



dr hab. Anetta Borkowska, prof. UWB
Katedra Zoologii i Genetyki
Wydział Biologii
Uniwersytet w Białymstoku
tel. 85 738 83 81/84 13
e-mail: abork@uwb.edu.pl

Białystok, 18.07.2023 r.

Ocena osiągnięć naukowych oraz aktywności naukowej

dr. Macieja Konopińskiego

sporządzona w postępowaniu w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego
nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne

Ocena osiągnięć naukowych oraz aktywności naukowej dr. Macieja Konopińskiego została sporządzona na podstawie przepisu art. 221 ust. 8 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz.U. z 2023 r., poz. 742.; dalej ustawa) w postępowaniu w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego, wszczętego w dniu 24 stycznia 2023 r. i prowadzonego przez Komisję Uniwersytetu Łódzkiego ds. stopni naukowych w dyscyplinie nauki biologiczne. Stosownie do wymagań określonych w art. 221 ust. 8 ustawy, przedmiotem recenzji była ocena czy osiągnięcia naukowe przedstawione przez Habilitanta odpowiadają wymaganiom określonym w art. 219 ust. 1 pkt 2., stanowiąc znaczny wkład w rozwój dyscypliny nauki biologiczne. Dodatkowo oceniono aktywność naukową Habilitanta w rozumieniu art. 219 ust. 1 pkt 3 ustawy.

Dr Maciej Konopiński ukończył studia magisterskie i otrzymał tytuł zawodowy magistra biologii w 1997 roku na Wydziale Biologii i Nauk o Ziemi Uniwersytetu Jagiellońskiego. Po ukończeniu studiów magisterskich podjął pracę w firmie Arbor Instruments, zajmującej się importem i sprzedażą odczynników i aparatury do badań genetycznych. W 1998 roku pracował krótko (X-XII) w Laboratorium Genetycznym Katedry Hodowli Roślin i Nasiennictwa Akademii Rolniczej w Krakowie. Od 2000 r. naukowo związany jest z Instytutem Ochrony Przyrody Polskiej Akademii Nauk w Krakowie. Początkowo zatrudniony był tam jako pracownik badawczo-techniczny (2000-2007), asystent (2007-2009), następnie jako adiunkt (2009-2018) a obecnie pracuje na stanowisku badawczo-technicznym. W 2001 roku, będąc na urlopie naukowym, odbył półroczny staż w Laboratorium Genetyki Ewolucyjnej na Uniwersytecie Barcelońskim w Hiszpanii. Tytuł doktora nauk biologicznych obronił w 2008 r. w jednostce, w której jest obecnie zatrudniony. Rozprawa doktorska zatytułowana „Zmienność genetyczna i asymetria fluktuacyjna u niepylaka mnemozyny (*Parnassius*

mnemosyne L.) w Polsce” została przygotowana pod opieką promotorską prof. dr hab. Henryka Okarmy.

Zainteresowania naukowe Habilitanta od początku jego kariery naukowej były związane z ekologią molekularną i genetyką populacji. W latach 1999-2002 udało mu się pozyskać środki i zorganizować Laboratorium Różnorodności Genetycznej w IOP PAN. Doświadczenie w zakresie badania zmienności sekwencji genów receptorów węchowych u *Drosophila melanogaster* i *D. pseudoobscura* zdobył podczas półrocznego stażu na Uniwersytecie Barcelońskim. Już przed uzyskaniem stopnia doktora Habilitant rozpoczął pracę w różnych grupach badawczych. Uczestniczył m.in. w badaniach zmienności genetycznej w populacjach wilka we wschodnich Niemczech, rysia euroazjatyckiego i susła perełkowanego w Polsce. Po uzyskaniu stopnia doktora, zainteresowania badawcze dr. Macieja Konopińskiego dotyczyły m.in. hybrydyzacji międzygatunkowej u ryb, mechanizmów powstawania stanu zapalnego i jego roli w systemie odpornościowym oraz mechanizmów kształtujących zmienność genetyczną gatunków rozszerzających swój zasięg. Wiele jego publikacji naukowych i ekspertyz przygotowanych na zlecenie dotyczy szeroko pojętej ochrony przyrody, w tym monitoringu i ochrony gatunków ginących i chronionych w Polsce, takich jak wilk, niedźwiedź czy suseł perełkowany i moręgowany. W ramach szkoleń i staży dr Maciej Konopiński rozwijał umiejętności zastosowania technik sekwencjonowania nowej generacji i znajomość programowania, co pozwoliło na rozszerzenie zainteresowań naukowych o badania genomowe i teoretyczne aspekty genetyki populacyjnej. Jego dalsze plany badawcze są dobrze sprecyzowane w kierunku badań zmienności genomów z zastosowaniem metod RAD-seq i exome-capture w procesach hybrydyzacji i ekspansji gatunków oraz problemów teoretycznych, dotyczących standaryzacji miar zmienności w loci o różnym poziomie polimorfizmu, wyboru metod resamplingu danych oraz wpływu błędów systematycznych w danych NGS na oszacowanie różnych miar zmienności i testy statystyczne oceniające migracje czy zmiany demograficzne w populacji.

I. Ocena osiągnięcia naukowego będącego podstawą ubiegania się o nadanie stopnia doktora habilitowanego

Dr Maciej Konopiński jako osiągnięcie naukowe, będące podstawą ubiegania się o nadanie stopnia doktora habilitowanego, zgodnie z art. 219 ust. 1 pkt 2 lit. b ustawy, wskazał cykl powiązanych tematycznie artykułów naukowych opublikowanych w czasopiśmie naukowych, które w roku opublikowania w ostatecznej formie, były ujęte w wykazie sporządzonym zgodnie z przepisami wydanymi na podstawie art. 267 ust.2 pkt 2 lit. b ustawy. Osiągnięcie naukowe zatytułowane „Mechanizmy ewolucyjne kształtujące różnorodność genetyczną gatunków w procesie ekspansji” stanowi sześć artykułów naukowych opublikowanych w latach 2007-2022 w języku

angielskim, w recenzowanych czasopismach naukowych o zasięgu międzynarodowym, klasyfikowanych w bazie *Journal Citation Reports: Evolutionary Applications* (2 prace), *Hystrix. The Italian Journal of Mammalogy*, *Journal of Fish Biology*, *PeerJ* oraz *PLOS ONE*.

Cykl artykułów przedstawionych w w/w osiągnięciu naukowym stanowi spójną całość pod względem tematycznym. Pięć pierwszych prac dotyczy zmienności genetycznej gatunków, które powiększyły swój zasięg w różnej skali czasowej oraz mechanizmów odpowiedzialnych za kształtowanie tej zmienności. Ostatnia praca włączona do osiągnięcia (praca nr 6, *PeerJ* 2020) jest pracą metodyczną dotyczącą poprawności szacowania wartości indeksu różnorodności Shannona na podstawie danych genetycznych. W tej pracy dr Maciej Konopiński jest jedynym autorem. W czterech publikacjach wchodzących w skład osiągnięcia (*J. Fish Biol.*, *PLOS ONE*, *Evol. Appl.* 2022 i *Hystrix*) Habilitant jest pierwszym autorem, pełniąc jednocześnie rolę autora korespondencyjnego w pracach nr 1, 2 i 4 (*J. Fish Biol.*, *PLOS ONE* i *Evol. Appl.* 2022). W pracy nr 3 (*Evol. Appl.* 2019) Habilitant jest drugim z pięciu autorów. Według oświadczeń dr. Macieja Konopińskiego, jego udział w powstanie prac wieloautorskich był wiodący i polegał na zaplanowaniu koncepcji badań, wykonaniu analiz laboratoryjnych, opracowaniu statystycznym wyników, napisaniu całego lub części manuskryptu i przygotowaniu odpowiedzi na uwagi recenzentów. Prace badawcze zostały przeprowadzone w ramach współpracy Habilitanta z naukowcami z rodzimego Instytutu, Instytutu Biologii Ssaków PAN w Białowieży, Uniwersytetu Rzeszowskiego oraz jednostek zagranicznych: z Czech, Kanady, Słowacji i USA. Sfinansowane zostały ze środków projektów NCN/MNiSW, których kierownikiem lub wykonawcą był Habilitant.

Problematyka poruszana przez dr. Macieja Konopińskiego w pracach stanowiących osiągnięcie naukowe dotyczy przede wszystkim zmienności genetycznej populacji gatunków w ekspansji i mechanizmów ewolucyjnych kształtujących tę zmienność. Habilitant prześledził ten problem w różnej skali czasowej, analizując kolonizację postglacjalną u brzanki *Barbus carpaticus*, ekspansję Europy przez inwazyjny gatunek jakim jest szop pracz *Procyon lotor* i zasiedlanie terenów miejskich przez ulegające synantropizacji populacje dzika *Sus scrofa*. Postawione hipotezy badawcze Habilitant testował wykorzystując różnorodne markery molekularne (loci mikrosatelitarnego DNA, sekwencje genów mitochondrialnych *cytB*, *ND2*, *ATP*, genu MHC-DRB, całe transkryptomy) oraz techniki badań laboratoryjnych (analiza polimorfizmu długości fragmentów DNA, sekwencjonowanie Sangera, sekwencjonowanie NGS). W pracy metodycznej (praca nr 6, *PeerJ* 2020) Habilitant napisał własną funkcję do obliczenia czterech różnych estymatorów indeksu różnorodności Shannona z danych genetycznych w celu oceny ich wrażliwości na wielkość prób, liczbę alleli w locus czy tempo mutacji.

Za bardzo cenne, niekwestionowane osiągnięcia Habilitanta uzyskane w przedstawionym cyklu artykułów naukowych, stanowiące jego znaczący wkład w rozwój dyscypliny nauki biologiczne, w myśl art. 219 ust. 1 pkt 2 ustawy, uważam:

1. Wyjaśnienie wzorca zmienności genetycznej w zasięgu brzanki (*B. carpaticus*) jako wyniku postglacjalnej kolonizacji dorzecza Wisły i Dunajca. Wyniki badań molekularnych wskazują, iż gatunek powstał na początku holocenu. Brzanka pokonywała wododziały co najmniej 6 razy, a w obecnym jej zasięgu można znaleźć genetyczne ślady trzech fal ekspansji. Niski poziom zmienności genetycznej jest najprawdopodobniej efektem przejścia kilkukrotnych spadków liczebności w okresie zwiększania zasięgu (praca 1, *J. Fish Biol.* 2007 i praca 2, *PLOS ONE* 2013).
2. Oszacowanie poziomu zmienności genu głównego kompleksu zgodności tkankowej (MHC-DRB) u szopa pracza (*P. lotor*) i wykazanie, że populacja europejska posiada znacznie niższy poziom zmienności allelicznej niż populacja amerykańska, przy zachowaniu wysokiego zróżnicowania sekwencji tego genu. Stworzony model pozwolił wyjaśnić wpływ spadku liczby alleli na funkcjonalne warianty genu MHC-DRB. Habilitant wraz ze współautorami wykazał, że u szopa istnieją mechanizmy, które promują genotypy bardziej zróżnicowane pod względem liczby supertypów MHC. Mogą one powstrzymać spadek zmienności w loci będących pod wpływem doboru (praca 3, *Evol. Appl.* 2019).
3. Wykazanie na podstawie analizy transkryptomów, iż dobór naturalny utrzymuje zmienność funkcjonalną genów odporności w populacjach z inwazyjnej części zasięgu szopa pracza, mimo utraty części zmienności neutralnej na skutek dryfu genetycznego. Habilitant wraz ze współautorami wskazał trzy grupy genów odporności wrodzonej, które znajdowały się pod wpływem doboru równoważącego, co najprawdopodobniej pozwala szopom na skuteczną obronę przed patogenami napotykanymi w nowym zasięgu (praca 4, *Evol. Appl.* 2022)
4. Wykazanie odrębności genetycznej populacji dzików żyjących w mieście w porównaniu do populacji podmiejskich i wskazanie naukowych podstaw dla wypracowania strategii zarządzania populacjami dzikich parzystokopytnych w przestrzeni miejskiej, które wchodzi w konflikt z człowiekiem (praca 5, *Hystrix* 2022)
5. Wykazanie, że poziom zmienności (liczba alleli w locus) wpływa na oszacowanie indeksu Shannona (H) dla prób różniących się wielkością a korzystanie z oryginalnego estymatora w badaniach genetycznych jest błędne, z wyjątkiem bardzo dużych liczebnie prób. Habilitant stworzył nową funkcję do obliczenia nieobciążonych estymatorów H na podstawie danych genetycznych (praca 6, *PeerJ* 2020).

Podsumowując, przedstawiony przez dr. Macieja Konopińskiego zbiór sześciu prac naukowych, wskazany jako podstawa ubiegania się o nadanie stopnia doktora habilitowanego stanowi, w mojej opinii, oryginalne osiągnięcie badawcze. Ma ono duże znaczenie dla rozwoju filogeografii i genetyki populacyjnej, wnosząc istotny wkład w zrozumienie procesów ekspansji gatunków oraz mechanizmów ewolucyjnych kształtujących zmienność genetyczną gatunków rozszerzających swój zasięg w różnej skali czasowej.

Należy podkreślić, że każda z prac stanowiących osiągnięcie naukowe dr. Macieja Konopińskiego ma wysoką wartość naukową. Wszystkie ukazały się w najlepszych czasopismach naukowych publikujących wyniki badań z zakresu nauk biologicznych, w szczególności biologii ewolucyjnej. Dwie prace zostały opublikowane w czasopiśmie *Evolutionary Applications* promującym zastosowanie nowoczesnych metod badawczych, w tym analiz sekwencjonowania wielkoskalowego czy transkryptomów do szukania odpowiedzi na ważne problemy biologii konserwatorskiej, ochrony środowiska czy gospodarowania populacjami zwierząt. Sumaryczny współczynnik wpływu (IF) czasopism w chwili publikacji artykułów wynosił 18,66, natomiast punktacja MEiN zgodnie z rokiem opublikowania – 580 pkt., co jest wynikiem bardzo dobrym. Wyniki badań opisane w przedstawionym do oceny cyklu artykułów cieszą się zainteresowaniem społeczności naukowej. Według Web of Science do chwili obecnej były cytowane 61 razy, z czego praca nr 6 wydana w *PeerJ* w roku 2020 – 43 razy.

Wskazane przez dr. Macieja Konopińskiego osiągnięcie naukowe w postaci cyklu sześciu powiązanych tematycznie publikacji stanowi, moim zdaniem, istotny wkład Habilitanta w rozwój dyscypliny nauki biologiczne, w rozumieniu art. 219 ust. 1 pkt 2 ustawy i może być podstawą do nadania stopnia doktora habilitowanego nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauki biologiczne.

II. Ocena pozostałych osiągnięć i aktywności naukowej

1. Publikacje naukowe

Dorobek naukowy dr. Macieja Konopińskiego jest zróżnicowany tematycznie. Razem z cyklem sześciu artykułów będącym podstawą ubiegania się o nadanie stopnia doktora habilitowanego, stanowi go 29 publikacji naukowych, autorskich lub współautorskich, z czego 17 zostało opublikowanych w czasopismach znajdujących się w bazie JCR i 12 publikacji w czasopismach spoza bazy JCR (6 rozdziałów w monografiach i 6 artykułów). Zdecydowana większość prac koncentruje się wokół zagadnień dotyczących bioróżnorodności oraz genetyki konserwatorskiej, genetyki populacyjnej i filogeografii, często gatunków chronionych takich jak np. suseł perełkowany, ryś

euroazjatycki, wilk szary czy motyl niepylak mnemozyna. Są też prace z zakresu immunologii i prace poświęcone metodom analizy danych genetycznych.

W dorobku Habilitanta znajduje się kilka pozycji przedstawiających wyniki badań mających znaczący wkład w rozwój nauk biologicznych, w szczególności te z zakresu genetyki konserwatorskiej i populacyjnej oraz filogeografii. W mojej ocenie zaliczyć do nich można najlepiej cytowane prace, niewłączone do osiągnięcia naukowego, dotyczące: 1) historii ewolucyjnej niepylaka mnemozyny: Gratton et al., *Mol. Ecol.* 2008 (71 cytacji wg Web of Science), 2) zmienności genetycznej populacji rysia euroazjatyckiego: Schmidt et al., *Mammal Rev.* 2011 (44 cytacje) i Ratkiewicz et al., *Anim. Conserv.* 2012 (25 cytacji) oraz 3) zmienności genetycznej wilka i hybrydyzacji wilka z psem domowym: Czarnomska et al., *Conserv. Genet.* 2013 (54 cytacje) i Pilot et al. *Evol. Appl.* 2018 (43 cytacje). Prace te mają ugruntowaną pozycję w literaturze tematu i wywarły duży wpływ na rozwój badań w tym zakresie.

Praca Gratton et al., *Mol. Ecol.* 2008, w powstanie której Habilitant miał znaczący udział, dotyczy historii ewolucyjnej niepylaka mnemozyny w Europie. Razem z badaczami z Uniwersytetu Tor Vergata w Rzymie, dr Maciej Konopiński przeprowadził analizę zmienności sekwencji genu mitochondrialnego COI u niepylaka z centralnej i wschodniej Europy. Otrzymany wzór zmienności był wyraźnie związany ze zmianami klimatycznymi obserwowanymi w plejstocenie. Badacze zaproponowali prawdopodobne szlaki migracji tego gatunku i lokalizację refugium glacialnych oraz czas rozejścia się linii filogenetycznych, wykorzystując do tego celu dane molekularne i paleoekologiczne.

Analizy molekularne prób wykonane przez Habilitanta w badaniach dotyczących zmienności genetycznej rysia euroazjatyckiego oraz wilka i opisane w pracach opublikowanych w *Mammal Rev.* 2011, *Anim. Conserv.* 2012, *Conserv. Genet.* 2013 i *Evol. Appl.* 2018 pozwoliły wykryć wysoki stopień dywergencji populacji rysia na zachodniej granicy jego zasięgu czy obecność mieszańców wilka z psem domowym w większości europejskich populacji wilka. Badania te są bardzo istotne w planowaniu skutecznej ochrony dużych drapieżników, takich jak ryś czy wilk w przekształconym krajobrazie Europy.

Znaczący wkład w rozwój metod analiz danych genetycznych mają także metodyczne prace dr. Macieja Konopińskiego. Wcześniej opisane zostało znaczenie pracy nr 6 włączonej w skład osiągnięcia habilitacyjnego (*PeerJ* 2020). Warto jednak zauważyć wkład Habilitanta w rozwój metod analitycznych wyników sekwencjonowania nowej generacji i zaproponowaną przez niego nową metodę szacowania różnorodności nukleotydowej z danych sekwencyjnych zawierających brakujące nukleotydy. Osiągnięcie to, pokazujące dynamiczny rozwój warsztatu metodologicznego Habilitanta, opisane jest w pracy z 2022 roku, opublikowanej w *Molecular Ecology Resources*.

Biorąc pod uwagę specjalizację naukową dr. Macieja Konopińskiego, wskaźniki naukometryczne jego prac naukowych są bardzo dobre: łączny IF wszystkich publikacji wynosi 58,6, liczba cytowań bez autocytacji wynosi 327, a indeks h – 9 (wg Web of Science).

Warto podkreślić, że Habilitant jest także popularyzatorem nauki z zakresu ekologii molekularnej i ochrony przyrody. Swoje osiągnięcia badawcze i metodyczne przedstawił w artykułach naukowych i popularno-naukowych oraz rozdziałach w monografiach naukowych spoza listy JCR, takich jak „Różnorodność biologiczna Polski” (2003, red. Andrzejewski i Weigle), „Integralna ochrona przyrody” (2007, red. Grzegorzczak) czy „Łowiectwo” (2008, red. Okarma i Tomek). Książki te stały się dziś uznanymi podręcznikami akademickimi.

2. Udział w konferencjach naukowych i realizacja projektów badawczych

Doktor Maciej Konopiński brał czynny udział w 17 konferencjach krajowych i zagranicznych, prezentując wyniki swoich badań, w tym w 8 konferencjach po uzyskaniu stopnia doktora. Habilitant zrealizował jako wykonawca 9 projektów badawczych finansowanych ze środków KBN i MNiSW. Był kierownikiem trzech projektów: dwóch grantów KBN (1999-2001, i 2004-2007) i grantu MNiSW (2011-14). Obecnie jest wykonawcą w granicie NCN (2021-2025). Na uwagę zasługuje także działalność ekspercka Habilitanta. Jest on twórcą pięciu ekspertyz genetycznych i ekologicznych wykonanych na potrzeby Senckenberg Museum für Naturkunde z Görlitz w Niemczech (2002 i 2007), PTOP Salamandra (2015), Tatrzańskiego Parku Narodowego (2016) i spółki Mentor (2020).

3. Aktywność naukowa realizowana w ramach funkcjonowania innych uczelni i instytucji naukowych, w szczególności zagranicznych

Aktywność naukową poza macierzystą jednostką badawczą dr Maciej Konopiński prowadził zarówno przed jak i po uzyskaniu stopnia doktora. W 2001 roku przebywał na stypendium (stażu badawczym) z programu *Marie Curie Fellowship* na Uniwersytecie Barcelońskim, gdzie prowadził badania w grupie prof. Montserrat Aguade. W latach 2014-2016 brał udział w badaniach prowadzonych w Collegium Medicum Uniwersytetu Jagiellońskiego, które dotyczyły funkcjonowania receptorów białkowych w systemie odpornościowym myszy. Efektem tej współpracy są dwie współautorskie publikacje: Biedroń et al. 2015, *PLOS ONE* i Peruń et al. 2016, *Immun. Cell Biol.* W 2016 roku Habilitant prowadził badania w Forschungsinstitut Senckenberg w Gelnhausen (Niemcy) nad wykorzystaniem mikrochipów do identyfikacji osobniczej niedźwiedzi. W 2020 roku w ramach programu COST (European Cooperation in Science and Technology: CA18134 – Genomic Biodiversity Knowledge for Resilient Ecosystems) uczestniczył w badaniach zmian poziomu różnorodności genetycznej organizmów wolnożyjących, prowadzonych przez Uniwersytet w Sztokholmie, Szwecja.

III. Wniosek końcowy

Podsumowując ocenę osiągnięć naukowych dr. Macieja Konopińskiego, przeprowadzoną w oparciu o kryteria określone w art. 219 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce stwierdzam, iż odpowiadają one ustawowym wymaganiom. W swoim dorobku naukowym doktor Maciej Konopiński posiada osiągnięcia naukowe, które stanowią znaczny wkład Habilitanta w rozwój dyscypliny nauki biologiczne, w rozumieniu art. 219 ust. 1 pkt 2 ustawy. Jest to zarówno przedstawiony do oceny cykl powiązanych tematycznie artykułów naukowych pt. „Mechanizmy ewolucyjne kształtujące różnorodność genetyczną gatunków w procesie ekspansji”, opublikowanych w czasopiśmie naukowym ujętych w wykazie MEiN, jak i inne w/w osiągnięcia, opublikowane w pozostałym dorobku. Ponadto, dr Maciej Konopiński wykazał się istotną aktywnością naukową realizowaną w innych jednostkach niż macierzysta (Instytut Ochrony Przyrody PAN), w rozumieniu art. 219 ust. 1 pkt 3 ustawy. Wniosuję zatem do Komisji Uniwersytetu Łódzkiego ds. stopni naukowych w dyscyplinie nauki biologiczne o nadanie Panu doktorowi Maciejowi Konopińskiemu stopnia doktora habilitowanego nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauki biologiczne.

Anette Borsowicz