

**WYDZIAŁ NAUK BIOLOGICZNYCH****MUZEUM PRZYRODNICZE**ul. H. Sienkiewicza 21
50-335 Wrocław

tel. +48 71 375 41 45

mp@uwr.edu.pl | muzeum-przyrodnicze.uni.wroc.pl

Wrocław, 18-07-2023

Recenzja w postępowaniu habilitacyjnym Pana dr. Macieja Krzysztofa Konopińskiego**OCENA OSIĄGNIĘĆ NAUKOWYCH ORAZ DOROBKU NAUKOWEGO, DYDAKTYCZNEGO I ORGANIZACYJNEGO W POSTĘPOWANIU HABILITACYJNYM****Ocena osiągnięć naukowych w kontekście ich wkładu w rozwój określonej dyscypliny – nauki biologiczne**

Jako osiągnięcie naukowe stanowiące podstawę do ubiegania się o nadanie tytułu doktora habilitowanego dr Maciej K. Konopiński przedstawia cykl sześciu artykułów opublikowanych w latach 2007-2022, który opatrzyl wspólnym tytułem: „Mechanizmy ewolucyjne kształtujące różnorodność genetyczną gatunków w procesie ekspansji”. Wszystkie prace zostały opublikowane w czasopismach odnotowanych w bazie JCR Thomson Reuters: Journal of Fish Biology, $IF_{2007}=1.404$, (przedmiotowa praca została zacytowana 9 razy), PlosOne $IF_{2013}= 3,534$, (publikacja cytowana 5 razy), dwukrotnie Evolutionary Applications, $IF_{2019}= 4,013$, $IF_{2022}= 4,929$ (starsza z publikacji była cytowana 4 razy, młodsza nie doczekała się jeszcze cytowania), Hystrix. The Italian Journal of Mammalogy, $IF_{2022}= 1,796$, PeerJ, $IF_{2020}= 2,984$. W rankingu czasopism prowadzonym przez w/w bazę znajdują się one w kwartylach Q1 lub Q2 w dziedzinach ściśle biologicznych. W odniesieniu do formalnego rankingu czasopism dorobek przedstawiony jako osiągnięcia naukowe jest bardzo dobry. Dodać należy fakt, że czasopisma JFB i PlosOne w latach publikowania miały wyższy prestiż niż obecnie i opublikowanie w nich artykułu było wówczas uważane za duży sukces w środowisku naukowym związanym z biologią środowiskową.

W jednej publikacji Habilitant jest jedynym autorem (PeerJ), w pracach współautorskich jest czterokrotnie autorem pierwszym, a raz drugim. Z pozycji Habilitanta na liście autorów, jak i z jego deklaracji oraz oświadczeń współautorów wynika, że jego udział w powstaniu tych publikacji był wiodący, lub co najmniej niezbędny. Każdorazowo był on odpowiedzialny za planowanie koncepcji badań, przeprowadzenie analiz statystycznych, lub bioinformatycznych, pisanie manuskryptu i trzykrotnie za wykonanie analiz laboratoryjnych. Chociaż pozostali współautorzy partycypowali w tych działaniach, istotny wkład Habilitanta w powstanie dzieła naukowego nie wzbudza moich wątpliwości.

Oddźwięk jaki do tej pory został odnotowany w dyscyplinie nauk biologicznych daje się łatwo ocenić w przypadku dwóch najdawniej opublikowanych prac, gdzie przedmiotem badań były ryby (lata publikacji 2007 i 2013) oraz często cytowanej pracy z 2020 roku, na temat metodyki pomiaru poziomu zmienności genetycznej. Publikacje dotyczące brzanki i brzany, doczekały się łącznie 13 cytowań (bez auto-cytowania). Nie jest to wysoka liczba biorąc pod uwagę cenzus czasowy powstawania prac. Trudno jednak oczekiwać, że zagadnienia skupiające się na genetyce populacji i

WYDZIAŁ NAUK BIOLOGICZNYCH

MUZEUM PRZYRODNICZE
ul. H. Sienkiewicza 21
50-335 Wrocław

tel. +48 71 375 41 45

mp@uwr.edu.pl | muzeum-przyrodnicze.uni.wroc.pl

hybrydyzacji u mało znanego gatunku ryby *Barbus carpathicus*, o zasięgu występowania ograniczonym do zaledwie kilku krajów Europy Centralnej, bez znaczenia komercyjnego czy modelowego, spotka się z dużo większym zainteresowaniem środowiska naukowego. Na plus należy zapisać fakt, że wyniki opublikowane przez Habilitanta są wciąż aktualne. Nikt nie zaproponował alternatywnych scenariuszy filogeograficznych, ani mechanizmów jakie miałyby stać za aktualną dystrybucją i strukturą genetyczną tych gatunków. Większość publikacji cytujących te dwa artykuły dotyczy filogeografii słodkowodnych ryb europejskich, czy też hybrydyzacji u ryb karpiowatych, zwłaszcza w rodzaju *Barbus*. Najmłodsza z prac cytujących prace o brzance pochodzi z 2018 roku, a jej treść jest bardziej generalna – traktuje o bioróżnorodności. Z jednej strony wskazuje ona na aktualność wyników ogłoszonych przez Habilitanta, a z drugiej na ich uniwersalność.

Jednoautorska praca dotycząca metodyki obliczania zmienności genetycznej z użyciem popularnego wskaźnika w ekologii zespołów (Shannon index) opublikowana w PeerJ w roku 2020 odciska silne piętno na najnowszych badaniach biologicznych. W dniu składania autoreferatu przez Habilitanta baza JCR Thomson Reuters odnotowała 27 cytowań, a w dniu pisania niniejszej recenzji było ich już 42 (bez autocytowań); przy czym wykorzystana została ona nie tylko w pracach dotyczących genetyki populacji, ale i w takich naukach jak geoekologia, farmakologia, medycyna (mikrobiota), medycyna weterynaryjna, mikrobiologia, akwakultura czy biotechnologia. Co najmniej w trzech pracach (nie wszystkie prace zostały przeze mnie pod tym kątem sprawdzone) rozwiązanie zaproponowane przez dr. Konopińskiego zostało bezpośrednio wykorzystane w ich metodyce, a nie tylko potraktowane jako przyczynek do dyskusji.

Trudniej ocenić wkład w rozwój nauki wyniki badań Habilitanta prowadzone na ssakach (publikacje z lat 2019 – 2022). Tylko jedna ze wskazanych publikacji (najstarsza) doczekała się pewnego oddźwięku – dwa cytowania (bez autocytowania kogoś z zespołu, w którym prace te powstały). W jednej z cytujących publikacji, o podobnej tematyce (geny MHC u gatunku inwazyjnego) porównano wyniki własne do przedstawionych w dziele Habilitanta. Druga – praca przeglądowa - wzmiankuje je w kontekście zagadnień generalnych - metabarcoding na różnych poziomach organizacji biologicznej. Dwie pozostałe prace o ssakach powstały tak niedawno, że z oczywistych względów nie zostały jak dotąd zacytowane, dlatego ich wartości nie można na razie ocenić używając tego wskaźnika.

Ocena merytoryczna osiągnięć naukowych stanowiących cykl tematyczny

W przedstawionym osiągnięciu naukowym łatwo daje się wyszczególnić trzy komponenty, rozdzielne zarówno jeśli chodzi o objekty badawcze jak i częściowo przez zastosowaną metodykę. Pierwszy przedstawia badania mające na celu określenie struktury genetycznej (w profilach mikrosatelitarnych i wybranych markerach mitochondrialnego DNA) słodkowodnego gatunku ryby - brzanki (*B. carpathicus*) i mechanizmów, które za nią stoją (przedstawione w autoreferacie jako prace H1 i H2). Drugi skupia się na dwóch gatunkach ssaków: inwazyjnym na terenie Europy drapieżniku jakim jest szop pracz (*Procyon lotor*) i jego zmienności genetycznej w głównym układzie zgodności tkankowej (H3, H4), oraz na innym ekspansywnym ssaku – dziku (*Sus scrofa*) (H5); w ostatnim przypadku ponownie badano zmienność zestawu markerów mikrosatelitarnego DNA. Jako trzeci komponent cyklu habilitacyjnego przedstawiono do oceny pracę o charakterze metodycznym, w której

zaproponowano poprawkę do klasycznego indeksu stosowanego do oceny różnorodności biologicznej (indeks Shannon'a) na poziomie genetyki populacji (H6).

Celem łączącym powyższe badania wchodzące w skład osiągnięcia „było zbadanie mechanizmów ewolucyjnych kształtujących poziom zmienności genetycznej u gatunków dokonujących ekspansji”.

Pojęcie gatunków dokonujących ekspansji zostało zdefiniowane przez Habilitanta w sposób bardzo szeroki. W pracach H1 i H2 odnosi się ono do postglacjalnej rekolonizacji odtwarzających się systemów rzecznych Wisły, Dniestru i Dunaju w perspektywie tysięcy lat. W pierwszej z prac tytułowa „różnorodność genetyczna” była poszukiwana w zmienności markerów mikrosatelitarnego DNA u kilku populacji brzanki zamieszkujących wschodnią część polskich Karpat. Wykazano (raczej wstępnie, z uwagi na niewielki obszar poddany próbkowaniu) klinalny spadek zmienności od zachodu na wschód, zgodnie z sugerowanym kierunkiem migracji tego gatunku. Hipoteza ta została potwierdzona w kolejnej pracy (H2), w której analizę neutralnych markerów mikrosatelitarnych wzbogacono o trzy markery adaptacyjne, należące do genomu mitochondrialnego. Przedstawiono tam szczegółową strukturę genetyczną tego gatunku, przypuszczalną lokalizację refugium glacialnych i możliwe szlaki ekspansji holoceniowej. Wskazano mechanizmy stojące u podstaw tych scenariuszy, takie jak kilkakrotne przejście populacji założycielskich przez szyjkę od butelki, wyskalowano je w czasie bezwzględny metodą zegara molekularnego. Udokumentowano też zjawisko obniżonej różnorodności na poziomie molekularnym w populacjach krańcowych. Praca ta została oparta o precyzyjny i zaawansowany aparat analityczny. Z pewnością można wskazać jej nowatorstwo polegające na zweryfikowaniu istniejących i zaproponowaniu nowych hipotez z zakresu filogeografii niemodelowego gatunku kręgowca wodnego.

W badaniach należących do drugiego komponentu dzieła ekspansja gatunków jest rozumiana jako gwałtowne, liczone zaledwie w dziesiątkach lat, indukowane przez człowieka epizody inwazji zwierząt na obce sobie biogeograficznie obszary (szopa prac), lub adoptujące się do nowych siedlisk (dzik). W przypadku badań dzika przystosowującego się do siedlisk synantropijnych i ściśle miejskich (H5) zmienność genetyczna jest oceniana ponownie poprzez analizę alleli mikrosatelitarnego DNA. Celem pracy jest wykrycie mechanizmów kształtujących strukturę genetyczną populacji dzika w okolicach Krakowa. Pośród kilku rezultatów warto wskazać ten, który odnosi się do tytułu dzieła habilitacyjnego. Stwierdzono daleko idącą specyfikę i obniżoną zmienność w badanych loci mikrosatelitarnych w populacjach pozostających pod wzmoczoną presją człowieka. W ocenie autora wynik ten jest zgodny z uniwersalną hipotezą o obniżaniu różnorodności genetycznej populacji zwierząt będących w ekspansji, a jednym z mechanizmów, który mógłby być za to odpowiedzialny jest modyfikacja behawioru pod wpływem stałych interakcji z człowiekiem. Nie jest jednak wyjaśniony związek mechanizmu behawioralnego z poziomem zmienności nieadaptacyjnego regionu DNA (ani w publikacji ani w autoreferencie), przez co ta odważnie postawiona teza wydaje się nieco spekulatywna.

Badania inwazji północnoamerykańskiego szopa pracza introdukowanego na terenach Europy koncertują się na poszukiwaniu różnic w poziomach zmienności genetycznej w adaptacyjnym obszarze DNA (prace H3 i H4), chociaż badania mikrosatelitarnego DNA były również przeprowadzone jako punkt odniesienia (H4). Specyfika profili mikrosatelitarnych populacji

**WYDZIAŁ NAUK BIOLOGICZNYCH****MUZEUM PRZYRODNICZE**ul. H. Sienkiewicza 21
50-335 Wrocław

tel. +48 71 375 41 45

mp@uwr.edu.pl | muzeum-przyrodnicze.uni.wroc.pl

autochtonicznych i inwazyjnych szopa pracza była jednak już wcześniej rozeznana, a prezentowane badania tylko je potwierdziły i uzupełniły. W odniesieniu do rodziny genów MHC autorzy zastosowali metodykę sekwencjonowania wysokoprzepustowego. W pracy H3, przy zastosowaniu technologii Illumina analizie poddano fragment egzonu, który koduje aminokwasy odpowiedzialne za rozpoznawanie antygenów. Stwierdzono w nim wyraźnie mniejszą liczbę alleli u populacji dokonujących inwazji w Europie niż w populacjach natywnych. Zaobserwowano też zmienność klinalną ze spadającym bogactwem allelicznym w gradiencie zachód-wschód, co odzwierciedla kierunek współczesnej inwazji szopa pracza w Europie i odpowiada wcześniejszym obserwacjom na poziomie markerów neutralnych (mikrosatelitarnych). Analiza polimorfizmów pojedynczych nukleotydów (SNP) wykazała jednak, że zmienność na tym poziomie jest porównywalna między populacjami. Doprowadziło to autorów pracy do bardzo ciekawej konkluzji o wybiórczym zachowywaniu alleli o dużym zróżnicowaniu sekwencji w populacjach szopów pochodzących z introdukcji. Wniosek ten został poparty poprzez skonstruowanie odpowiedniego modelu matematycznego. W pracy H4 badano geny odporności wrodzonej, która jest pierwszą linią obrony jeszcze przed wykształceniem odporności nabytej. W tym celu uzyskano najpierw transkryptom szopa pracza, a następnie, w celu masowego sekwencjonowania polimorfizmów pojedynczych nukleotydów (SNP) zastosowano nowatorską technologię molecular inversion probes, której poddano osobniki jednej populacji autochtonicznej i dwóch wywodzących się z introdukcji. Celem projektu było określenie jak zmienia się presja doboru naturalnego w nowym zasięgu gatunku. Poprzez wyczenie szeregu indeksów wykazano, że w badanym genie zmienność alleli i SNP jest niższa w populacjach założycielskich w obszarach nowych niż w ustabilizowanych populacjach autochtonicznych. Dzięki zastosowaniu odpowiedniego oprogramowania (PopGenome) Habilitant otworzył sobie możliwość badania proporcji miejsc synonimowych i niesynonimowych w badanych genach. Pozwoliło to stwierdzić utratę zmienności zwłaszcza w miejscach synonimowych w populacjach dokonujących inwazji. Wynik ten prowadzi autorów pracy do wniosku o działaniu doboru naturalnego, utrzymującego funkcjonalną zmienność genetyczną, przy utracie zmienności neutralnej, jaka dokonuje się poprzez powtarzające się działanie efektu założyciela i następującego po nim dryfu genetycznego. Dalsze analizy wskazują na działanie doboru równoważącego w populacjach inwazyjnych. Nowatorskie techniki sekwencjonowania całego genomu w połączeniu z zaawansowanymi metodami analitycznymi jakie zostały użyte w badaniach dotyczących szopa pracza pozwoliły autorom na sformułowanie nowych hipotez, które otwierają dyskurs naukowy jaki zapewne będzie miał miejsce w najbliższych latach.

Publikacja stanowiąca trzeci komponent nie odnosi się bezpośrednio do tytułowej zmienności genetycznej u organizmów w ekspansji (H6). Jej cel i utylitarne zastosowanie są jednak na tyle uniwersalne, że Habilitant zdecydował się włączyć ją do cyklu stanowiącego dzieło naukowe. Praca teoretyczna jaką wykonał w tym przypadku dr M.K. Konopiński zaowocowała propozycją modyfikacji matematycznego sposobu szacowania poziomu zróżnicowania genetycznego na poziomie alleli, z zastosowaniem wskaźnika Shannon'a. Zaprogramowanie odpowiednich algorytmów redukujących wrażliwość tego wskaźnika na wielkość próby, to budząca szacunek zasługa Autora. W publikacji tej

WYDZIAŁ NAUK BIOLOGICZNYCH

MUZEUM PRZYRODNICZE
ul. H. Sienkiewicza 21
50-335 Wrocław

tel. +48 71 375 41 45

mp@uwr.edu.pl | muzeum-przyrodnicze.uni.wroc.pl

Habilitant udowadnia jak dogłębnie rozumie zjawiska decydujące o zmienności na poziomie molekularnym i jak szczegółowo zna metodykę ich oceny, w tym jej mankamenty.

Lektura wyżej wymienionych artykułów pozwala na wskazanie oryginalnego rozwiązania problemu naukowego co najmniej trzykrotnie – każdorazowo w poszczególnych komponentach dzieła. Tytułowe „mechanizmy ewolucyjne kształtujące różnorodność genetyczną gatunków w procesie ekspansji” nie zostały niestety wymienione i uwypuklone przez Habilitanta w podsumowaniu autoreferatu, ale dają się wyłuskać jako konkluzje poszczególnych prac cyklu. Należą do nich zjawiska o naturze stochastycznej: dryf genetyczny, efekt założyciela, izolacja przez nieciągłość warunków siedliskowych oraz o naturze adaptacyjnej: dobór równoważący, behawioralny mechanizm izolacji przestrzennej gatunku w strukturze metapopulacji. Badania Habilitanta pozytywnie weryfikują znaną wcześniej hipotezę o obniżonej różnorodności genetycznej u organizmów dokonujących ekspansje. Jako *novum* w nauce wskazują też bardzo interesujący mechanizm utrzymywania wysokiego poziomu zmienności pojedynczych alleli rodziny genów głównego kompleksu zgodności tkankowej na poziomie SNP u gatunku inwazyjnego.

Zgodnie z rekomendacją Rady Doskonałości Naukowej „istnienie cyklu zakłada co do zasady świadomość jego tworzenia”. W rozpatrywanym przypadku nie sposób jednoznacznie stwierdzić, że już w pierwszych latach obecnego stulecia, kiedy dr M.K. Konopiński podejmował badania nad zmiennością genetyczną brzanki, miał on świadomość tworzenia dzieła, które dzisiaj stanowi cykl habilitacyjny. Niezależnie od tego, długoletnia wierność problematyce badawczej skupionej wokół tzw. ekologii molekularnej pozwoliła mu znaleźć wspólny mianownik dla ocenianych prac. Ich wpływ na rozwój nauk biologicznych jest niepodważalny, a uzasadnienie ich połączenia w cykl tematyczny przekonujące.

Moja ocena tej części wniosku habilitacyjnego jest bardzo wysoka.

Ocena istotnej aktywności naukowej

Publikacje

W dorobku Habilitanta znajduje się sześć rozdziałów w publikacjach książkowych wydanych w języku polskim (w tym jeden po doktoracie); w pięciu z nich jest on jedynym autorem. Osiemnaście artykułów opublikowanych zostało w czasopiśmie odnotowanych w bazie JCR Thomson Reuters (łącznie z pracami zaliczonymi do cyklu habilitacyjnego).

W dokumentacji przesłanej przez Habilitanta brakuje jednej pracy, która ukazała się w kwietniu br., w okresie, kiedy wniosek o nadanie stopnia naukowego doktora habilitowanego był już procedowany. Celem uzupełnienia ocenianej dokumentacji zamieszczam poniżej podstawowe dane tej publikacji:

Berezowska-Cnota, T., **Konopiński, M. K.**, Bartoń, K., Bautista, C., Revilla, E., Naves, J., Biedrzycka, A., Fedyń, H., Fernández, N., Jastrzębski, T., Pirga, B., Viota, M., Wojtas, Z., & Selva, N. (2023). Individuality matters in human–wildlife conflicts: Patterns and fraction of damage-making brown

bears in the north-eastern Carpathians. *Journal of Applied Ecology*, 60(6), 1127-1138.

<https://doi.org/10.1111/1365-2664.14388>; IF (2019) = 4.929

Zgodnie z informacją podaną przez redakcję czasopisma M.K. Konopiński był odpowiedzialny za część genetyczną metodyki, przeprowadził też część analiz i uczestniczył w pisaniu manuskryptu. Jego udział był równy udziałowi trzeciego autora.

W trzech publikacjach z JCR Habilitant jest jedynym autorem, pozostałe są współautorskie: w sześciu z nich jest autorem pierwszym. Artykuły są opublikowane w czasopismach wiodących w dziedzinie nauk biologicznych o IF od 1,404 (*Journal of Fish Biology* w roku 2007) do 8.678 (*Molecular Ecology Resources* w roku 2023); łączny IF=63,531 - liczony zgodnie z rokiem publikacji. Liczba publikacji nie jest bardzo wysoka, zważywszy że Habilitant jest wieloletnim pracownikiem Polskiej Akademii Nauk i nie jest tam obciążony obowiązkami dydaktycznymi. Jednak wysoka jakość czasopism, w których umieszcza on wyniki swoich badań rekompensuje ten niedostatek. Ponadto są to prace nietuzinkowe, stanowiące efekt dużych projektów, zwykle wspartych finansami grantowymi. Dorobek uzupełniony jest o sześć prac opublikowanych w wydawnictwach bez IF. Na uwagę zasługuje też pięć ekspertyz, w tym dwie wykonane na zlecenie zagranicznej jednostki naukowej.

W całości dorobku publikacyjnego Habilitanta można zaobserwować kilka nurtów będących domeną ekologii molekularnej. Dominuje genetyka konserwatorska – praktyka i teoria, sporo miejsca zajmuje ekologia ewolucyjna, a także zagadnienie hybrydyzacji międzygatunkowej oraz metodyka analizy pojedynczych markerów molekularnych DNA i całych genomów. Jeśli chodzi o badane grupy systematyczne, to najwięcej prac Habilitant poświęcił ssakom. Poza wspomnianym dzikiem i szopem praczem badał też zespołowo zmienność genetyczną rysia, wilka, susła perełkowanego, kota domowego i niedźwiedzia brunatnego. Badania struktury genetycznej drapieżnych ssaków wywarły znaczący oddźwięk w nauce. Do dzisiaj są one dość intensywnie cytowane, osiągając liczby od 24 do 54 (nie licząc pracy wydanej w bieżącym roku). Praca o suśle perełkowanym doczekała się 22 cytowań. Trzy znaczące prace dotyczące genetyki konserwatorskiej i ekologii ewolucyjnej poświęcił motyloom z rodzaju *Parnassius*. Jedna z nich, opublikowana w *Molecular Ecology* (2008; IF=5.325) zebrała do dzisiaj 71 cytowań. Po zamknięciu badań nad brząnką i brzańką Habilitant powrócił jeszcze raz do badań hybrydyzacji u ryb opisując naturalne mieszańce płoci i leszcza z zastosowaniem metod taksonomii integratywnej. Praca będąca efektem tych badań (*Journal of Fish Biology*, 2018) została zacytowana 8 razy. Temat hybrydyzacji poruszył też opracowując molekularne metody identyfikacji mieszańców psa domowego i wilka. Praca ta, opublikowana w *Evolutionary Applications* w roku 2018 (IF= 5.038) znalazła licznych odbiorców – zacytowano ją aż 43 razy. Odmienne zagadnienia, ale wciąż osadzone w badaniach zmienności genetycznej Habilitant badał wraz z pracownikami Katedry Immunologii Collegium Medicum UJ. Dotyczyły one mechanizmów powstawania stanu zapalnego oraz jego roli w systemie odpornościowym myszy. Dwie współautorskie prace z tego zakresu zostały dostrzeżone w środowisku naukowym (cytowane 5 i 31 razy). Dojrzałość naukowa Habilitanta widoczna jest szczególnie w jego pracach metodycznych, opartych o symulacje komputerowe programowane w środowisku R. Jedna z nich została włączona do cyklu habilitacyjnego i omówiona

WYDZIAŁ NAUK BIOLOGICZNYCH

MUZEUM PRZYRODNICZE
ul. H. Sienkiewicza 21
50-335 Wrocław

tel. +48 71 375 41 45

mp@uwr.edu.pl | muzeum-przyrodnicze.uni.wroc.pl

powyżej, druga – opublikowana została w bieżącym roku, w prestiżowym czasopiśmie *Molecular Ecology Resources* (IF=8.678). Wprowadza ona korektę do procedur obliczeniowych estymatora zróżnicowania nukleotydowego w badaniach genomicznych i należy oczekiwać, że spotka się z podobnie wysokim zainteresowaniem co poprawka wprowadzona do szacowania indeksu Shannon'a, zwłaszcza że już raz została zacytowana (w kontekście polemicznym). Należy zwrócić też uwagę na dwie prace opublikowane w *Chrońmy Przyrodę Ojczystą* w roku 2021, ponieważ tą drogą Habilitant przekazuje specjalistyczną wiedzę naukową do bardziej generalnego odbiorcy.

Całość dorobku publikacyjnego pokazuje znakomite opanowanie warsztatu ekologa molekularnego przez Habilitanta. Nie może ująć uwadze jego stały rozwój i podążanie za niesłychanie dynamicznym postępem w technologii służącej badaniom laboratoryjnym DNA i coraz bardziej wyrafinowanymi metodami analitycznymi, których opanowanie jest niezbędne do prawidłowej interpretacji wyników.

Kierowanie projektami i rola wykonawcy w projektach

Umiejętności w zakresie prowadzenia laboratorium genetyki populacyjnej oraz opanowanie aparatu metodycznego z zakresu ekologii populacji, filogenetyki, biostatystyki i biocybernetyki czynią z Habilitanta cennym członkiem każdego zespołu projektowego, w których był zatrudniony. Pełnił on rolę wykonawcy w 9 grantach krajowych, a aktualnie realizuje jeden projekt międzynarodowy: 2018-2023, COST Action CA18134 - Genomic Biodiversity Knowledge for Resilient Ecosystems (G-BIKE). Trzykrotnie sam był kierownikiem krajowych projektów: w latach 1999-2001 prowadził niskobudżetowy grant KBN nr 6P04F 044 17: "Polimorfizm genetyczny polskich populacji rysia europejskiego (*Lynx lynx*)". Następnie, w latach 2004-2007 grant KBN nr 2 P04F 019 27: "Analiza struktury przestrzennej oraz pokrewieństwa w zwartej populacji wilka w polskich Karpatach". Ostatni projekt, który prowadził w roli kierownika był przyznany na lata 2008-2012: grant MNiSW nr N N304 229035 "Wpływ postglacjalnej ekspansji na rozmieszczenie zmienności genetycznej brzanki, *Barbus carpathicus* Kotlík et al., 2002 w Karpatach". Ostatni z wymienionych projektów zakończył się publikacją dwóch artykułów zaliczonych do cyklu habilitacyjnego. Nie jest jasne czy dwa projekty z początku obecnego stulecia zostały formalnie rozliczone publikacjami, niemniej jednak oba z wymienionych tu tematów mają swoje odzwierciedlenie w korespondujących z nimi znakomitymi publikacjami, które pojawiły się kilka lat po zakończeniu okresów finansowania (omówione powyżej). Nie ulega wątpliwości, że Habilitant w trakcie swojej kariery naukowej wykazał się umiejętnością zdobywania środków grantowych na swoje badania i kierowania projektami. Udowodnił też wysokie kwalifikacje do pracy zespołowej.

Referaty na konferencjach

Dr Maciej K. Konopiński opublikował dziewięć współautorskich komunikatów konferencyjnych przed uzyskaniem stopnia naukowego doktora i osiem po nim; w ośmiu z nich jest pierwszym autorem. Przedstawiona dokumentacja pozwala ustalić, że większość z doniesień (14) było prezentacjami posterowymi. Można stwierdzić, że na tym polu dorobek Habilitanta jest satysfakcjonujący.

**WYDZIAŁ NAUK BIOLOGICZNYCH**

MUZEUM PRZYRODNICZE
ul. H. Sienkiewicza 21
50-335 Wrocław

tel. +48 71 375 41 45

mp@uwr.edu.pl | muzeum-przyrodnicze.uni.wroc.pl

Podsumowując tą część wniosku habilitacyjnego, moja ocena jest jednoznacznie pozytywna.

Ocena osiągnięć dydaktycznych, organizacyjnych oraz popularyzujących naukę

Jako naukowiec zatrudniony głównie w instytucie badawczym PAN, dr M.K. Konopiński nie miał wielu okazji do prowadzenia regularnej dydaktyki akademickiej, ale mimo tego prowadził nieliczne wykłady i zajęcia edukacyjne dla studentów UJ, a także zaawansowane kursy (w języku angielskim) dla doktorantów w Studium Doktoranckim Nauk Przyrodniczych Polskiej Akademii Nauk w Krakowie. Sprawował też pomocniczą opiekę naukową nad kilkoma studentami wykonującymi prace dyplomowe w Instytucie Ochrony Przyrody PAN. Dorobek popularyzatorski stanowią wspomniane wyżej dwie prace opublikowane w *Chrońmy Przyrodę Ojczystą* i kilkakrotnie prowadzone wykłady o różnorodności genetycznej dla uczniów szkół i członków kół łowieckich. Po stronie dorobku organizacyjnego najważniejszym osiągnięciem Habilitanta wydaje się założenie prężnego laboratorium genetyki populacji w IOP PAN w Krakowie i kierowanie nim.

Aktywność naukowa w innych jednostkach naukowych i współpraca międzynarodowa

Jak wynika z dokumentacji przygotowanej przez Habilitantka, na polu współpracy zagranicznej zanotował on pewne sukcesy. Na początku swojej kariery naukowej odbył półroczny staż w ramach Marie Curie Fellowship na Universitat de Barcelona na wydziale Genetyki, Mikrobiologii i Statystyki, który pozwolił mu zdobyć know-how pracy laboratorium genetycznego. Publikacja głównych tez dysertacji doktorskiej została zrealizowana we współpracy z badaczami z Włoch. W badania brzanki zaangażowani byli naukowcy z Czeskiej i ze Słowackiej Akademii Nauk. Habilitant prowadził badania nad populacją wilka we współpracy z Senckenberg Museum für Naturkunde, Görlitz (Niemcy) oraz z Forschungsinstitut Senckenberg w Gelnhausen (Niemcy) nad wykorzystaniem mikrochipów w identyfikacji osobniczej niedźwiedzi. W dalszych kilku publikacjach dają się zauważyć współautorzy afiliowani w zagranicznych ośrodkach naukowych. Od 2019 roku jest uczestnikiem projektu COST (CA18134 - Genomic Biodiversity Knowledge for Resilient Ecosystems).

Najważniejszą polską instytucją, z którą dr M.K. Konopiński współpracował na polu naukowym jest Collegium Medicum UJ. W efekcie tej współpracy powstały dwie znaczące publikacje dotyczące systemu odpornościowego u myszy.

Podsumowując ocenę tej części dorobku, podobnie jak w poprzedniej składowej, jest ona pozytywna.

Konkluzja końcowa

Podsumowując stwierdzam, że przedstawione mi do oceny osiągnięcia naukowe wskazują na ich istotny i oryginalny wkład w rozwój dyscypliny naukowej – biologia, poprzez spójne przedstawienie mechanizmów ewolucyjnych mających wpływ na zróżnicowanie genetyczne wybranych organizmów w ekspansji. Uważam że Habilitant zaprezentował się jako samodzielny i kompetentny specjalista, który znakomicie opanował warsztat ekologa molekularnego. Uzyskane przez niego oryginalne wyniki badań mają charakter *novum* naukowego i są źródłem rzetelnej informacji dla innych badaczy. Wysoko oceniam też pozostały dorobek oraz działalność organizacyjną i dydaktyczną, w tym



WYDZIAŁ NAUK BIOLOGICZNYCH

MUZEUM PRZYRODNICZE

ul. H. Sienkiewicza 21
50-335 Wrocław

tel. +48 71 375 41 45

mp@uwr.edu.pl | muzeum-przyrodnicze.uni.wroc.pl

zwłaszcza aktywność w pozyskiwaniu i wykonywaniu grantów. Stwierdzam, że dr Maciej K. Konopiński spełnia wymagania stawiane habilitantom i określone przepisami ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2022 r. poz. 574, z późn. zm.). Wnoszę do Rady Dyscypliny Naukowej Nauki Biologiczne Uniwersytetu Łódzkiego o nadanie doktorowi Maciejowi K. Konopińskiemu stopnia doktora habilitowanego w dyscyplinie nauki biologiczne.

dr hab. Jan Kotusz, prof. UW.