

TOMASZ MAMOS

AUTOREFERAT

ZAŁĄCZNIK 2

1. Imię i Nazwisko: **Tomasz Mamos**

2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe – z podaniem nazwy miejsca i roku ich uzyskania oraz tytułu rozprawy doktorskiej

2015: Tytuł doktora nauk biologicznych w zakresie biologii. Stacjonarne Studium Doktoranckie Ekologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki. Tytuł pracy doktorskiej: „**Phylogeography and cryptic diversity of *Gammarus balcanicus* Schäferna, 1922 in Europe**”. Promotor: prof. dr hab. Michał Grabowski, Katedra Zoologii Bezkręgowców i Hydrobiologii, Uniwersytet Łódzki. Promotor pomocniczy: dr Remi Wattier, Equipe Ecologie Evolutive, Biogeosciences, Universite de Bourgogne.

2009: Tytuł magistra w zakresie biologii środowiskowej, Uniwersytet Łódzki, Katedra Zoologii Bezkręgowców i Hydrobiologii. Tytuł pracy magisterskiej: „**Zróżnicowanie geograficzne i ekologiczne kielża *Gammarus balcanicus* Schäferna, 1922 w Łuku Karpat**”. Promotor: prof. dr hab. Michał Grabowski, Katedra Zoologii Bezkręgowców i Hydrobiologii, UŁ.

3. Informacje o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych

Od października 2016: Adiunkt naukowo-dydaktyczny w Katedrze Zoologii Bezkręgowców i Hydrobiologii (KZBiH), Uniwersytet Łódzki.

4. Omówienie osiągnięć, o których mowa w art. 219 ust. 1 pkt. 2 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2021 r. poz. 478 z późn. zm.)

Tytuł osiągnięcia naukowego:

Filogeneza, filogeografia i różnorodność molekularna wybranych grup bezkręgowców

Wykaz autorskich publikacji stanowiących osiągnięcie naukowe wraz z określeniem wkładu.

Na osiągnięcie składa się cykl siedmiu publikacji z lat 2017-2021

L.p.	Publikacje oraz wkład w ich powstanie	IF₂₀₂₁
1.	Mamos, T. , Jażdżewski, K., Ciamporova-Zatovicova, Z., Ciampor, F., Jr., Grabowski, M. 2021. Fuzzy species borders of glacial survivalists in the Carpathian biodiversity hotspot revealed using a multimarker approach. <i>Scientific Reports</i> 11, 21629. DOI: 10.1038/s41598-021-00320-8 Wkład: wiodąca rola w przygotowaniu koncepcji pracy, zbieranie materiału w terenie, całość pracy laboratoryjnej, zarządzanie danymi oraz wykonanie analiz, przygotowanie rycin, wiodąca rola w interpretacji wyników, przygotowanie pierwszej wersji manuskryptu oraz jego edycja, autor korespondencyjny.	4.996
2.	Sworobowicz, L., Mamos, T. , Grabowski, M., Wysocka, A. 2020. Lasting through the ice age: The role of the proglacial refugia in the maintenance of genetic	3.538

	<p>diversity, population growth, and high dispersal rate in a widespread freshwater crustacean. <i>Freshwater Biology</i> 65, 1028-1046. DOI: 10.1111/fwb.13487</p> <p>Wkład: udział w przygotowaniu koncepcji pracy ze współautorami, zbieranie materiału w terenie, analiza demograficzna danych (eBSP, migrate, BAPS), współudział w interpretacji wszystkich wyników oraz konsultacje na różnych etapach przygotowania manuskryptu, przygotowanie fragmentów manuskryptu dotyczących metodyki oraz części wyników, edycja manuskryptu.</p>	
3.	<p>Wattier, R., Mamos, T., Copilas-Ciocianu, D., Jelic, M., Ollivier, A., Chaumot, A., Danger, M., Felten, V., Piscart, C., Zganec, K., Rewicz, T., Wysocka, A., Rigaud, T., Grabowski, M. 2020. Continental-scale patterns of hyper-cryptic diversity within the freshwater model taxon <i>Gammarus fossarum</i> (Crustacea, Amphipoda). <i>Scientific Reports</i> 10, 16536.</p> <p>Wkład: współudział w tworzeniu koncepcji pracy, zbieranie materiału w terenie, praca w laboratorium (na części materiału z centralnej Europy), analiza danych (filogeneza kalibrowana zegarem molekularnym, delimitacja MOTU , genetic landscape) oraz ich interpretacja ze współautorami, przygotowanie rycin, konsultacje na różnych etapach przygotowania manuskryptu, edycja manuskryptu.</p>	4.996
4.	<p>Grabowski, M., Wysocka, A., Mamos, T. 2017. Molecular species delimitation methods provide new insight into taxonomy of the endemic gammarid species flock from the ancient Lake Ohrid. <i>Zoological Journal of the Linnean Society</i> 20, 1-14.</p> <p>Wkład: współudział w przygotowaniu koncepcji pracy, zbieranie materiału w terenie, zarządzanie oraz analiza danych (filogeneza, delimitacja gatunków, molekularne cechy diagnostyczne), interpretacja wyników ze współautorami, przygotowanie rycin w tym klucza morfologicznego, przygotowanie fragmentów manuskryptu dotyczących metodyki oraz wyników analiz, edycja manuskryptu.</p>	3.834
5.	<p>Jażdżewska, A. M., Mamos, T. 2019. High species richness of Northwest Pacific deep-sea amphipods revealed through DNA barcoding. <i>Progress in Oceanography</i> 178, 102184.</p> <p>Wkład: współudział w przygotowaniu koncepcji pracy, analiza danych we współpracy ze współautorką, interpretacja wyników ze współautorką, przygotowanie fragmentów manuskryptu dotyczących metodyki oraz udział w przygotowaniu pozostałych części, edycja manuskryptu.</p>	4.416
6.	<p>Mamos, T., Grabowski, M., Rewicz, T., Bojko, J., Strapagiel, D., Burzyński, A. 2021. Mitochondrial Genomes, Phylogenetic Associations, and SNP Recovery for the Key Invasive Ponto-Caspian Amphipods in Europe. <i>International Journal of Molecular Sciences</i> 22, 10300. DOI: 10.1016/j.ympev.2020.107060</p> <p>Wkład: wiodąca rola w przygotowaniu koncepcji pracy, zarządzanie danymi oraz ich analiza, interpretacja wyników, przygotowanie rycin, przygotowanie pierwszej wersji manuskryptu oraz jego edycja, autor korespondencyjny.</p>	6.208

7.	<p>Mamos, T., Uit de Weerd, D., von Oheimb, P. V., Sulikowska-Drozd, A. 2021. Evolution of reproductive strategies in the species-rich land snail subfamily Phaedusinae (Stylommatophora: Clausiliidae). <i>Molecular Phylogenetics and Evolution</i> 158, 107060. DOI: doi:10.3390/ijms221910300</p> <p>Wkład: przygotowanie koncepcji pracy we współpracy ze współautorami, zarządzanie pracami w laboratorium molekularnym, analiza danych molekularnych (edycja i wszystkie analizy związane z przygotowaniem zestawu danych, rekonstrukcja filogenezy w tym z użyciem zegara molekularnego, rekonstrukcja stanu cech ancestralnych we współpracy ze współautorem), zarządzanie danymi, interpretacja wyników ze współautorami, przygotowanie rycin, przygotowanie fragmentów manuskryptu dotyczących metodyki i wyników oraz części pozostałych rozdziałów oraz edycja całego manuskryptu.</p>	5.019
----	------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------	-------

Omówienie celu naukowego ww. prac i osiągniętych wyników. Prace, których cytowania są zaznaczone pogrubioną kursywą stanowią część osiągnięcia i zostały opublikowane po uzyskaniu stopnia naukowego doktora, cytowania z podkreśleniem oznaczają prace, których jestem (współ)autorem i są one tematycznie powiązane z osiągnięciem.

Wstęp:

Metody molekularne stały się w przeciągu ostatnich 30 lat kluczowym narzędziem w badaniu historii ewolucyjnej i różnorodności organizmów. Obecnie są one podstawowym i nieodłącznym narzędziem badawczym w filogenetyce i biogeografii oraz doprowadziły do powstania nowych kierunków badań, takich jak np. ekologia molekularna (Avisé 1994, Freeland 2020). Dzięki wykorzystaniu tzw. barkodów DNA, stworzono biblioteki referencyjne (zebrane i udostępnione publicznie np. w Barcode of Life Datasystems-BOLD) umożliwiające szybką i obiektywną identyfikację organizmów na różnych poziomach taksonomicznych (Hebert 2003). Jednak mimo tego, że jednymi z pierwszych organizmów modelowych w szeroko pojętych badaniach molekularnych były bezkręgowce (i.e. *Drosophila melanogaster*, *Caenorhabditis elegans*), molekularne badania filogenetyczne oraz ewolucyjne w większości przypadków dotyczyły kręgowców.

Prowadzone przeze mnie badania skupiają się na filogeografii, filogenezie, taksonomii oraz ewolucji różnych grup bezkręgowców, ze szczególnym uwzględnieniem skorupiaków słodkowodnych. Zwierzęta te służą często jako organizmy modelowe w badaniach ekologicznych oraz toksykologicznych, jednak ich różnorodność, relacje filogenetyczne oraz historia pochodzenia dopiero niedawno zostały rozpoznane, do czego między innymi przyczyniły się prace, których jestem współautorem (podsumowanie w **Wattier i in. 2020**).

Naczelnym celem mojego osiągnięcia naukowego było prześledzenie historii ewolucyjnej obunogów (Crustacea, Amphipoda), równonogów (Crustacea, Isopoda) oraz świdrzyków (Gastropoda, Clausiliidae) przy pomocy metod molekularnych. Publikacje składające się na moje osiągnięcie można podzielić na trzy grupy tematyczne:

1. Rozpoznanie i opisanie molekularnej zmienności skorupiaków obunogich (Amphipoda) w różnej skali geograficznej (artykuły: 1, 3, 4, 5).

2. Określenie wpływu zlodowaceń plejstocęńskich na historię ewolucyjną i demograficzną kielży z rodzaju *Gammarus* (Amphipoda Gammaridae) oraz ośliczek z rodzaju *Asellus* (Isopoda Asellidae) w Europie (artykuły: 1, 2).

3. Ustalenie relacji filogenetycznych, z wykorzystaniem danych wielogenowych, u skorupiaków z nadrodziny Gammaroidea (Amphipoda) oraz ślimaków z rodziny Clausiliidae (Gastropoda) (artykuły: 6, 7)

Badania w ramach powyższej tematyki rozpocząłem już w trakcie realizacji założeń rozprawy doktorskiej. Dotyczyła ona zmienności molekularnej gatunków kielży z grupy *G. balcanicus* (*sensu* Karaman i Pinkster 1987). Mój doktorat był rozwinięciem prac dotyczących zmienności morfologicznej w grupie *G. balcanicus*, które prowadziłem w ramach przygotowywania swojej pracy magisterskiej. Badania do doktoratu zrealizowałem częściowo podczas 6 miesięcznego stażu Erasmus w Equipe Ecologie Evolutive, Biogeosciences, Universite de Bourgogne we Francji, pod opieką dr. Remiego Wattier. Moje badania ujawniły, że dystanse molekularne pomiędzy różnymi populacjami *G. balcanicus* są na poziomie dzielącym rodzaje czy nawet rodziny w obrębie Amphipoda. Zróżnicowanie molekularne odwzorowuje geograficzne rozmieszczenie badanych populacji, ale nie pokrywa się z geograficznym wzorcem zmienności cech morfologicznych, których polimorfizm jest relatywnie niski (Mamos et al. 2014). Integracja danych morfologicznych i molekularnych ujawniła, że *G. balcanicus* jest grupą kryptycznych gatunków. Przeprowadzona przeze mnie rekonstrukcja historii ewolucyjnej pokazała, że dywersyfikacja grupy *G. balcanicus* w Europie była skomplikowanym i wielowymiarowym procesem, uwarunkowanym między innymi postępującą kontynentalizacją południowo-wschodniej Europy, związaną z orogenezą alpejską, regresją płytkiego epikontynentalnego Morza Paratetydy, rozwijaniem się sieci hydrologicznej na nowo wypiętrzonych lądach oraz ich kolonizacją, powiązaną ze zmianą środowiska życia, przez, najprawdopodobniej, słonawowodne populacje ancestralne (Mamos et al. 2016).

W trakcie studiów doktoranckich, uczestniczyłem również w badaniach zmienności molekularnej innych gatunków obunogów (e.g. Grabowski et al. 2012, Wysocka i in. 2014),

a także ośliczek (Isopoda, [Sworobowicz i in. 2015](#)). Wiedza zdobyta podczas realizowania pracy doktorskiej przełożyła się również na zaproszenie mnie do pełnienia funkcji edytora taksonomicznego w World Amphipoda Database (będącej częścią World Register of Marine Species, LifeWatch).

Po zakończeniu doktoratu kontynuowałem badania nad zróżnicowaniem genetycznym bezkręgowców, najpierw podczas 6 miesięcznego stażu w ramach programu CEEPUS w Słowackiej Akademii Nauki w Bratysławie, pod opieką dr. Fedora Ciampora. Od października 2016 jestem zatrudniony jako adiunkt w Katedrze Zoologii Bezkręgowców i Hydrobiologii.

Opis osiągnięcia:

1. Rozpoznanie i opisanie molekularnej zmienności skorupiaków obunogich (Amphipoda) w różnej skali geograficznej (artykuły: 1, 3, 4, 5).

Badania prowadzone przeze mnie i współpracowników wykazały skomplikowaną oraz głęboką historię ewolucyjną skorupiaków obunogich oraz niespotykaną dotąd wśród skorupiaków skalę kryptycznej różnorodności ([Mamos i in. 2021a](#), [Wattier i in. 2020](#)), pozwoliły na opisanie, przy pomocy metod taksonomii integratywnej, gatunków nowych dla nauki ([Grabowski i in. 2017a](#), [Mamos i in. 2021a](#)) oraz ujawniły nieznaną dotąd, bogatą różnorodność gatunków głębokowodnych ([Jażdżewska i Mamos 2019](#)).

W pracy [Mamos i in. \(2021a\)](#) zaobserwowałem dwa przeciwne schematy przestrzennego zróżnicowania genetycznego, pierwszy z niską dywergencją na szerokim obszarze geograficznym, sugerujący niedawną ekspansję oraz drugi, gdzie na ograniczonym obszarze można znaleźć wiele zróżnicowanych linii filogenetycznych. Stosując szeroką gamę molekularnych metod analitycznych delimitacji gatunków, zidentyfikowałem szereg molekularnych operacyjnych jednostek taksonomicznych (Molecular Operational Taxonomic Unit, MOTU). Mogą one reprezentować gatunki nowe dla nauki. Badania te ujawniły kontrastujący wzór zróżnicowania molekularnego pomiędzy DNA mitochondrialnym i jądrowym. Ten skomplikowany wzorzec może być wynikiem hybrydyzacji/introgresji lub utrzymaniem ancestralnego polimorfizmu niektórych genów („incomplete lineage sorting”). Dodatkowo, badania potwierdziły występowanie dużo większej, geograficznie uporządkowanej, zmienności mitochondrialnego DNA w porównaniu z niejasnym wzorem zmienności nuklearnego DNA. Jednym z dodatkowych atutów omawianej pracy jest ulepszona baza danych referencyjnych kodów kreskowych, które będą stanowić podstawę dla monitoringu bioróżnorodności opartego o metody molekularne. Badania te, łącząc dane morfologiczne z molekularnymi, umożliwiły opisanie gatunku nowego dla nauki (*G. stasiuki*, Ryc. 1) oraz redeskrypcję *G. tatrensis*, który był uznawany za synonim *G. balcanicus*.

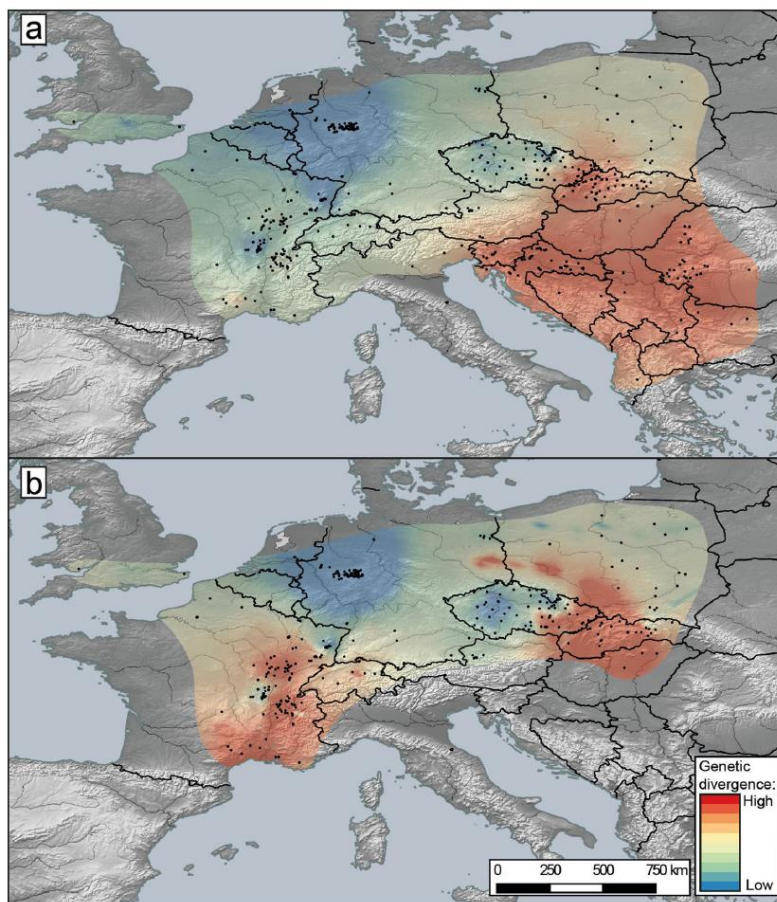
Wskazana praca ujawniła jednocześnie wysoki poziom kryptycznej różnorodności kielży w północnych Karpatach. Publikacja **Mamos i in. (2021a)** była podsumowaniem badań, które realizowałem w ramach projektu NCN MINIATURA 1 „Filogeografia porównawcza organizmów wodnych o różnym potencjale dyspersji w systemach rzecznych Zachodnich Karpat” oraz polsko-słowackiego bilateralnego grantu na wymianę naukowców, którego byłem wykonawcą. Projekty te zaowocowały również publikacjami dotyczącymi struktury genetycznej owadów wodnych w strumieniach i źródłach Karpat (Božánová i in. 2020, Božánová i in. 2021), których pierwszą autorką jest studentka ze Słowacji odbywająca pod moją opieką staż w KZBiH.



Ryc. 1. Nowy dla nauki gatunek kielża *Gammarus stasiuki* Jażdżewski K., Mamos T., Grabowski M. 2021 (fot. T. Mamos).

Prace nad strukturą genetyczną Amphipoda prowadziłem również na *G. fossarum*, który jest gatunkiem kielża bardzo szeroko rozpowszechnionym w Europie (**Wattier i in. 2020**, Rudolph i in. 2018). Jest to modelowy organizm w badaniach ekologicznych i ekotoksykologicznych oraz jeden z bioindykatorów stanu ekologicznego wód słodkich. Badania molekularne, uwzględniające populacje z całego obszaru Europy zasiedlonego przez *G. fossarum*, wykazały, że charakteryzuje się on niespotykanym wcześniej u innych taksonów poziomem różnorodności kryptycznej (**Wattier i in. 2020**). Zdefiniowaliśmy, w zależności od metody analizy danych, między 84 a 152 MOTU, również występujących sympatrycznie, z których wiele z pewnością reprezentuje nowe gatunki. Potwierdza to praca Lagrue i in. 2014,

która dowodzi że dystans 16% (K2p distance) jest definitywną granicą reprodukcyjną u kielży z grupy *G. fossarum*. Biorąc pod uwagę ten dystans mamy do czynienia z przynajmniej 32 gatunkami. Dywergencja między MOTU sięga oligocenu a centra dywersyfikacji znajdują się w południowo-wschodniej Europie, w północnej części Karpat oraz południowej Francji (Ryc. 2). Praca jednoznacznie potwierdziła nie tylko przydatność ale również konieczność użycia barkodingu DNA do identyfikacji gatunków w badaniach ekologicznych, ekotoksykologicznych oraz w szacowaniu bioróżnorodności.



Ryc. 2 Przestrzenny wzór zróżnicowania genetycznego (genetic landscape) *G. fossarum* w Europie. Czarne kropki oznaczają stanowiska poboru prób, Skala barwna odzwierciedla poziom dywergencji genetycznej (niebieski - najniższa, czerwony - najwyższa); a – całość zasięgu, b - z wyłączeniem hiper zmiennego kladu z południowej Europy (Wattier i in 2020).

Innym wynikiem moich badań nad Amphipoda było wyróżnienie i opisanie gatunków nowych dla nauki. W tym celu korzystałem z metod taksonomii integratywnej, łącząc molekularną delimitację gatunków z analizą obrazów ze skaningowego mikroskopu

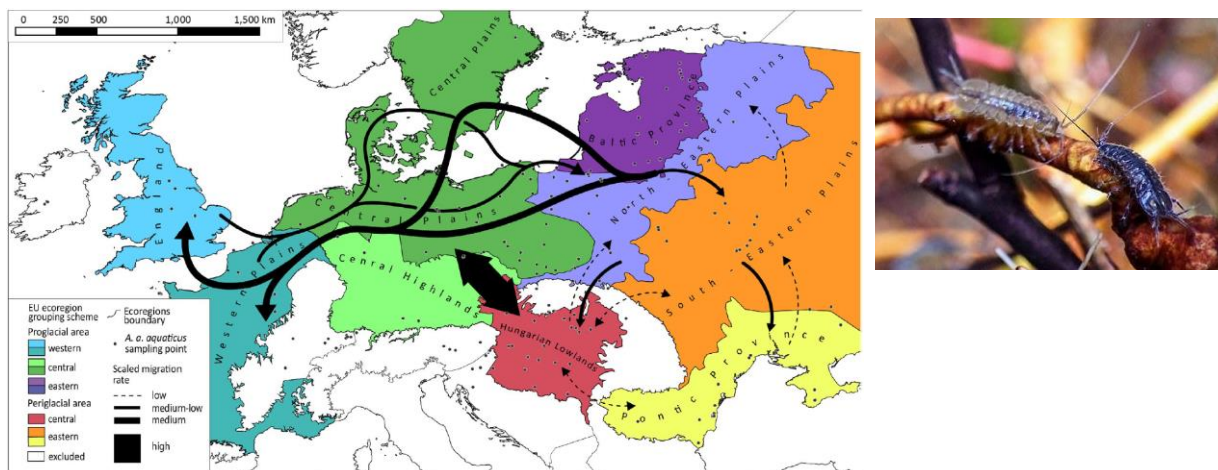
elektronowego (e.g. Rudolph i in. 2018, Hupało i in. 2018, Hupało i in. 2020, **Grabowski i in. 2017a**, **Mamos i in. 2021a**). Badania te były m.in. częścią projektu NCN OPUS 11 pt.: „Neogeńskie i czwartorzędowe wahania poziomu morza a pochodzenie epigeicznej fauny słodkowodnej pancerzowców (Malacostraca) regionu peryadriatyckiego”, którego byłem głównym wykonawcą. Dwie publikacje stanowiły część rozprawy doktorskiej Kamila Hupała (2019, tytuł rozprawy: “Diversity and origin of freshwater amphipods of Mediterranean islands”), gdzie pełniłem funkcję promotora pomocniczego. Publikacja **Grabowski i in. (2017a)** była kontynuacją badań nad endemicznym kompleksem gatunków kielży z Jeziora Ochrydzkiego (Wysocka i in. 2014). W tej pracy, jako pierwsi użyliśmy cech molekularnych do opisu nowych gatunków Amphipoda oraz wskazaliśmy, że mając do czynienia z grupą morfologicznie podobnych gatunków lub gdy właściwa rewizja taksonomiczna jest niemożliwa, ocenę różnorodności gatunkowej można przeprowadzić na podstawie metod delimitacji molekularnej. Co więcej, udowodniliśmy, że bioróżnorodność w najstarszym jeziorze Europy nadal jest nie do końca zbadana. Współpraca przy molekularnych badaniach grupy gatunków obunogów z Jeziora Ochrydzkiego rozwinęła moje zainteresowania specją adaptacyjną. Dlatego postanowiłem zająć się wyjaśnieniem mechanizmów radiacji w starożytnym Jeziorze Ochrydzkim. Jest to częściowo możliwe dzięki nawiązaniu współpracy z jednym z najlepszych ośrodków naukowych, zajmujących się badaniem radiacji: Salzburger Lab, University of Basel w Szwajcarii (pozycja 96 w rankingu Academic Ranking of World Universities 2018-2023). Współpraca ta pozwoliła mi na uzyskanie, w ramach programu im. Bekkera finansowanego przez NAWA, rocznego stażu (2019/2020) w jednostce kierowanej przez prof. Waltera Salzburgera. Realizacja tych badań była również możliwa dzięki grantowi „Integracyjne badania radiacji adaptacyjnej w starożytnych jeziorach - przykład endemicznej grupy gatunków kielży (*Gammarus* spp.) z Jeziora Ochrydzkiego” (2018-2023), który zdobyłem w konkursie NCN OPUS16. Moje badania w tej tematyce przyniosły już pierwsze efekty, czego wyrazem może być zaproszenie mnie do wygłoszenia wykładu plenarnego na prestiżowej konferencji Speciation in Ancient Lakes 9 (18-21 lipiec 2022 Kigoma, Tanzania), tytuł wystąpienia: „Why freshwater amphipods need ancient lakes to diversify?”.

Część moich badań dotyczyła struktury genetycznej oraz demografii organizmów morskich. Przykładem modelowych organizmów w takich badaniach są otwornice (Foraminifera), będące szeroko wykorzystywane w rekonstrukcjach paleoekologicznych. Współpracowałem przy badaniach molekularnych tej grupy ze specjalistami z Instytutu Paleobiologii PAN (Majda i in. 2018, Majewski i in. 2021) a jednym z efektów tej pracy był mój udział w przewodzie doktorskim Anety Majdy w charakterze promotora dodatkowego

(2019, tytuł rozprawy: "Kenozoiczna dyspersja płytkowodnych otwornic bentosowych Antarktyki"). Jednak większość mojej pracy odnośnie organizmów morskich dotyczy obunogów pochodzących z głębin oceanicznych (Jażdżewska i in. 2019, 2021). W pracy Jażdżewska i in. (2019) wykazaliśmy, że Rów Kurylsko-Kamczacki, sięgający prawie 10 tys. metrów p.p.m. jest miejscem występowania dużej liczby MOTU, co daje podstawę dla dalszych prac taksonomicznych, ekologicznych i biogeograficznych. Odkryliśmy że niektóre MOTU są rozpowszechnione po obu stronach Rowu Kurylsko-Kamczackiego, co dowodzi, że nie stanowi on poważnej bariery dla łączności genetycznej u badanych obunogów.

2. Określenie wpływu zlodowaceń plejstocęńskich na historię ewolucyjną i demograficzną kielży z rodzaju *Gammarus* (Amphipoda Gammaridae) oraz ośliczek z rodzaju *Asellus* (Isopoda Asellidae) w Europie (artykuły: 1, 2).

W publikacji Mamos i in. (2021a), wykazałem, że wiele linii filogenetycznych z grupy *G. balcanicus* przetrwało plejstocęńskie zlodowacenia w refugiach kryptycznych, zlokalizowanych w środkowej Europie. Zlodowacenia miały katastrofalny wpływ na różnorodność genetyczną większości organizmów zamieszkujących północną Europę, zmuszając je do schronienia się w refugiach na południowych krańcach kontynentu i powodując lokalne wymierania. W pracy Mamos i in. (2021a), udowodniłem, że plejstocęńskie zlodowacenia miały kluczowy wpływ na specjację tej grupy. Podczas zlodowaceń, populacje przetrwały w rejonach, które prawdopodobnie nie były pokryte lądolodem. Doprowadziło to do izolacji i w konsekwencji wyodrębniania się lokalnych MOTU, a wśród nich prawdopodobnie, odrębnych gatunków. Badania nad filogenezą i filogeografią, w których ujawnione zostało znaczenie refugium plejstocęńskich w kształtowaniu przestrzennej zmienności genetycznej, prowadziłem również na kielżach z grupy *G. roeselii* (Grabowski i in 2017b, Csapo i in. 2020) i na ośliczce (*Asellus aquaticus*) (Sworobowicz i in 2015, Sworobowicz i in. 2020). Szczególnie duży udział miałem w pracy Sworobowicz i in. (2020), gdzie ze współautorami, udowodniłem, że w czasie zlodowacenia plejstocęńskiego, rozległe jeziora peryglacjalne na przedpolach lodowca stworzyły dogodne warunki do życia i dyspersji *A. aquaticus*, a samo zlodowacenie nie wpłynęło na obniżenie poziomu różnorodności genetycznej w lokalnych populacjach tego równonoga (Ryc. 3).

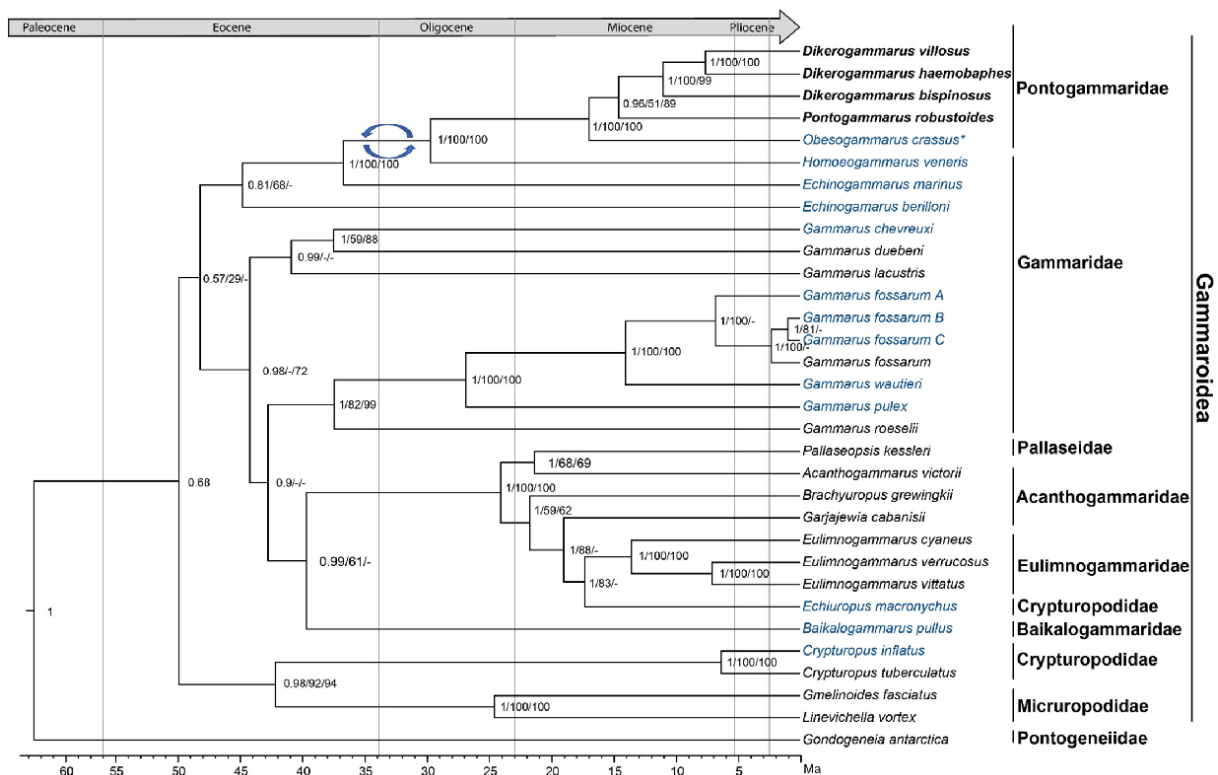


Ryc. 3 Kierunki oraz natężenie (grubość strzałki) dyspersji ośliczki (*A. aquaticus*) (Sworobowicz i in 2020), po prawej stronie zdjęcie ośliczek z jednej z analizowanych populacji (fot. T. Mamos)

3. Ustalenie relacji filogenetycznych, z wykorzystaniem danych wielogenowych, u skorupiaków z nadrodziny Gammaroidea (Amphipoda) oraz ślimaków z rodziny Clausiliidae (Gastropoda) (artykuły: 6, 7)

Metody filogenetyczne wykorzystują również w pracach genomicznych, które są stosunkowo nowym podejściem w badaniach obunogów słodkowodnych. Moje najnowsze prace skupiają się na przygotowaniu referencyjnych genomów oraz transkryptomów dla wybranych modelowych gatunków oraz identyfikacji genów związanych z ich dywersyfikacją i procesami specjacji. Pierwsze moje badania w ramach tego zagadnienia, prezentujące oraz analizujące strukturę mitogenomów inwazyjnych skorupiaków obunogich stanowią część osiągnięcia naukowego (Mamos i in. 2021b). Celem tej pracy była rekonstrukcja filogenezy w obrębie nadrodziny Gammaroidea (Ryc. 4) oraz identyfikacja pojedynczych mutacji (single nucleotide polymorphism - SNP) rozróżniających dwie inwazyjne populacje o różnym pochodzeniu. W pracy wykorzystaliśmy nie tylko nowo zsekwencjonowane dane ale również zrekonstruowaliśmy mitogenomy wszystkich gatunków Gammaroidea, dla których istnieją dane w bazie GenBank (krótkie odczyty 2. generacji sekwencjonowania). Stwierdziłem, że rodzina Gammaridae jest polifiletyczna i wymaga rewizji taksonomicznej. Odkryłem również, że w trakcie ewolucji tej grupy doszło do zmiany lokalizacji pary genów t-RNA. Zmiana ta, charakterystyczna dla kladu zawierającego rodzinę Pontogammaridae i siostrzanego dla niej rodzaju *Homoeogammarus*, zaliczanego dotychczas do rodziny Gammaridae, daje istotną wskazówkę do wyznaczenia nowych granic rodziny Pontogammaridae. Zidentyfikowane SNPy mogą pomóc w monitoringu zmian zasięgu poszczególnych inwazyjnych populacji oraz

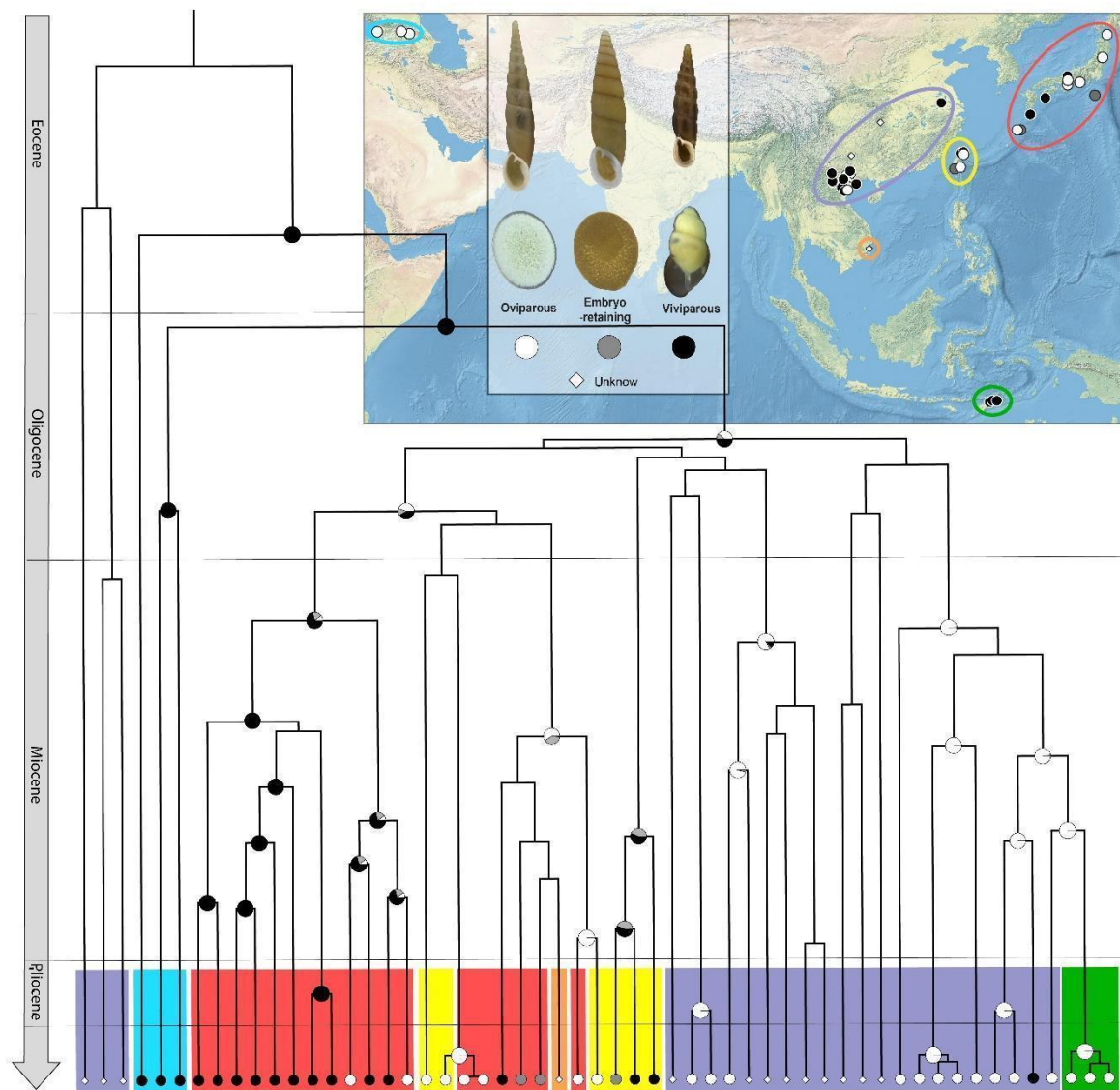
identyfikacji populacji źródłowych ponto-kaspijskich obunogów. Dodatkowo, wyznaczyłem w pracy tempo substytucji dla poszczególnych genów mitochondrialnych, wskazując geny ATP6 i ND6 jako te z najwyższym tempem ewolucji. Współprowadziłem również badania filogenetyczne z wykorzystaniem filogenezy całych genów przy odkryciu i identyfikacji akwaporyn (rodzina genów) u Amphipoda, (Desiderato i in. 2021) oraz przy rekonstrukcji filogenezy akwaporyn u wieloszczetów (Mucciolo i in. 2021).



Ryc. 4 Bayesowska rekonstrukcja filogenezy obunogów z nadrodziny Gammaroidea wykorzystująca pełny zestaw genów mitochondrialnych oraz kalibrację zegarem molekularnym. Nazwy gatunków oznaczone na niebiesko oznaczają nowo uzyskane mitogenomy z danych transkryptomicznych. Strzałki oznaczają moment w filogenezie, w którym doszło do translokacji t-RNA, * oznacza błędnie oznaczony gatunek w bazie GenBank zidentyfikowany w bieżącej pracy (Mamos i in. 2021b)

Dodatkowo, moje zainteresowania ewolucją zwierząt bezkręgowych sprawiły, że włączyłem się w badania strategii rozrodczych u ślimaków lądowych z rodziny Clausiliidae (świdrzyki). Studia nad ewolucją historii życiowych organizmów, w tym strategii rozrodczych, są uznawane za jedną z istotniejszych i bardziej rozwojowych gałęzi biologii ewolucyjnej. Badania te współprowadziłem jako wykonawca w projekcie NCN OPUS 11 "Alternatywne strategie rozrodcze (jajorodność/żyworodność) w filogenezie zróżnicowanej grupy ślimaków

lądowych” kierowanym przez dr hab. Annę Drozd. Mój wkład w badania polegał na analizie danych molekularnych, szczególnie na rekonstrukcji wielomarkerowej filogenezy świdrzyków z południowo-wschodniej Azji, w kontekście ewolucji różnych strategii rozrodczych. Wstępne wyniki badań, stanowiące pierwszą rekonstrukcję historii ewolucyjnej świdrzyków z podrodziny Phaedusinae, zostały opublikowane w czasopiśmie *Molecular Phylogenetics and Evolution* (Mamos et al. 2021c). Korzystając z wielomarkerowej analizy filogenetycznej (Ryc.5) pokazujemy że zmiana sposobu rozrodu od jajorodności przez retencję jaj i żyworodność zachodziła kilkakrotnie w obrębie grupy i prawdopodobnie miała duży wpływ na jej dywersyfikację oraz sukces ewolucyjny. Praca dostarcza istotnych informacji o relacjach filogenetycznych świdrzyków oraz daje podstawy do dalszych badań mających na celu identyfikację czynników stojących za zmianami trybów rozrodczych u ślimaków lądowych.



Ryc. 5 Filogeneza, rekonstrukcja strategii rozrodczych oraz rozmieszczenie badanych ślimaków z rodziny Clausiliidae (Mamos i in. 2021c)

Podsumowanie osiągnięcia:

Prowadzone przeze mnie badania skupiają się na wykorzystaniu metod molekularnych w filogenezie, filogeografii, demografii czy badaniach różnorodności genetycznej bezkręgowców. Badania zaprezentowane w osiągnięciu pokazały po raz pierwszy niezwykle wysoki poziom różnorodności kryptycznej u skorupiaków oraz wskazały, że dywergencja różnych linii filogenetycznych w obrębie konwencjonalnie uznawanych morfogatunków sięga wielu milionów lat wstecz i jest wynikiem działania mechanizmów geologicznych oraz klimatycznych które ukształtowały kontynent europejski. Część obserwowanej zmienności udało się nakreślić, opisując nowe gatunki przy zastosowaniu metod integratywnych lub dzięki analizie zmienności na poziomie DNA. Badania nad różnorodnością obunogów morskich wykazały ich niespodziewane bogactwo w rejonach głębokowodnych oraz to, że rów oceaniczny nie stanowi bariery dla łączności genetycznej między populacjami zamieszkującymi jego krawędzie. Wyniki moich badań pokazały, że zlodowacenia plejstoceny odegrały znaczącą rolę w specjacji oraz demografii skorupiaków zamieszkujących północną i środkową Europę. Zlodowacenia wpłynęły, zarówno na dywersyfikację prowadzącą do powstawania nowych gatunków obunogów jak i na podtrzymanie zmienności i wymianę genów w rejonie peryglacjalnym u ośliczek (Isopoda). Otrzymane wyniki wniosły również istotny wkład w zrozumienie taksonomii Gammaroidea oraz po raz pierwszy pokazały relację i historię ewolucyjną świdrzyków z podrodziny Phaedusinae. Wszystkie badania składające się na osiągnięcie zostały opublikowane w renomowanych czasopismach naukowych oraz, w większości, zawierają pionierskie odkrycia dla wybranych grup bezkręgowców.

5. Informacja o wykazywaniu się istotną aktywnością naukową albo artystyczną realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej.

Najważniejsza działalność naukowa poza Uniwersytetem Łódzkim

Po doktoracie moja najistotniejsza aktywność naukowa poza Uniwersytetem Łódzkim dotyczyła pracy w Walter Salzburger Laboratory, Institute of Zoology, University of Basel w Szwajcarii. Laboratorium Prof. Waltera Salzburgera stanowi jeden z czołowych zespołów zajmujących się tematyką radiacji adaptacyjnej. Pracowałem w tej jednostce przez rok jako post-doc (23.09.2019-22.09.2020) w ramach grantu z programu imienia Bekkera

finansowanego przez Narodową Agencję Wymiany Akademickiej, tytuł projektu “Origin and history of the ancient Lake Ohrid gammarid species flock – an integrative approach for speciation research”. Odbyłem tam również dwa staże z wydziałowych konkursów na finansowanie wyjazdów zagranicznych (10/11.2018, 11/12.2022). Podczas mojego pobytu w Bazylei zajmowałem się przede wszystkim pracą nad endemicznym kompleksem obunogów pochodzących z jeziora Ochrydzkiego. Pierwsza praca o tej tematyce, dotycząca dystrybucji i zmienności kielży w aspekcie głębokościowym, w oparciu o barkoding DNA, jest po pierwszej rundzie recenzji w *Journal of Biogeography* (tytuł manuskryptu: Distribution, diversity and diversification from a DNA barcoding perspective: the case of *Gammarus* radiation in Europe’s oldest inland waterbody - the ancient Lake Ohrid). Część stażu poświęciłem na naukę metod analizy danych z drugiej i trzeciej generacji sekwencjonowania pod okiem bioinformatyków z Salzburger Laboratory. Współpraca ta doprowadziła do rekonstrukcji całych transkryptomów kielży z jeziora Ochrydzkiego i jego okolic, a jej wyniki będą wykorzystane w publikacjach dotyczących molekularnych podstaw radiacji tych skorupiaków. Jednym z dodatkowych osiągnięć, wynikających z pracy na stażach w Bazylei było uzyskanie projektu w ramach konkursu NCN OPUS16, który realizuję we współpracy z Salzburger Laboratory. Dotychczasowym efektem publikacyjnym z tych staży są następujące prace afiliowane przeze mnie do Institute of Zoology, University of Basel: Mamos i in. 2021 a, b, c; Wattier i in. 2020; Sworobowicz i in. 2020; Jażdżewska i in. 2020; Hupało i in. 2020; Csapo i in. 2020; Bozáňová i in. 2020.

Współpracę zagraniczną o dużym znaczeniu prowadzę także z ZooLab, Plant Science and Biodiversity Centre, Slovak Academy of Sciences (SAV). Współpraca ta zaczęła się od mojego półrocznego stażu w SAV, w ramach programu CEEPUS, jeszcze w trakcie trwania doktoratu (12.02.2015-17.08.2015), pod opieką Dr Fedora Ciampora Jr., podczas którego skupiłem się na badaniu zmienności molekularnej bezkręgowców wodnych północnej części Karpat. Efektami tego stażu i współpracy były: projekt NCN w ramach konkursu NCN MINIATURA1, a także bilateralny projekt Polsko-Słowacki na wymianę naukowców, który pozwolił na zebranie bogatego materiału z północnych Karpat oraz na wspólne przygotowanie publikacji. Staż jak i późniejsza współpraca zaowocowały do tej pory trzema publikacjami: Mamos i in. 2021a, Bozáňová i in. 2019, Bozáňová i in. 2020.

Ważną współpracę naukową z Equipe Ecologie Evolutive, Biogeosciences, Universite de Bourgogne we Francji rozpocząłem stażem jeszcze w trakcie realizowania doktoratu, w ramach programu Erasmus (15.10.2011-29.02.2012), pod opieką dr. Remiego Wattier. Ten pierwszy

staż dotyczył głównie nauki pracy w laboratorium molekularnym i związany był z tematyką zmienności genetycznej kielży z grup *Gammarus balcanicus* i *G. fossarum* w Europie. Nawiązana ponad dziesięć lat temu współpraca trwa i rozwija się nadal. Regularnie przebywam w jednostce Biogeosciences we Francji, w ramach wspólnych projektów naukowych, czy też np. realizując program Erasmus+ (17-25.10.2018). Efektem tej współpracy są trzy dobrze cytowane publikacje: Bącela-Spychalska i in. 2018, Mamos i in. 2014, Mamos i in. 2016, Wattier i in. 2020.

6. Informacja o osiągnięciach dydaktycznych, organizacyjnych oraz popularyzujących naukę lub sztukę.

Osiągnięcia dydaktyczne:

W trakcie mojej pracy po doktoracie prowadziłem zajęcia w ramach przedmiotów: Zoologia bezkręgowców (ćwiczenia), hydrobiologia (wykład i ćwiczenia), Biologia zwierząt z zoogeografią (ćwiczenia) dla kierunków Biologia i Ochrona Środowiska I i II stopnia. Wiedzę z dziedziny molekularnej zmienności, filogenetyki i filogeografii wykorzystuję w samodzielnie opracowanym wykładzie monograficznym w języku angielskim „Molecular Ecology” (26 godzin, przedmiot dla studentów II i III stopnia). Współtworzyłem kompleksowe zajęcia „Od genu do ekosystemu”, w ramach których prowadzę wszystkie wykłady oraz część ćwiczeń, przedmiot jest przeznaczony dla studentów II stopnia Ochrony Środowiska. Dodatkowo, współtworzyłem przedmiot „Filogenetyka i ekologia molekularna”, w ramach którego prowadzę wykłady oraz ćwiczenia dla studentów II stopnia Genetyki oraz studentów II stopnia specjalności Genetyka, kierunku Biologia. Od 2017 roku byłem promotorem pomocniczym w dwóch przewodach doktorskich oraz opiekowałem się dwoma pracami licencjackimi i dwoma magisterskimi. Byłem opiekunem studenckich grantów badawczych UŁ oraz regularnie opiekuję się projektami uczniów liceów w ramach projektu UŁ „Zdolny uczeń, świetny student”. Byłem opiekunem dwójki studentów w ramach staży “Student’s Power”. Regularnie opiekuję się zagranicznymi studentami z wymiany akademickiej (np. Erasmus), których prace związane są z badaniami molekularnymi.

Działalność organizatorska oraz popularyzatorska

Pełniłem funkcję zastępcy krajowego członka komitetu zarządzającego akcją CA15219: DNAqua-net (Developing new genetic tools for bioassessment of aquatic ecosystems in Europe) finansowanej przez European Cooperation in Science and Technology (COST) (w latach 2017- 2021).

Byłem członkiem organizacyjnym dwóch konferencji międzynarodowych oraz dwóch krajowych. Regularnie prowadzę szkolenia dotyczące prac laboratoryjnych oraz wykorzystania baz danych molekularnych i analizy danych zarówno na Uniwersytecie Łódzkim jak i w ramach warsztatów i konferencji zewnętrznych (“Wprowadzenie do barkodingu DNA podczas XXVI Ogólnopolskich Warsztatów Bentologicznych w 2019 roku w Spale, Introduction to BOLD podczas 18th International Amphipoda Colloquium, Dijon, Francja 2019). Doświadczenie z przygotowywania kursów naukowym przełożyło się również na moją współpracę z firmą Physalia (physalia-courses.org), które zaowocowały zorganizowaniem dwóch kursów na Wydziale Biologii i Ochrony Środowiska UŁ (DNA-sequence data and phylogenies in biodiversity 2019, Introduction to statistics using R 2020)

Aktywnie uczestniczę w działaniach popularyzujących naukę i promujących Wydział Biologii i Ochrony Środowiska UŁ. Działania popularyzatorskie prowadziłem już w trakcie studiów I stopnia. Brałem wtedy udział w założeniu Sekcji Zoologii Bezkręgowców Studenckiego Koła Naukowego Biologów (SZB SKNB) i byłem członkiem jej zarządu. Jako student, wielokrotnie współorganizowałem akcje promocyjne, takie jak pikniki naukowe UŁ. Po doktoracie nadal brałem udział w różnego rodzaju akcjach promocyjnych (Festiwal Nauki, Techniki i Sztuki w Łodzi, Dni Nauki w Łodzi). Dodatkowo zorganizowałem warsztaty oraz prowadziłem wykłady podczas „Nocy biologów” w 2022 i 2023 roku.

Byłem zaproszonym gościem w lokalnym radiu (Radio Łódź) jako ekspert biolog w audycji Nasze Dzieci. Do działań popularyzatorskich zaliczyć mogę również udział w przygotowaniu dwóch filmów opublikowanych w serwisie YouTube w ramach prowadzonego przeze mnie projektu (<https://youtu.be/o7WNIZPkpVs>, <https://youtu.be/95mF57uoCuk>). Szerokim echem w mediach odbiło się również opisanie ze współautorami nowego dla nauki gatunku *G. stasiuki* (np.: <https://krakow.wyborcza.pl/krakow/7,44425,27977665,na-tropie-gammarus-stasiuki-jak-odkryto-nowy-gatunek-i-skad.html>, <https://lodz.tvp.pl/58023312/lodzcy-naukowcy-odkryli-nowy-gatunek-skorupiakov>, <https://gorlice.naszemiasto.pl/gorlickie-w-beskidzkich-potokach-zyje-nowy-gatunek/ar/c15-8635019>, <https://www.thefirstnews.com/tag/Gammarus%20Stasiuki>, <https://www.lem.fm/na-lemkovini-vystupuye-gammarus-stasiuki/>).

7. Inne informacje:

Pozostałe istotne aktywności oraz osiągnięcia:

Miałem znaczący udział w powstaniu oraz rozwoju laboratorium ekologii molekularnej przy Katedrze Zoologii Bezkręgowców i Hydrobiologii UŁ, na co wpłynęło moje

doświadczenie oraz wiedza zdobyta podczas staży w jednostkach zagranicznych i kursów biologii molekularnej.

Brałem udział w ponad 20 ekspedycjach naukowych (również jako organizator), głównie do południowej Europy (Półwysep Bałkański, Płw. Apeniński), podczas których zebrałem materiał stanowiący znaczną część kolekcji Katedry Zoologii Bezkręgowców i Hydrobiologii Uniwersytetu Łódzkiego, będący podstawą do publikacji wielu artykułów naukowych.

W 2019 roku, grupa badawcza, do której należę, otrzymała Nagrodę Naukową Rektora Uniwersytetu Łódzkiego I stopnia za cykl publikacji pt. "Ewolucja i struktura bioróżnorodności wód śródlądowych Europy: niespodziewanie wysoki poziom różnorodności gatunkowej oraz nowe transeuropejskie scenariusze historycznych i współczesnych kolonizacji ekosystemów słodkowodnych na przykładzie skorupiaków i ich symbiontów".

Otrzymałem Nagrodę Rektora Uniwersytetu Łódzkiego za istotny wkład w osiągnięcia przedstawione do ewaluacji dyscypliny nauk biologicznych w latach 2017-2021 oraz nagrodę indywidualną Dziekana Wydziału Biologii i Ochrony Środowiska za wysoką aktywność w 2020 roku w zakresie upowszechniania badań w grupie 10% najlepszych czasopism z bazy JCR.

Dwukrotnie (2017, 2019) otrzymałem granty konferencyjne European Cooperation in Science and Technology (COST, Action CA15219) inclusiveness target countries (ITC).


W trakcie studiów doktorskich kilkakrotnie otrzymałem stypendium Rektora Uniwersytetu Łódzkiego dla najlepszych studentów oraz granty badawcze Wydziału Biologii i Ochrony Środowiska UŁ dla młodych badaczy.

Literatura:

- Bącela-Spychalska, K., Wróblewski, P., Mamos, T., Grabowski, M., Rigaud, T., Wattier, R., Rewicz, T., Konopacka, A., Ovcharenko, M. 2018. Europe-wide reassessment of Dictyocoela (Microsporidia) infecting native and invasive amphipods (Crustacea): molecular versus ultrastructural traits. *Scientific Reports* 8, 8945.
- Božáňová, J., Čiamporová-Zat'ovičová, Z., Čiampor, F., Jr., Mamos, T., Grabowski, M. 2020. The tale of springs and streams: how different aquatic ecosystems impacted the mtDNA population structure of two riffle beetles in the Western Carpathians. *PeerJ* 8, e10039.
- Božáňová, J., Čiampor, F., Mamos, T., Grabowski, M., Čiamporová-Zat'ovičová, Z. 2021. DNA barcodes evidence the contact zone of eastern and western caddisfly lineages in the Western Carpathians. *Sci Rep-Uk* 11, 24020.
- Csapo, H., Krzywozniak, P., Grabowski, M., Wattier, R., Bącela-Spychalska, K., Mamos, T., Jelic, M., Rewicz, T. 2020. Successful post-glacial colonization of Europe by single lineage of freshwater amphipod from its Pannonian Plio-Pleistocene diversification hotspot. *Sci Rep* 10, 18695.

- Desiderato, A., Mamos, T., Rewicz, T., Burzynski, A., Mucciolo, S. 2021. First Glimpse at the Diverse Aquaporins of Amphipod Crustaceans. *Cells* 10, 3417.
- Freeland, J.R. 2020. *Molecular Ecology*. Wiley Blackwell. ISBN: 978-1-119-42615-8
- Avise, J.C. 1994. *Molecular Markers, Natural History and Evolution*. Springer New York, NY. ISBN978-0-412-03781-8
- Grabowski, M., Rewicz, T., Bącela-Spychalska, K., Konopacka, A., Mamos, T., Jażdżewski, K. 2012. Cryptic invasion of Baltic lowlands by freshwater amphipod of Pontic origin. *Aquatic Invasions* 7, 337-346.
- Grabowski, M., Mamos, T., Bącela-Spychalska, K., Rewicz, T., Wattier, R. A. 2017. Neogene paleogeography provides context for understanding the origin and spatial distribution of cryptic diversity in a widespread Balkan freshwater amphipod. *PeerJ* 5, e3016.
- Grabowski, M., Wysocka, A., Mamos, T. 2017. Molecular species delimitation methods provide new insight into taxonomy of the endemic gammarid species flock from the ancient Lake Ohrid. *Zoological Journal of the Linnean Society* 20, 1-14.
- Hebert, P. D., Cywinska, A., Ball, S. L., deWaard, J. R. 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 270, 313-321.
- Hupało, K., Mamos, T., Wrzesinska, W., Grabowski, M. 2018. First endemic freshwater Gammarus from Crete and its evolutionary history-an integrative taxonomy approach. *PeerJ* 6, e4457.
- Hupało, K., Karaouzas, I., Mamos, T., Grabowski, M. 2020. Molecular data suggest multiple origins and diversification times of freshwater gammarids on the Aegean archipelago. *Sci Rep-Uk* 10, 19813.
- Jażdżewska, A. M., Mamos, T. 2019. High species richness of Northwest Pacific deep-sea amphipods revealed through DNA barcoding. *Progress in Oceanography* 178, 102184.
- Jażdżewska, A. M., Rewicz, T., Mamos, T., Wattier, R., Bącela-Spychalska, K., Grabowski, M. 2020. Cryptic diversity and mtDNA phylogeography of the invasive demon shrimp, *Dikerogammarus haemobaphes* (Eichwald, 1841), in Europe. *Neobiota*, 53-86.
- Jażdżewska, A. M., Horton, T., Hendrycks, E., Mamos, T., Driskell, A. C., Brix, S., Arbizu, P. M. 2021. Pandora's Box in the Deep Sea –Intraspecific Diversity Patterns and Distribution of Two Congeneric Scavenging Amphipods. *Frontiers in Marine Science* 8.
- Karaman, G., Pinkster, S. 1987. Freshwater Gammarus species from Europe, North Africa and adjacent regions of Asia (Crustacea-Amphipoda). Part III. *Gammarus balcanicus*-group and related species. *Bijdragen tot de Dierkunde* 57, 207-260.
- Lagrange, C., Wattier, R., Galipaud, M., Gauthey, Z., Rullmann, J. P., Dubreuil, C., Rigaud, T., Bollache, L. 2014. Confrontation of cryptic diversity and mate discrimination within *Gammarus pulex* and *Gammarus fossarum* species complexes. *Freshwater Biology* 59, 2555-2570.
- Majda, A., Majewski, W., Mamos, T., Grabowski, M., Godoi, M. A., Pawłowski, J. 2018. Variable dispersal histories across the Drake Passage: The case of coastal benthic Foraminifera. *Mar Micropaleontol* 140, 81-94.
- Majewski, W., Holzmann, M., Gooday, A. J., Majda, A., Mamos, T., Pawłowski, J. 2021. Cenozoic climatic changes drive evolution and dispersal of coastal benthic foraminifera in the Southern Ocean. *Sci Rep-Uk* 11, 19869.
- Mamos, T., Wattier, R., Majda, A., Sket, B., Grabowski, M. 2014. Morphological vs. molecular delineation of taxa across montane regions in Europe: the case study of *Gammarus balcanicus* Schäferna, 1922 (Crustacea: Amphipoda). *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research* 52, 237-248.

- Mamos, T., Wattier, R., Burzyński, A., Grabowski, M. 2016. The legacy of a vanished sea: a high level of diversification within a European freshwater amphipod species complex driven by 15 My of Paratethys regression. *Molecular ecology* 25, 795-810.
- Mamos, T., Jażdżewski, K., Ciamporova-Zatovicova, Z., Ciampor, F., Jr., Grabowski, M. 2021a. Fuzzy species borders of glacial survivalists in the Carpathian biodiversity hotspot revealed using a multimarker approach. *Sci Rep* 11, 21629.
- Mamos, T., Grabowski, M., Rewicz, T., Bojko, J., Strapagiel, D., Burzyński, A. 2021b. Mitochondrial Genomes, Phylogenetic Associations, and SNP Recovery for the Key Invasive Ponto-Caspian Amphipods in Europe. *International Journal of Molecular Sciences* 22, 10300.
- Mamos, T., Uit de Weerd, D., von Oheimb, P. V., Sulikowska-Drozd, A. 2021c. Evolution of reproductive strategies in the species-rich land snail subfamily Phaedusinae (Stylommatophora: Clausiliidae). *Molecular phylogenetics and evolution* 158, 107060.
- Mucciolo, S., Desiderato, A., Salonna, M., Mamos, T., Prodocimo, V., Di Domenico, M., Mastrototaro, F., Lana, P., Gissi, C., Calamita, G. 2021. Finding Aquaporins in Annelids: An Evolutionary Analysis and a Case Study. *Cells* 10, 3562.
- Rudolph, K., Coleman, C. O., Mamos, T., Grabowski, M. 2018. Description and post-glacial demography of *Gammarus Jażdżewskii* sp. nov. (Crustacea: Amphipoda) from Central Europe. *Systematics and Biodiversity* 16, 587–603.
- Sworobowicz, L., Grabowski, M., Mamos, T., Burzynski, A., Kilikowska, A., Sell, J., Wysocka, A. 2015. Revisiting the phylogeography of *Asellus aquaticus* in Europe: insights into cryptic diversity and spatiotemporal diversification. *Freshwater Biology* 60, 1824-1840.
- Sworobowicz, L., Mamos, T., Grabowski, M., Wysocka, A. 2020. Lasting through the ice age: The role of the proglacial refugia in the maintenance of genetic diversity, population growth, and high dispersal rate in a widespread freshwater crustacean. *Freshwater Biology* 65, 1028-1046.
- Wattier, R., Mamos, T., Copilas-Ciocianu, D., Jelic, M., Ollivier, A., Chaumot, A., Danger, M., Felten, V., Piscart, C., Zganec, K., Rewicz, T., Wysocka, A., Rigaud, T., Grabowski, M. 2020. Continental-scale patterns of hyper-cryptic diversity within the freshwater model taxon *Gammarus fossarum* (Crustacea, Amphipoda). *Sci Rep* 10, 16536.
- Wysocka, A., Grabowski, M., Sworobowicz, L., Mamos, T., Burzyński, A., Sell, J. 2014. Origin of the Lake Ohrid gammarid species flock: ancient local phylogenetic lineage diversification. *Journal of Biogeography* 41, 1758-1768.



 (podpis wnioskodawcy)