej umiejętności pracy z literaturą. Dlaczego Doktorantka nie odniosła się do prac filogenetycznych, które stanowią podstawę obecnie akceptowanego podziału taksonomicznego rodzaju *Pinus* na 2 podrodzaje – *Strobus* i *Pinus*? (Zeb i in. 2020, JSE; Gerard i in. 2005), jak również do cytowanej w tym fragmencie wyników Eckert i Hall (2006), które taki podział również sugerują, a wybrała podział Little i Critchfeld z 1969 roku (bazujący na jeszcze starszym podejściu)? Niekwestionowanym specjalistą w zakresie taksonomii gatunków iglastych jest Aljos Farjon (autor tak znanych pozycji jak *Handbook of the World's Conifers* lub *Natural History of Conifers*), do którego Doktorantka odniosła się prezentując zawłości taksonomiczne rodzaju. W opisie ewolucji rodzaju Doktorantka podaje, że sosna pojawiła się w Polsce w holocenie, po czym wspomina o trzeciorzędzie (od kilku lat obowiązuje nowa tablica stratygraficzna, w której trzeciorząd został zastąpiony) po czym wraca do eocenu. Sosna była obecna w Polsce znacznie wcześniej niż w holocenie. Przebogatą jest w tym zakresie piśmiennictwo polskich paleobotaników. Dwa kolejne podrozdziały prezentują informację na temat genomów jądrowego i chloroplastowego u roślin. Domniemam, że ideą Doktorantki było dostarczenie czytelnikowi informacji tych genomów z racji wykorzystywania markerów w nich zlokalizowanych. Uważam, że poziom szczegółowości, jaki Doktorantka chciała zaprezentować jest zupełnie niepotrzebny, ponieważ praca nie dotyczy kwestii ewolucji genomów roślinnych. Przez wprowadzenie nadmiaru informacji na temat genomów innych gatunków roślin, co nie wnosi niczego do problemu podejmowanego przez Doktorantkę w pracy, te podrozdziały są chaotyczne i prezentują raczej zbiór ciekawostek o genomach roślin, niż stawiają spójną prezentację wiedzy. Tylko krótko Doktorantka odnosi się w charakterystyce genomu chloroplastowego do jego wykorzystania w filogeografii. Dobrze natomiast Doktorantka scharakteryzowała narzędzie, jakim się posługiwała w badaniach, czyli markery mikrosatelitarne.

Podrozdział „Zmienność genetyczna sosny zwyczajnej” prezentuje badania genetyczne prowadzone na sośnie z wykorzystaniem markerów genetycznych. Brak jest w tej części wyraźnej koncepcji, która wskazywałaby dlaczego te, a nie inne przykłady badań Doktorantka wybrała by je szczegółowiej zaprezentować.



Scharakteryzowanie podejmowanych problemów naukowych i następnie prezentacja ich rozwiązania zamiast referowania wybranych artykułów (arbitralnie wybranych, czasami nazbyt szczegółowo przedstawionych, fragmenty niemalże tłumaczone z artykułów na język polski), byłoby bardziej logicznym i wartościowym podejściem do opracowania tego podrozdziału. Ponadto, informacje na temat zmienności genetycznej, struktury filogenetycznej i polodowcowej historii gatunku były już częściowo wprowadzane we „Wstępie”. Nie rozumiem, w jakim celu w rozdziale o zmienności genetycznej sosny zwyczajnej Doktorantka prezentuje wyniki analiz filogenetycznych dla innych gatunków z rodzaju *Pinus*, ale z włączeniem *P. sylvestris*, a nie sięga do tych prac, w których sosnę zwyczajną włączono (np. Zeb i in. 2020). Dlaczego prezentuje historię ewolucyjną *Pinus canariensis*? Być może ten obszerny tematycznie i objętościowo podrozdział (prawie 10 stron) należało podzielić na mniejsze i tematycznie jednolite podrozdziały/fragmenty, co z pewnością ułatwiłoby Doktorantce pracę i pozwoliłoby na uniknięcie chaosu.

Podsumowując, wprowadzenie przemyślanej struktury do całej pierwszej części dysertacji pozwoliłoby z pewnością na bardziej jednorodne i uporządkowane przedstawienie poszczególnych wątków i na uniknięcie powtórzeń, które odnotowałam (np. str. 10 i 34, str. 12 i 38, 12 i 117, również inne części np. str. 145-146). Zasadniczo, ta część dysertacji powinna przekonać czytelnika do potrzeby podjęcia prezentowanych badań i wykazania, jakie obszary wiedzy będą eksplorowane. Zawartość merytoryczna całości wstępu słabo koresponduje z celami pracy przez nadmiar rozmaitych i niezwiązanych z tematem pracy wątków i brak spójnej koncepcji prezentowania stanu wiedzy.

Formalnie, cele i hipotezy są jasno i poprawianie sformułowane. Niestety, nie dowiedziałam się w jakim celu podjęto takie, a nie inne badania i analizy. Innymi słowy, dlaczego Doktorantka chciała np. zbadać/ocenić przestrzenną strukturę genetyczną czy poziom zmienności. Nie znalazłam uzasadnienia dla konieczności podjęcia tych konkretnych badań we „Wstępie”, stąd oczekiwałam, jako czytelnicza, wyjaśnienia w tej części dysertacji. Na przykład, Doktorantka analizuje N_e . Nie wspomina o tym ważnym parametrze we „Wstępie” i nie tłumaczy, w jakim celu jest on w badaniach wyliczany, czemu służy? Podobnie nie wspomina we „Wstępie” o przestrzennej strukturze genetycznej, której analiza jest jednym z celów pracy. Proszę Doktorantkę o wyjaśnienie, w jakim celu analizowała

Ne i strukturę przestrzenną w zbiorze drzew matecznych sosny zwyczajnej? Jaki problem chciała rozwiązać? Czego chciała dowieść/na jakie pytania chciała odpowiedzieć podejmując badania? Uważam, że ocena polimorfizmu zastosowanych w pracy markerów to cele nadmiarowe (Cel 1 i 2), niepotrzebnie postawione w sytuacji tak standardowych markerów i wielu badań prowadzonych na sośnie z ich wykorzystaniem.

Rozdział „Materiały i Metody” jest dobrze skonstruowany i solidnie przedstawia wykorzystany materiał i metody badawcze. Widziałabym tej części, zamiast w „Dyskusji”, szersze uzasadnienie podziału badanego zestawu drzew matecznych sosny na wyłonione grupy/„populacje”. Podział zestawu drzew matecznych na 17 „populacji” jest uzasadniony praktycznym aspektem badań, natomiast podział na sześć populacji już mniej. Nie przekonuje mnie argument w postaci bardzo prostej definicji populacji czy też skupiskowe rozmieszczenie drzew matecznych będąca podstawą podziału na sześć grup. Kryterium klimatyczne lub/i geograficzne byłoby bardziej przekonujące. Podział nie musiałby odzwierciedlać dokładnie przebiegu granic wspomnianych krain przyrodniczo-leśnych, ale zbliżone warunki klimatyczne czy fizjograficzne. W opisie metod laboratoryjnych Doktorantka w sposób niewłaściwy podaje skład mieszanin reakcyjnych PCR i buforu izolacyjnego. Według przyjętych standardów procedur laboratoryjnych należy podawać stężenia końcowe poszczególnych składników, a nie ilość (nie ważne czy wyrażoną w gramach czy w mL). Dlaczego do analizy SSRs cpDNA Doktorantka wykorzystwała program STRUCTURE a nie BAPS, który jest odpowiedni do analizy struktury genetycznej z wykorzystaniem loci genomów haploidalnych?

„Wyniki” to najobszerniejsza część dysertacji zajmująca 54 strony opisu, tabel i rycin. Opis wyników jest jasny i przejrzysty. W związku z ogromną liczbą alleli w cpSSR, nie dziwi mnie ogromna liczba haplotypów. Zastanawia mnie, czy Doktorantka próbowała szukać struktury w badanej grupie osobników redukując liczbę loci chloroplastowych? Prace innych badaczy pokazują, że taka strategia może być bardziej efektywna. Zastanawiam się dlaczego w Tabeli 3.17 indeks N oznacza liczbę genotypów? Zazwyczaj jest to liczba osobników. Czy wartości N mówią o brakujących danych dla osobników? Praca doktorska w formie tradycyjnej dysertacji pozwala na przedstawianie wyników w sposób szczegółowy. Sądzę, że w Tabeli 3.21 prezentującej wyniki analiz przestrzennych Doktorantka mogła zawrzeć również parametry o liczbie par wzajemnych porównań w każdej z analizowanych klas dystansu (*#pairs*), odsetek wszystkich osobników



reprezentowanych co najmniej raz w przedziale ($%patric$) oraz współczynnik zmienności liczby reprezentacji każdego osobnika ($CV\ patric$), co pozwala sprawdzić czy wybrane dystancje spełniają wymogi analizy.

Dyskusja otrzymanych wyników jest obszerna i zajmuje 42 strony. Doktorantka podzieliła ją na części korespondujące do postawionych celów, co nadaje tej części przejrzystości, nie uniknęła jednak powtórzeń ze „Wstępu” (np. znowu charakteryzuje markery mikrosatelitarne). Doktorantka, przyjęła strategię porównywania swoich wyników do wyników osiągniętych przez innych badaczy i najczęściej nie poszukuje odpowiedzi na pytanie: dlaczego tak jest? O czym świadczy zbieżność lub rozbieżność wyników? Przytacza szczegółowo poszczególne sekcje swoich wyników i następnie omawia różne prace badaczy zajmujących się sosną w różnych częściach zasięgu podając uzyskane przez nich wartości parametrów. Niepotrzebnie w „Dyskusji” ponownie i tak szczegółowo prezentuje wyniki przed ich dyskutowaniem na tle innych badań i powinna raczej zorientować dyskusję na zaproponowanie przyczyn, mechanizmów które ukształtowały zmienność i zróżnicowanie populacji sosny i w jakim stopniu badany zestaw osobników nawiązuje do szerszego obrazu uzyskanego w wyniku dotychczasowych badań prowadzonych nad sosną. Nie zostało to to w „Dyskusji” wyraźnie wyartykułowane. Dopiero w „Dyskusji” odnajduję argumentację uzasadniająca konieczność podjęcia badań zawartych w dysertacji w odniesieniu do leśnictwa, co moim zdaniem powinno bezwzględnie znaleźć się we „Wstępie”. W „Dyskusji” Doktorantka nie odniosła się do podjętej we „Wstępie” kwestii wykorzystania badań genetycznych do ustalenia/weryfikacji stref/regionów nasiennych. Moje pytanie, dlaczego wyniki badań przeprowadzonych przez Doktorantkę nie mogą być podstawą do weryfikacji istniejącej regionalizacji nasiennej (poza faktem, że wyniki wskazują na brak struktury)? Co przemawia z utrzymaniem dotychczasowej regionalizacji i jakie inne analizy mogłyby zostać wykorzystane do ewentualnej weryfikacji przebiegu granic regionalizacji?

Pytanie do kwestii poruszonej w podrozdziale o polimorfizmie cpSSR: Jakie znaczenie dla wysokiej zmienności wewnątrzgatunkowej cpSSR ma pozycja filogenetyczna Pinaceae? I w jaki sposób intensywność przepływu genów wpływa na zmienność wewnątrzgatunkową cpSSR? A może jednak chodzi o zmienność wewnątrzpopulacyjną? Szkoda również, że w swoich rozważaniach na brakiem struktury nie odniosła się do pracy Wachowiak i in. 2022 (*Journal of Systematics*

and Evolution), który stanowiłyby doskonałe poparcie dla uzyskanych w pracy wyników.

Rozważania nad *Ne* prowadzone w niniejszej pracy zostały moim zadaniem niewystarczająco szczegółowo omówione - Doktorantka poświęciła tej kwestii $\frac{3}{4}$ strony z dziewięciu tego podrozdziału - podczas gdy jest to parametr bardzo istotny z punktu widzenia szacowania potencjału ewolucyjnego populacji. Dlaczego nie odniosła się Doktorantka do nowszej pracy sugerującej zmianę zasady 50/500 na 100/1000 i dyskusji na łamach *Biological Conservation* między Franklin i in. 2014 i Frankham i in. 2014? Zastanawia mnie również, co wspomniałam wcześniej, jakie jest uzasadnienie do wyliczenia *Ne* dla sztucznego zestawu osobników nie reprezentujących żadnego fizycznie istniejącego obiektu, np. plantacji nasiennej czy jak to jest czasem dokonywane, drzewostanów gatunków wprowadzonych do leśnictwa?

W odniesieniu do wyższego zróżnicowania genetycznego szacowanego na podstawie cpSSR niż nSSRs poza wpływem człowieka nie może to być wynik ogromnej liczby rzadkich lub prywatnych alleli/haplotypów? W podrozdziale o przestrzennej strukturze genetycznej Doktorantka dokonuje uzasadnienia na temat konieczności badania struktury przestrzennej i trafnie wskazuje jak jest ona ważna dla naturalnych populacji i co, na temat przebiegu procesów mikroewolucyjnych, można odczytać ze wzorca struktury przestrzennej. Nie podaje jednak, jak już to wcześniej wspomniałam w mojej recenzji, w jakim celu badała strukturę przestrzenną dla sztucznego zestawu osobników i w tak dużej skali geograficznej?

Najbardziej spójną częścią „Dyskusji” jest ostatni podrozdział prezentujący możliwości praktycznego wykorzystania badań Doktorantki. Zawiera on zestaw informacji o tym jak narzędzia genetyki molekularnej i metody analityczne genetyki populacyjnej oraz uzyskane wyniki mogą wesprzeć praktyków w programie hodowli i selekcji oraz pomagają weryfikować wpływ prowadzonej gospodarczy leśnej na populacje drzew. Wyraźnie wyczuwam swobodę wypowiedzi Doktorantki na ten temat, co niewątpliwie wyjaśnia duże doświadczenie zdobyte podczas pracy w LBG Kostrzyca. Jestem przekonana, że to ogromne doświadczenia i wiedza akademicka, którą Doktoranta zdobyła przygotowując swoją pracę doktorancką, zaowocują wzbogaceniem warsztatu zawodowego. Ostatnią uwagę kieruję pod adresem użytego sformułowania o „nieatrakcyjności” osiągniętego wyniku. Fakty naukowe to obiektywne i empirycznie zweryfikowane twierdzenia na



temat rzeczywistości, a fakt braku struktury i istotnego zróżnicowania jest atrybutem obserwowanej rzeczywistości w zakresie właściwości sosny zwyczajnej, co potwierdzają wyniki Doktorantki. Sosna zwyczajna to gatunek o tak szerokim zasięgu i tak intensywnym przepływie genów (częściowo wspomaganym przez człowieka), że nie dziwi fakt słabej struktury genetycznej w oparciu o markery neutralne. Ostatni pre-print na temat tego gatunku mówi nawet o paradoksie sosny zwyczajnej w kontekście braku struktury i nielicznych loci o znaczeniu adaptacyjnym pomimo znanych powszechnie lokalnych adaptacjach (Bruxaux i in. 2023, BioRxiv).

Podsumowując, praca doktorska mgr. Małgorzaty Pałuckiej dostarcza cennych z punktu widzenia praktyki leśnej informacji na temat zgromadzonych zasobów genowych drzew matecznych najważniejszego gatunku leśnego w naszym kraju. Nie przesadzę sądząc stwierdzając, że badania dostarczają krytycznej wiedzy dla funkcjonowania Zespołu Pracowni Badawczo-Wdrożeniowych LBG Kostrzyca i usług dostarczanych leśnictwu. Uważam, że przedstawiona do recenzji rozprawa doktorska, choć pozostawia wiele do życzenia, spełnia warunki określone w art. 13 Ustawy z dnia 14 marca 2003 roku o stopniach i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (T.J. Dz. U. 2017 poz. 1789) oraz w związku z art. 179 ust 1 Ustawy z dnia 3 lipca 2018 r. *Przepisy wprowadzające ustawę – Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce* (Dz. U. 2018 poz. 1669 ze zm.), w związku z tym wnoszę do Rady Dziedziny Nauk Ścisłych i Przyrodniczych Uniwersytetu Kazimierza Wielkiego w Bydgoszczy o **dopuszczenie Doktorantki** do dalszych etapów przewodu doktorskiego.

Dr hab. Monika Dering