

prof. dr hab. Marek Ziętara
Katedra Genetyki Ewolucyjnej i Biosystematyki
Wydział Biologii
Uniwersytet Gdański

**Recenzja w postępowaniu o nadanie stopnia doktora habilitowanego
dr. Maciejowi Konopińskiemu**

Sylwetka Habilitanta

Pan dr Maciej Konopiński jest absolwentem Wydziału Biologii i Nauk o Ziemi Uniwersytetu Jagiellońskiego, gdzie w roku 1997 pod kierunkiem pana prof. dr. hab. Jacka Szymury napisał pracę magisterską pt. "Rola modzeli godowych u kumaka górskiego (*Bombina variegata* L.)". Po studiach w 1997 roku podjął pracę w firmie Arbor Instruments zajmującą się importem i dystrybucją odczynników i aparatury do badań genetycznych, gdzie zainteresował się genetyką ekologiczną. W roku 1988 został na krótko zatrudniony jako pracownik techniczny w Katedrze Hodowli Roślin i Nasiennictwa Akademii Rolniczej. Od roku 2000 do 2007 pracował na stanowisku badawczo-technicznym w Zakładzie Ochrony Fauny Instytutu Ochrony Przyrody PAN w Krakowie. W trakcie tego zatrudnienia, w roku 2001 uzyskał urlop naukowy i wyjechał na sześciomiesięczny staż naukowy na Universitat de Barcelona (Departament de Genètica, Microbiologia i Estadística), gdzie pracował w zespole pana prof. Montserrat Aguade w ramach Marie Curie Fellowship w temacie "Detecting the effects selection on olfactory receptors in *Drosophila melanogaster*." W latach 2007 – 2009 został zatrudniony na etacie asystenta w Zakładzie Ochrony Fauny Instytutu Ochrony Przyrody PAN. W roku 2008 uzyskał w tym Instytucie stopień doktora nauk biologicznych przygotowując pod kierunkiem pana prof. dr. hab. Henryka Okarma rozprawę doktorską na temat "Zmienność genetyczna i asymetria fluktuacyjna u niepylaka mnemosyny (*Parnassius mnemosyne* L.) w Polsce". Po uzyskaniu stopnia doktora awansuje na stanowisko adiunkta w macierzystej jednostce, a od roku 2019 do chwili obecnej jest pracownikiem badawczo-technicznym.

Choć praca w Polskiej Akademii Nauk nie sprzyja prowadzeniu zajęć dydaktycznych, pan dr Maciej Konopiński ma w tym zakresie kilka osiągnięć. Wygłaszał wykłady na Uniwersytecie Jagiellońskim w latach 2003-2017 i w ramach Studium Doktoranckiego Nauk Przyrodniczych Polskiej Akademii Nauk w Krakowie. Prowadził też pracownie dyplomowe dla magistrantów i szkoleniowe dla nowych pracowników Instytutu. Wygłaszał też wykłady

popularno-naukowe dla kół łowieckich oraz wykłady na temat różnorodności genetycznej dla uczniów VI Liceum Ogólnokształcącego w Krakowie. Warto zauważyć, że jest autorem pięciu rozdziałów w książkach o charakterze popularno-naukowym dotyczących ochrony przyrody. Habilitant o swojej działalności organizacyjnej nie wspomina.

Ocena osiągnięcia naukowego

Przedstawione mi do oceny główne osiągnięcie naukowe pana dr. Macieja Konopińskiego to cykl sześciu artykułów naukowych pt. **Mechanizmy ewolucyjne kształtujące różnorodność genetyczną podczas ekspansji gatunku**. Artykuły ukazały się w latach 2007-2023 w indeksowanych czasopismach (Journal of Fish Biology, Plos One, Evolutionary Applications (2x), Hystrix. The Italian Journal of Mammology i PeerJ). W pięciu artykułach Habilitant jest pierwszym autorem, a w jednym drugim. W trzech pracach Habilitant jest autorem korespondencyjnym, a w jednej pracy dzieli tę funkcję z autorem ostatnim. Prace nie spotkały się z szerokim oddźwiękiem w środowisku naukowym, wyrażonym niską cytowalnością wynoszącą od 0 do 9-ciu, co tylko częściowo można wytłumaczyć ich niedawnym opublikowaniem. Warto podkreślić, że od tego stwierdzenia odbiega znacznie ostatnia praca, opublikowana samodzielnie w 2022 roku, która na dzień składania wniosku miała już 26 cytowań, a obecnie ma ich już 45. Z oświadczeń wszystkich współautorów wynika, że wkład Habilitanta w powstanie tych prac miał charakter kluczowy.

Pierwsza praca cyklu donosi o zmienności 4 markerów STR u brzanki karpackiej *Barbus carpathicus* poławianej w czterech lokalizacjach, trzech z dorzecza Wisły (Wisłoka, Wisłok i San) i jednej z dorzecza Dniestru (Strwiąż). Autorzy zaobserwowali niską zmienność genetyczną brzanki, dodatkowo zmniejszającą się w kierunku wschodnim. Ta niska zmienność interpretowana była jako efekt szybkiej butelki w czasie postglacjalnej ekspansji poprzez wododział Dunaj-Wisła i potem w kierunku wschodnim poprzez kolejne dorzecza, aż do zachodniego Dniestru.

W drugiej pracy cyklu badania nad zmiennością brzanki karpackiej zostały poszerzone do 9 loci mikrosatelitarnych i 3 loci mitochondrialnych. Ryby pochodziły z trzech dorzeczy, Dunaju (12 stanowisk), Wisły (14 stanowisk) i Dniestru (1 stanowisko). Również te badania potwierdziły niską zmienność genetyczną brzanki karpackiej. Czas wspólnego najbliższego przodka dla sekwencji mitochondrialnych został oszacowany na

holocen, czyli na stosunkowo niedawno. Największa odnaleziona zmienność brzanki odnotowana była w górnych partiach Cisy, co sugeruje, że refugia ostatniego zlodowacenia zlokalizowane były w południowo-wschodniej części zasięgu gatunku. Zmienność klinalna gatunku spowodowana była prawdopodobnie wieloma efektami szyjki butelki podczas ekspansji poprzez kolejne wododziały.

W kolejnej pracy cyklu opisane są wyniki badań nad zmiennością genetyczną inwazyjnego gatunku na przykładzie północnoamerykańskiego psokształtnego gatunku drapieźnika - szopa pracza *Procyon lotor*. Badania prowadzone były na genach głównego kompleksu zgodności tkankowej MHC. Odczytano fragment 184 pz drugiego egzonu locus MHC-DRB związanego z odpornością oraz 9 neutralnych loci mikrosatelitarnych. Analizowane próby pochodziły z naturalnego zasięgu gatunku (21 próbek z Florydy i otaczających wysp) oraz z zasięgu po introdukcji w Europie (4 lokalizacje w Niemczech, odpowiednio 16, 7, 35 i 27 próbek; 2 lokalizacje w Polsce, 107 i 36 próbek; jedna lokalizacja w Czechach, 89 próbek). W pracy udowodniono, że mimo spadku ilości alleli locus MHC w porównaniu do naturalnego zasięgu gatunku, główne supertypy, wykrywające podobny rodzaj antygenów, zostały dobrze zachowane w populacjach inwazyjnych. Zaobserwowano też większą zmienność loci neutralnych w porównaniu do locus MHC co sugeruje większą selekcję skierowaną na adaptacyjnie ważniejsze regiony genomu i co ciekawe allele związane z odpornością na wściekliznę były najliczniejsze w populacjach europejskich co sugeruje kierunkową selekcję tego locus.

Czwarta praca cyklu zawiera kontynuacje rozważań nad zmiennością układu odpornościowego w inwazyjnych populacjach szopa pracza w porównaniu do populacji z naturalnego zasięgu. Praca prezentuje dalsze rozwinięcie badań nad zmiennością genetyczną szopa pracza. W pracy podjęto próbę oceny zmienności genów odpowiedzialnych za obronę organizmu przed infekcjami zakładając, że takie geny powinny być pod szczególną presją selekcyjną na nowych obszarach inwazyjnych gatunku. W tym celu zostało scharakteryzowanych 110 genów związanych z systemem odpornościowym, które posiadały 624 SNP. Materiał pochodził zarówno z naturalnej populacji z USA (27 osobników z Florydy) jak i dwóch populacji europejskich, po 30 osobników z populacji polsko-niemieckiej i czeskiej. Wyniki analiz umożliwiły wskazanie zespołu genów podlegających doborowi stabilizującemu. Ponownie okazało się, że poziom zmienności w inwazyjnych populacjach jest mniejszy od naturalnego. Z drugiej

stronu zauważono, że możliwości adaptacji do nowego środowiska w populacjach inwazyjnych zależy od poziomu wyjściowej zmienności.

Kolejna publikacja zawiera wyniki badań nad procesami kolonizacyjnymi środowiska miejskie na przykładzie dzika *Sus scrofa* dekolonizującego obszary miejskie. W tym celu została zbadana zmienność genetyczna populacji miejskiej (26 osobników) i sześciu populacji podmiejskich (od 11 do 41 osobników, w sumie 143 osobniki). W badaniach wykorzystano 12 loci mikrosatelitarnych. Wyniki pokazały istnienie osobnej populacji miejskiej dzika różniącej się od populacji podmiejskich, która jest podtrzymywana nie tylko poprzez bariery fizyczne, ale głównie poprzez inny sposób zachowań.

Ostatnia publikacja cyklu, która wyróżnia się spośród pozostałych dużym zainteresowaniem środowiska naukowego wyrażonym dużą liczbą jej cytowań, przedstawia wyniki badań nad wskaźnikiem różnorodności Shanonna, który jest szeroko używany w genetyce populacji do określania poziomu zmienności genetycznej. Wskaźnik ten obliczany jest na podstawie frekwencji alleli w populacji. Praca ma charakter metodyczny. Testowano w niej cztery różne wzory na obliczanie wskaźnika. Oryginalny zaproponowany przez Shanonna charakteryzujący się niedoszacowaniem wartości dla małych próbach. Pozostałe trzy metody opublikowane przez Zahla, Chao i Shena oraz Chao i innych powinny być niewrażliwe na wielkość próby. Analizy wykonane były w języku R, w którym opracowano wzór do obliczenia wszystkich wskaźników jednocześnie. Liczono wartości H dla wielkości populacji 5 symulującej rzadkie organizmy, 20 symulującej zalecaną minimalną próbę w badaniach genetyki populacji, 80 symulującej próbę optymalną i 200 symulującej próbę dużą, niewrażliwą na wielkość próby. Wnioskiem z przeprowadzonych kalkulacji było odrzucenie najczęściej używanego w badaniach sposobu obliczania wskaźnika opracowanego oryginalnie przez Shanonna, na rzecz wzoru opracowanego przez Zahla.

Ocena pozostałych osiągnięć naukowych

Baza Web of Science wskazuje jeszcze 12 indeksowanych artykułów znajdujących się w dorobku pana dr. Macieja Konopińskiego. Większość tych prac wpisuje się w badania zmienności genetycznej populacji różnych organizmów. Prace charakteryzują się różną liczbą cytowań od 0 do 71. Na najszerzej znana praca w obiegu naukowym to

rozwinięcie wyników Jego pracy doktorskiej. Zauważam tendencję, że lepiej znane prace z dorobku Habilitanta to te, w których nie jest pierwszym autorem pracy.

Habilitant właściwie nie wskazał w swoim dorobku drugiego osiągnięcia naukowego, ale zważając na zainteresowanie środowiska naukowego, osobiście wskazałbym pracę rozszerzającą badania na niepylaka mnemosynie *Parnassius mnemosyne* L., który by obiektem zainteresowań Habilitanta w pracy doktorskiej. W pracy opublikowano wyniki badań nad *cox1* z 225 osobników niepylaka zebranych w środkowej i wschodniej Europie. Uzyskane wyniki pokazują, że zmienność genetyczna została znacząco ukształtowana podczas zmian klimatycznych na przełomie plejstocenu i holocenu. Populacje gatunku we wschodnich Alpach i na Bałkanach posiadają znacząco większą zmienność mtDNA, która mogła być wynikiem przetrwania gatunku w wielu refugiach. Rekolonizacja północnej i wschodniej Europy została dokonana poprzez ekspansję trzech linii ewolucyjnych. W pracy zostało zaproponowane skorygowane tempo substytucji (0.096 substitucji/mln lat), dla *cox1* wskazujące na różnicowanie się populacji alpejskich i bałkańskich na około 19 000 lat temu, a okres ekspansji pokrywa się z postglacjalnym ociepleniem (5-11 000 lat temu).

Istotna aktywność naukowa w innych ośrodkach naukowych

- Pan dr Maciej Konopiński w swoim autoreferacie wykazuje cztery miejsca pracy:
- 2001 rok, 6 miesięcy staż na stypendium przeddoktorskim *Marie Curie Fellowship* na Uniwersytat de Barcelona na wydziale Genetyki, Mikrobiologii i Statystyki, badania nad receptorami węchowymi u *Drosophila melanogaster*,
 - 2014-2016, Collegium Medicum Uniwersytetu Jagiellońskiego w Katedrze Immunologii, badania nad funkcjonowaniem receptorów białkowych w systemie odpornościowym myszy.
 - 2016, dwutygodniowy staż w Forschungsinstitut Senckenberg w Gelnhausen (Niemcy), badania nad wykorzystaniem mikrochipów Fluidigm do identyfikacji osobniczej niedźwiedzi.
 - 2020, krótkoterminowy staż w stacji terenowej Stockholm Universitet w Tovetorp, badania nad meta-analizą danych z publikacji na temat zmian poziomu różnorodności genetycznej organizmów wolnożyjących.

Wniosek końcowy

Stwierdzam, że dr Maciej Konopiński, spełnia niezbędne kryteria wymagane do ubiegania się o stopień doktora habilitowanego nauk biologicznych. Habilitant posiada stopień doktora, jego osiągnięcie naukowe stanowiące spójny cykl sześciu artykułów naukowych wnosi istotny wkład w zrozumienie procesów ewolucyjnych kształtujących różnorodność genetyczną podczas ekspansji gatunku na przykładzie trzech typów ekspansji; (1) postglacjalnej na przykładzie procesów ewolucyjnych obserwowanych u brzanki karpackiej, (2) inwazyjnej na przykładzie procesów obserwowanych u introdukowanego do Europy szopa pracza oraz (3) rekolonizacyjnej na przykładzie dzika powracającego na obszary zurbanizowane. Habilitant posiada też inne osiągnięcia naukowe m.in. opis zmienności genetycznej gatunku motyla, prawie w całym zasięgu jego występowania. W końcu Habilitant wykazuje się aktywnością naukową w innych ośrodkach naukowych, w tym zagranicznych.

W związku z powyższym wnioskuję o nadanie stopnia doktora habilitowanego w dyscyplinie nauk biologicznych dr. Maciejowi Konopińskiemu.



Gdańsk, 2023-07-21

prof. dr hab. Marek Ziętara