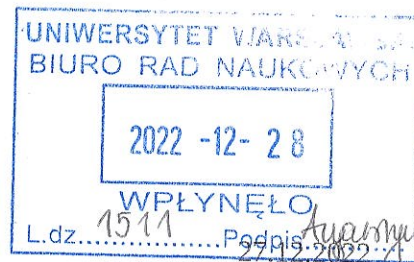


dr hab. inż. Witold Dyrka
Politechnika Wrocławska
witold.dyrka@pwr.edu.pl



Recenzja rozprawy doktorskiej¹

mgr. Łukasza Rączkowskiego

zatytułowanej:

Computational methods for analysis of the tumor microenvironment in histopathological images

1. Problem badawczy i jego znaczenie

Zasadniczym przedmiotem rozprawy doktorskiej Pana mgr. Łukasza Rączkowskiego jest zastosowanie metod automatycznej ekstrakcji cech obrazów, opartych na podejściu spłotowych sieci neuronowych (ang. *convolutional neural networks*, CNN), do segmentacji oraz klasyfikacji zdigitalizowanych próbek histopatologicznych, pobranych pod kątem diagnostyki onkologicznej. Badanie histopatologiczne tkanek jest fundamentalną metodą diagnostyczną w onkologii. Postępujący proces digitalizacji próbek stwarza coraz szersze możliwości rozwoju tzw. patologii cyfrowej, otwierając ważne pole zastosowań dla intensywnie rozwijającej się w ostatniej dekadzie automatycznej analizy obrazów metodami sztucznej inteligencji, przede wszystkim wykorzystującej tzw. głębokie uczenie. Praktyczne korzyści z komputerowego wspomaganie oceny próbek histopatologicznych obejmują nie tylko potencjalne skrócenie czasu analizy próbki (kluczowe przy niedostatecznej liczbie histopatologów) i poprawę powtarzalności wyników (co warunkuje doskonalenie protokołów diagnostycznych), ale także możliwość odkrywania niedostrzeżonych dotąd zależności, w tym względem innych źródeł diagnostycznych (obrazowanie medyczne, badania genetyczne). Jednocześnie próbki histopatologiczne wciąż stanowią wyzwanie dla komputerowej analizy obrazów: modelowane tkanki są złożone strukturalnie, a istotne diagnostycznie cechy mogą obejmować wiele skal opisu; kontrast próbek jest – mimo barwienia – dosyć ograniczony, a samo barwienie – trudne do pełnego ustandaryzowania. Nie ulega zatem wątpliwości, że mgr Rączkowski podjął znaczący (i fascynujący) problem badawczy z zakresu informatyki stosowanej o bardzo dużym znaczeniu praktycznym.

Dodatkowo rozprawa porusza problem wyszukiwania obrazów na podstawie zawartości (ang. *content-based image retrieval*, CBIR) w zastosowaniu do znajdowania podobnych produktów w ramach popularnej internetowej platformy zakupowej. Zagadnienie to jest, w mojej ocenie, luźno powiązane z zasadniczym tematem rozprawy o tyle, że oba dotyczą analizy zawartości obrazów.

¹ Wykorzystałem formularz recenzji stosowany przez Radę Dyscypliny Informatyka Techniczna i Telekomunikacja w Politechnice Poznańskiej.

2. Wkład autora

Pan mgr Łukasz Rączkowski wyszczególnił 5 zasadniczych i 12 szczegółowych aspektów wkładu prezentowanych prac do rozwiązania omówionych wyżej problemów badawczych (por. streszczenie, strona 1, oraz rozdział 1.3, strony 23–24). Poniżej syntetycznie przedstawię najważniejsze, w mojej ocenie, oryginalne rozwiązania opisane w rozprawie.

Wkład opisany w rozdziale 2 rozprawy obejmuje opracowanie i wdrożenie algorytmu podpowiadającego podobne alternatywne produkty klient(k)om oglądającym sukienki w serwisie zakupowym allegro.pl. Wyszukiwanie podobnych sukienek odbywa się na podstawie niskopoziomowych cech obliczanych dla głównych zdjęć ofert markowych produktów. Testowane było wykorzystanie – znanych z literatury – pięciu cech i ich kombinacji oraz trzech miar odległości; ewaluacja odbywała się pod kątem kryterium *mean average precision* w odniesieniu do tekstowych opisów ofert oraz subiektywnej oceny użytkowników testowych. Wyniki dla algorytmu wykorzystującego automatyczny korelogram kolorów oraz odległość Tanimoto były na tyle dobre, że zostały wdrożone. Ponadto wyniki projektu zostały zaprezentowane w pracy pt. *Visual Recommendation Use Case for an Online Marketplace Platform – allegro.pl* opublikowanej w materiałach konferencji SIGIR w 2016 roku (ranking konferencji: CORE A*), dla której Google Scholar wykazuje 7 cytowań obcych. Pierwszym współautorem tej pracy jest dr Anna Wróblewska z Allegro Group; niestety nie znalazłem informacji precyzyjnie określającej wkład Doktoranta, ani w rozprawie, ani w artykule.

Zasadniczego tematu badawczego rozprawy dotyczy kolejny wkład, którym jest opracowanie koncepcji ARA i architektury ARA-CNN, która umożliwia tzw. aktywne uczenie splotowej sieci neuronowej w oparciu o ocenę niepewności przewidywań w zadaniach klasyfikacji wieloetykietowej fragmentów obrazów histopatologicznych pochodzących od pacjentów z nowotworami (rozdział 3). Proponowane podejście odpowiada m.in. na ważny i realny problem napotykaną przy głębokim uczeniu z obrazów histopatologicznych: niedostateczną dla efektywnego treningu liczbę precyzyjnie opisanych (oznaczonych) obrazów. Metoda opiera się o znaną z literatury koncepcję wariacyjnego dropoutu, tj. szacowania niepewności przewidywania dzięki wykorzystaniu losowo inicjowanych warstw dropout sieci neuronowej na etapie predykcji. W przypadku analizy tkanek pobranych od pacjentów z nowotworem jelita grubego (rozdział 3), w procedurze walidacji krzyżowej mgr Rączkowski otrzymał bardzo wysokie wyniki ilościowe (dokładność wieloetykietowa ok. 92% i binarna ok. 99%), przewyższające standardowe metody klasyfikacji oparte o predefiniowane zestawy cech i przynajmniej równie dobre jak alternatywne metody wykorzystujące CNN. Autor wykazał przy tym, że iteracyjne dodawanie do zbioru uczącego fragmentów należących do klas, które w poprzedniej iteracji charakteryzowała najniższa pewność predykcji, może dwukrotnie przyspieszyć proces uczenia i w tym samym wymiarze ograniczyć liczbę koniecznych do oznaczenia fragmentów – w stosunku do bazowego podejścia opartego na dodawaniu losowych fragmentów. Ponadto Autor wykazał, że ocena niepewności przewidywania może również wskazać niepoprawnie oznaczone fragmenty w zbiorze uczącym. W przypadku analizy tkanek pobranych od pacjentów

W)

z nowotworem płuc (rozdział 4), w procedurze walidacji krzyżowej model ARA-CNN również uzyskał wysokie wyniki ilościowe (średnia dokładność binarna 85%, pole pod krzywą ROC 94%). Podsumowując, badania nad oryginalnym modelem ARA-CNN stanowią bardzo wartościowy wkład w rozwiązanie problemu automatycznej klasyfikacji tkanek w onkologicznej patologii cyfrowej. Co ważne, określenie niepewności przewidywania jest powszechnie uważane za istotne kryterium użyteczności metody predykcyjnej. O pozytywnej recepcji wyników projektu świadczy m.in. imponująca liczba 79 cytowań (wg Google Scholar) pracy z 2019, prezentującej zasadniczą część wyników, pt. *ARA: accurate, reliable and active histopathological image classification framework with Bayesian deep learning*, opublikowanej w periodyku Scientific Reports. Pewną trudność napotyka precyzyjne określenie indywidualnego wkładu mgr Rączkowskiego w przedstawione badania. Z jednej strony omawiana rozprawa przypisuje Doktorantowi współautorstwo architektury ARA-CNN i podejścia ARA (rozdział 1.3, wkład 2; rozdział 3.4.1), z drugiej strony jednak opis wkładów autorskich ww. pracy wskazuje mgr. Marcina Możejko jako autora koncepcji projektu (wspólnie z prof. Ewę Szczurek) oraz architektury ARA-CNN, mgr Rączkowskiemu – będącemu jednak pierwszym autorem – przypisując wkład polegający na przeprowadzeniu eksperymentów obliczeniowych i analizie danych, nieokreślonym wkładzie do modelu, a także implementację architektury i wizualizacje (wraz z mgr. Możejko) oraz napisanie artykułu (wspólnie z Promotor, prof. Szczurek).

Tytułowych analiz mikrośrodowiska guza nowotworowego dotyczy kolejny wkład prezentowanego w rozprawie programu badawczego. W tym zakresie zaproponowane zostały rozwiązania umożliwiające automatyczną segmentację slajdu histopatologicznego oraz oryginalne wskaźniki ilościowe obliczane na podstawie segmentacji, a także przeprowadzone zostały eksperymenty weryfikujące korelację tych wskaźników z danymi genetycznymi oraz przeżywalnością pacjentów. Początkowo zastosowano prosty algorytm segmentacji przypisujący fragmentom slajdu histopatologicznego klasę tkanki przewidzianą przez wyuczony model ARA-CNN, stosując następnie filtr Gaussa do wygładzania segmentacji (rozdział 3). W kolejnych badaniach (rozdział 4) testowano korektę segmentacji metodą warunkowych pól losowych, uzyskując jednak średnio tylko niewielką poprawę dokładności (1 punkt proc. na slajd). Pomimo niezbyt spektakularnych wyników zbadanie tego kierunku rozwoju modelu należy uznać za wartościowe. Warto zauważyć, że w trakcie powyższych prac powstały dwa upublicznione zbiory danych: LubLung zawierający ponad 23 000 fragmentów pochodzących od 55 pacjentów z nowotworami płuc oraz SegLungTCGA zawierający automatyczną segmentację prawie 500 slajdów z bazy The Cancer Genome Atlas. Na bazie segmentacji opartej o klasyfikację fragmentów obrazu zaproponowano dwa nowe wskaźniki ilościowo opisujące mikrośrodowisko guza (rozdział 4), które można opisać jako profil występowania tkanek danego typu na slajdzie (ang. *tissue prevalence*, TIP) oraz profil sąsiedztwa tkanki guza (ang. *tumor microenvironment composition*, TMEC). Wartości niektórych składowych tych profili wykazały statystycznie istotne różnice pomiędzy grupami pacjentów o wysokiej i niskiej przeżywalności, a profile jako całość wносиły wartość dodaną do oceny ryzyka pacjenta (c-indeks Harrella) w stosunku do znanych parametrów klinicznych i genetycznych (eksperymenty przeprowadzone wspólnie z mgr.

W

Michałem Kukiełką). Jednocześnie Autor wykazał, że wskaźniki TIP i TMEC w połączeniu z podstawowymi informacjami klinicznymi niosą pewną wartość predykcyjną względem mutacji powiązanych z występowaniem raka płuc. Część opisanych wyżej wyników została niedawno opublikowana w czasopiśmie BMC Cancer w wieloautorskiej pracy pt. *Deep learning-based tumor microenvironment segmentation is predictive of tumor mutations and patient survival in non-small-cell lung cancer*, przy czym wkład Autora niniejszej rozprawy polegał na przeprowadzeniu eksperymentów, analiz i wizualizacji, a także na udziale w opracowaniu koncepcji badań, koordynacji procesu aktywnego uczenia oraz pisaniu manuskryptu (w tym ostatnim przypadku wspólnie z prof. Ewą Szczurek).

3. Poprawność

Aspekt merytoryczny

Ogólną wartość naukową przedstawionej rozprawy oceniam zdecydowanie wysoko. Trudne zagadnienie automatycznej analizy zdjęć histopatologicznych zostało podjęte w ramach zespołu obejmującego nie tylko informatyków, ale także przedstawicieli nauk biologicznych i medycznych. W szczególności Autor rozprawy ściśle współpracował z histopatologami w ramach procedury uczenia aktywnego, której implementację współtworzył. Współpraca ta z pewnością stanowiła cenny aspekt w rozwoju naukowym Doktoranta w zakresie informatyki stosowanej w medycynie.

W procesie tworzenia modelu ARA-CNN i jego usprawnień, maszynowego uczenia, a także walidacji oraz testowania, Autor rozprawy wykorzystał szerokie spektrum metod i narzędzi – przede wszystkim informatycznych i statystycznych. W naturalny sposób część metod należy do głównego nurtu głębokiego uczenia w analizie obrazów (model CNN, metody regularyzacji, optymalizator, ...), inne stanowią mniej oczywiste kierunki eksploracji ogólnej problematyki (wariacyjny dropout, warunkowe pola losowe, ...), a jeszcze inne są specyficzne dla podjętego zadania (ilościowa ocena mikrośrodowiska guza, ocena korelacji z ryzykiem pacjenta). Dobór metod i narzędzi został dobrze uzasadniony i nie budzi moich wątpliwości, a zademonstrowana umiejętność operowania tak szerokim ich zasobem jest na poziomie pracy doktorskiej nawet nie tyle adekwatna, co wręcz wyróżniająca.

Moje uznanie budzi również szeroki zakres eksperymentów obliczeniowych i raportowanych wyników w zasadniczych wątkach pracy dotyczących analizy obrazów histopatologicznych. Na przykład, w eksperymentach dotyczących raka jelita grubego, Autor – oprócz kluczowych wyników streszczonych powyżej – m.in. przedstawia otrzymane filtry konwolucyjne (Rys. 3.8), omawia przykłady segmentacji (Rys. 3.11) oraz bada wpływ niepoprawnych etykiet danych uczących na wyniki modelu (Rys. 3.12). W eksperymentach dotyczących raka płuc, Autor m.in. szuka optymalnego rozmiaru fragmentu ślajdu, analizuje jakość przewidywań z podziałem na rodzaje tkanek (Tab 4.1–4.3), stosuje kilka wskaźników, aby wykazać

korelację proponowanych miar oceny mikrośrodowiska guza z ryzykiem pacjenta (Rys. 4.7). Analizy ilościowe są uzupełniane analizami jakościowymi, wykonanymi przy udziale specjalistów, które stanowią próbę interpretacji wyników w odniesieniu do wiedzy medycznej. Całość przedstawionych analiz stwarza pozytywne wrażenie nieodzownej w nauce systematyczności i uważności.

W dalszym ciągu chciałbym przedstawić uwagi krytyczne, czy też wątpliwości, które pojawiają się podczas lektury rozprawy doktorskiej mgr. Łukasza Rączkowskiego. Tak w przypadku uczenia modelu ARA-CNN na zbiorze Kathera, jak i na zbiorze LubLung, nie zauważyłem wzmianki o zadbaniu, by fragmenty pochodzące z tego samego skrawka tkanki czy od tego samego pacjenta, lub choćby jedynie te sąsiadujące ze sobą na slajdzie, nie trafiły jednocześnie do zbioru uczącego i testowego. Oczywiście niektóre sąsiadujące fragmenty mogą znacząco różnić się co do zawartości, inne jednak mogą być bardzo podobne. Ta ostatnia sytuacja może być interpretowana jako przeciek informacji pomiędzy danymi uczącymi a testowymi. Przyjęcie artykułów Autora świadczy o tym, że taka metoda jest akceptowana przynajmniej przez część środowiska. Osobiście oczekiwałbym jednak przynajmniej weryfikacji wyników z wykorzystaniem slajdów pacjentów nie wchodzących w skład próbki uczącej. Można to zrobić odpowiednio konstruując podziały zbiorów w walidacji krzyżowej oraz testując na niezależnym zbiorze slajdów. To drugie rozwiązanie umożliwiłoby także ocenę, na ile bardzo wysoka dokładność klasyfikacji fragmentów na zbiorze Kathera będzie utrzymana na slajdach jelita grubego pochodzących z innego ośrodka; a jest to przecież warunkiem dla praktycznych zastosowań metody. Taka ocena nie została także w sposób systematyczny dokonana dla slajdów tkanek płucnych, chociaż w tym przypadku dokonano swego rodzaju oceny „gruboziarnistej” (na poziomie slajdów, a nie fragmentów), gdy model trenowany na zbiorze LubLung zastosowano do segmentacji zbioru TCGA (po transformacji Reinhardta) raportując nieprawidłowe wyniki tylko dla ok. 4% slajdów (rozdział 4.3.3).

Zastanawiające są obrazy filtrów modelu ARA-CNN dla zbioru Kathera prezentowane na Rys. 3.8 i omówione w rozdziale 3.5.1: większa część z nich wydaje się chaotyczna, co kontrastuje z filtrami AlexNet dla „naturalnych” obrazów ze zbioru ImageNet. Autor rozprawy tłumaczy to bardziej złożoną naturą barwionych slajdów histopatologicznych, co jednak nie wydaje się dość przekonujące. Chaotyczny charakter filtrów może wynikać także z ich niewielkiego faktycznego wykorzystywania przez sieć, której architektura może być wręcz zbyt złożona. Ewentualnie sieć może wykorzystywać tylko zagregowane właściwości danego filtra (typu średnia intensywność). Rzeczywiście bardzo wysokie wyniki predykcji raportowane dla wielu różnych metod (Tab. 3.1) sugerują, że modelowany problem może być relatywnie prosty. Jak wiadomo, istnieją techniki pozwalające analizować odpowiedź filtra na otrzymany obraz, czy też identyfikować obszary obrazu decydujące o ich klasyfikacji. Ich zastosowanie pomogłoby lepiej zrozumieć charakter otrzymanych filtrów. Jeśli tradycyjna architektura sieci CNN okazałaby się nieadekwatna, to wartościowa byłaby analiza potencjału modyfikacji oraz alternatyw zastosowanego modelu (w rozdziałach 4.5 i 5 Autor rozprawy zaledwie sugeruje architekturę Vision Transformer).

ly

W rozdziale 2, w ramach ogólnie interesujących testów z udziałem niewielkiej grupy użytkowników ograniczono się do sprawdzenia tylko wybranych kombinacji cech niskopoziomowych i kierunków uwagi testerów. Wydaje się, że pominięte, mniej intuicyjne pary (np. cecha ACC-C/uwaga na wzór; cecha EH-C/uwaga na kolor) miały potencjał stanowić wartościowe grupy kontrolne. W streszczeniu (strona 1) Autor rozprawy wskazuje, że realizacja projektu pokazała, że zastosowanie tradycyjnych niskopoziomowych cech obrazu jest ograniczone brakiem pojemności semantycznej. Wydaje się, że relatywnie wąski zakres projektu pozwala traktować przedstawione wyniki co najwyżej jako ilustrację problemu.

Aspekt formalny

Rozprawa doktorska mgr. Łukasza Rączkowskiego została napisana w języku angielskim w formie monografii zawierającej materiały częściowo opublikowane w latach 2016–2022. Rozdział 2 dotyczy projektu dla Allegro Group opisanego wcześniej w pracy pt. *Visual Recommendation Use Case for an Online Marketplace Platform – allegro.pl* (SIGIR 2016), której pierwszym autorem jest dr Anna Wróblewska. Niestety ani rozprawa, ani publikacja nie precyzują wkładu autorskiego. Treść rozdziału jest znacznie zmieniona i poszerzona w stosunku do publikacji, w szczególności w zakresie opisu metod. Nie jestem przekonany o celowości zamieszczania w rozprawie tego rozdziału, ponieważ jego powiązanie merytoryczne z głównym tematem pracy jest luźne.

W moim przekonaniu zawartość rozdziałów 3–4 stanowi zupełnie wystarczającą podstawę rozprawy. W zakresie opisu metod i wyników rozdziały te są w dużej mierze tożsame z tekstami publikacji, na których opierają się, tj. pracy ARA: *accurate, reliable and active histopathological image classification framework with Bayesian deep learning* w *Scientific Reports* (2019) oraz pracy *Deep learning-based tumor microenvironment segmentation is predictive of tumor mutations and patient survival in non-small-cell lung cancer* w *BMC Cancer* (2022). Należy przy tym zauważyć, że w obu przypadkach mgr Łukasz Rączkowski jest pierwszym autorem i – według opisu wkładu załączonego do artykułów – jedynym, obok Promotor prof. Ewy Szczurek, współautorem tekstu.

Rozdział 1.3 przedstawia 12 szczegółowych aspektów wkładu przedstawionej rozprawy, jednak porównanie z wykazami wkładu autorskiego w ww. publikacjach nie pozwala z całą pewnością ocenić zakresu wkładu Autora w niektóre z nich. W szczególności doprecyzowania wymaga rola Doktoranta w zakresie systemu CBIR dla Allegro (punkt 1) oraz opracowania architektury ARA-CNN (punkt 2). Wykazy wkładu autorskiego w publikacjach nie wskazują także osób odpowiedzialnych za przedstawienie propozycji wskaźników TIP i TMEC (punkt 10) oraz opracowanie metodologii eksperymentów (dot. punktów 4–6, 11). W niniejszej recenzji zakładam, że aspekty te zawierają znaczny osobisty wkład Doktoranta także w ujęciu koncepcyjnym i projektowym, mając na uwadze, że mgr Łukasz Rączkowski był wykonawcą eksperymentów oraz pierwszym autorem prac odpowiedzialnym również za przygotowanie manuskryptów.

Podsumowując, uważam, że opis wkładu autorskiego powinien zostać doprecyzowany.

Ly

Aspekt redakcyjny

Rozprawa doktorska mgr. Łukasza Rączkowskiego liczy 143 stron, 30 rysunków oraz 7 tabel. Poziom językowy oraz redakcyjny pracy jest bardzo wysoki. Bardzo drobnym (choć irytującym) mankamentem jest nagminne używanie łącznika (dywiza) zamiast (pół)pauzy. Zwraca też uwagę nieostry rysunek 2.4, co może być jednak celowym zabiegiem częściowo maskującym informacje o charakterze komercyjnym na zrzucie ekranu. Wśród innych niewielkich mankamentów brakuje definicji precyzji (wzór 2.9, strona 36), natomiast definicje zbiorów P, N, TP i TN w rozdziale 3.5.4 są niejasne (strony 66–67). Wydaje się również, że niektóre dłuższe akapity w rozdziałach poświęconych analizie wyników zyskałyby większą przejrzystość, gdyby podzielić je na krótsze sekcje lub paragrafy o tytułach wskazujących na główne wnioski. Tego typu podział został z dobrym skutkiem zastosowany np. w rozdziałach 3.2 lub 4.3.

Trudno oprzeć się wrażeniu, że optymalna dla omawianej rozprawy byłaby forma zbioru dwóch artykułów dot. patologii cyfrowej (przy precyzyjnym wskazaniu wkładów autorskich) opatrzonej syntetycznym wprowadzeniem.

4. Wiedza kandydata

Ogólny stan wiedzy w zakresie problematyki rozprawy został przedstawiony w rozdziale 1, który obejmuje zarówno zagadnienia dotyczące uczenia maszynowego, jak i niezbędne pojęcia dotyczące onkologii. Wiedza dziedzinowa jest dodatkowo prezentowana w początkowym podrozdziale rozdziałów 2–4. Ponadto dedykowane podrozdziały opisują metodologię każdego z eksperymentów. I tak podrozdział 2.3 przedstawia zestaw niskopoziomowych cech obrazu oraz miary odległości pomiędzy wektorami cech; podrozdział 3.2 omawia podstawowe pojęcia głębokie uczenie, a podrozdział 3.4 – architekturę ARA-CNN; wreszcie podrozdział 4.3 m.in. wprowadza wskaźniki opisujące występowanie tkanek oraz warunkowe pola losowe. Jest to zatem szeroki zakres zagadnień wskazujący na dużą wiedzę mgr. Rączkowskiego w zakresie informatyki stosowanej. Przy tym zagadnienia stanowiące szczególny obszar zainteresowań niniejszej pracy są umówione bardziej szczegółowo, wykraczając poza wiedzę konwencjonalną. Bibliografia obejmuje 222 pozycje (w tym ponad 40 preprintów z serwisów arXiv i bioRxiv), z czego ponad 190 datowanych, z lat 1949–2022 (ok. $\frac{3}{4}$ od 2014 roku); w moim przekonaniu jest ona zdecydowanie adekwatna. Dodatkowym potwierdzeniem teoretycznej wiedzy Kandydata w zakresie dyscypliny Informatyka jest umiejętność praktycznego wykorzystania szerokiego spektrum właściwie dobranych metod.

W

5. Podsumowanie

Biorąc pod uwagę opinie zaprezentowane w poprzednich punktach i wymagania zdefiniowane przez artykuł 187 ust. 1 i 2 Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (tekst jednolity: Dz.U. 2022 r. poz. 574 z późniejszymi zmianami) moja ocena rozprawy pod względem trzech podstawowych kryteriów jest następująca:

A. Czy rozprawa doktorska prezentuje ogólną wiedzę teoretyczną kandydata w dyscyplinie Informatyka?

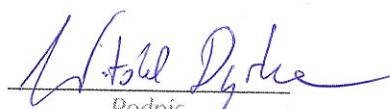
<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Zdecydowanie TAK	Raczej TAK	Trudno powiedzieć	Raczej NIE	Zdecydowanie NIE

B. Czy rozprawa doktorska prezentuje umiejętność samodzielnego prowadzenia pracy naukowej?

<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Zdecydowanie TAK	Raczej TAK	Trudno powiedzieć	Raczej NIE	Zdecydowanie NIE

C. Czy rozprawa doktorska przedstawia oryginalne rozwiązanie problemu naukowego albo oryginalne rozwiązanie w zakresie zastosowania wyników własnych badań naukowych w sferze gospodarczej lub społecznej?

<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Zdecydowanie TAK	Raczej TAK	Trudno powiedzieć	Raczej NIE	Zdecydowanie NIE


Podpis