



Dr hab. prof. UAM Mirosława Dabert
Laboratorium Techniki Biologii Molekularnej
Wydział Biologii
Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6
61-614 Poznań
email: mirkad@amu.edu.pl

Ocena osiągnięć Pana dr. Tomasza Mamosa w postępowaniu w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego w dyscyplinie nauki biologiczne

1. Podstawa formalna recenzji

Podstawę formalną do sporządzenia niniejszej recenzji stanowi decyzja Komisji Uniwersytetu Łódzkiego ds. stopni naukowych w dyscyplinie nauki biologiczne na podstawie art. 221 ust. 5 Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2018 r. poz. 1668 ze zm.), podjęta w dniu 25 kwietnia 2023 r. o powołaniu mnie na Recenzenta w postępowaniu habilitacyjnym dr. Tomasza Mamosa z Katedry Zoologii Bezkręgowców i Hydrobiologii Wydziału Biologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Łódzkiego, wszczętym w dniu 18 stycznia 2023 r. przez Radę Doskonałości Naukowej. Postępowanie o nadanie stopnia doktora habilitowanego odbywa się na podstawie art. 221 ust. 5 Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2018 r. poz. 1668 ze zm.).

Recenzja została przygotowana na podstawie otrzymanej dokumentacji składającej się z autoreferatu (zał. 2), wykazu osiągnięć naukowych albo artystycznych, stanowiących znaczny wkład w rozwój określonej dyscypliny (zał. 3), oświadczeń współautorów o ich wkładzie w publikacje składające się na osiągnięcie habilitacyjne (zał. 4) oraz zbioru siedmiu prac składających się na osiągnięcie habilitacyjne,

2. Sylwetka Kandydata

Pan dr Tomasz Mamos ukończył studia magisterskie w 2009 r. w Katedrze Zoologii Bezkręgowców i Hydrobiologii (KZBiH) na Uniwersytecie Łódzkim. Sześć lat później, w 2015 r., w tej samej jednostce uzyskał stopień doktora nauk biologicznych w zakresie biologii na podstawie rozprawy doktorskiej pt. „Phylogeography and cryptic diversity of *Gammarus balcanicus* Schäferna, 1922 in Europe”, której promotorem był prof. dr hab. Michał Grabowski z KZBiH, a promotorem pomocniczym dr Remi Wattier, Equipe Ecologie Evolutive, Biogeosciences, Universite de Bourgogne. Tematyka pracy doktorskiej była rozwinięciem zagadnień podjętych w pracy magisterskiej i dotyczyła tego samego kielża, *G. balcanicus*.

Od października 2016 r. Pan dr Tomasz Mamos jest zatrudniony na etacie adiunkta w KZBiH. W tym czasie odbył krótkie wizyty w ośrodkach naukowych w Portugalii i Francji, dwie sześciotygodniowe wizyty w Szwajcarii i roczny staż podoktorski na Uniwersytecie w Bazylei, Szwajcaria, w ramach grantu z programu imienia Bekkera finansowanego przez Narodową Agencję Wymiany Akademickiej (NAVA).

3. Ocena osiągnięcia habilitacyjnego

Jako osiągnięcie habilitacyjne Pan dr Tomasz Mamos wskazuje cykl siedmiu oryginalnych artykułów opublikowanych w latach 2017-2021 w czasopismach z listy JCR o wysokim współczynniku oddziaływania (IF). W dniu składania wniosku ich łączny 5-letni IF wynosił 33,007. Wszystkie prace są wieloautorskie i zawierają oświadczenia współautorów o ich wkładzie w powstanie publikacji. W trzech publikacjach (**Mamos et al. 2021a, b, c**) Habilitant jest pierwszym i wiodącym autorem, jedna praca jest dwuautorska (**Jażdżewska & Mamos, 2019**), w pozostałych trzech (**Grabowski et al., 2017; Sworobowicz et al. 2020; Wattier et al., 2020**) jest drugim lub ostatnim autorem, co wskazuje na jego znaczący udział w powstaniu tych publikacji; to, że zaplanował, wykonał i interpretował analizy filogenetyczne, delimitacji gatunków, demograficzne i in. na podstawie danych molekularnych jest również odzwierciedlone w oświadczeniach współautorów. Znaczący wkład dr. Tomasza Mamosa w powstanie prac składających się na osiągnięcie habilitacyjne jest jednoznaczny i nie budzi zastrzeżeń.

Prace te zostały wskazane pod wspólnym tytułem: „**Filogeneza, filogeografia i różnorodność molekularna wybranych grup bezkręgowców**”. Jest to temat bardzo ogólny, przez co autoreferat jest miejscami niespójny, często Autor odnosi się do szczegółów zawartych w poszczególnych publikacjach, zamiast przedstawić uzyskane wyniki na tle tego co było wiadomo o różnorodności gatunkowej, biogeografii i historii ewolucyjnej badanych skorupiaków i ślimaków. Rozumiem, że to podejście zostało podyktowane strukturą autorstwa publikacji składających się na osiągnięcie, która z kolei określiła strukturę omówienia rezultatów w autoreferacie. Habilitant jest pierwszym i wyraźnie wiodącym autorem w trzech artykułach, które dotyczą zróżnicowanej tematyki: wpływu zlodowaceń na różnorodność w kompleksie *G. balcanicus*, analizy genomów mitochondrialnych Gammaroidea oraz filogenezy rodziny ślimaków (świdrzyków). Autor omawia powyższe tematy w trzech częściach, które ogólnie dotyczą (1) różnorodności gatunkowej i struktury genetycznej populacji Amphipoda w dużej skali geograficznej, (2) wpływu zlodowaceń na historię ewolucyjną kielży (te dwa cele, z włączeniem filogenezy Gammaridae wystarczyłyby w mojej opinii na zwarte tematycznie osiągnięcie habilitacyjne dotyczące Crustacea) oraz (3) filogenezy, w tym świdrzyków, która to praca w mojej opinii wychodzi poza zwarty cykl tematyczny osiągnięcia. Numeracja prac składających się na osiągnięcie wprowadza dodatkowe zamieszanie, gdyż nie do końca jest zgodna z trzema wymienionymi zagadnieniami (bo np. należałoby zacząć od omówienia wpływu zlodowaceń), ani z datą ukazania się publikacji. Wykaz osiągnięć naukowych też jest niepełny, brakuje wykazu ekspedycji, pełnej listy grantów (np. NAVA i grantów konferencyjnych, o których jest mowa w autoreferacie), numerów grantów, niektóre dane bibliograficzne są niepełne lub błędne, brakuje odniesień do stron instytucji/projektów czy baz danych. Takie przedstawienie osiągnięcia i dorobku utrudnia jego ocenę, ale nie wpływa na jego obiektywną wysoką jakość, którą staram się wykazać poniżej.

Wątek dotyczący rozpoznania i opisanie molekularnej zmienności skorupiaków obunogich (Amphipoda) w różnej skali geograficznej, przewijający się przez cztery artykuły (Grabowski et al., 2017; Jażdżewska & Mamos, 2019; Wattier et al., 2020; Mamos et al. 2021a) jest najbardziej rozbudowaną częścią osiągnięcia, zapewne dlatego, że stanowi kontynuację głównego nurtu badań Kandydata, czyli wykorzystania markerów DNA w delimitacji gatunków skorupiaków. Stosując markery mtDNA (fragmentu genu podjednostki I oksydazy cytochromu c, COI, i fragment genu 16S rRNA) i zaawansowane metody statystyczne Habilitant wykazał istnienie trzech nowych dla wiedzy gatunków w endemicznym kompleksie gatunków kielży w Jeziorze Ochrydzkim (Grabowski et al., 2017). W tej pracy dane mtDNA nie zostały wsparte sekwencjonowaniem markera jądrowego, co przy dość niskich wartościach dystansu między sekwencjami COI i 16S, mogłoby dodatkowo wesprzeć hipotezę o nowych gatunkach. Ten sam zestaw markerów i podobne metody zostały zastosowane przez Habilitanta do rozpoznania bogactwa gatunkowego głębinowych obunogów północno-zachodniego Pacyfiku (Jażdżewska & Mamos, 2019; praca jest dwuautorska i w taki sposób powinna być cytowana w autoreferacie). Jest to solidne badanie wykonane na próbie ponad 1000 osobników reprezentujących ponad 30 rodzin odłowionych w Rowie Kurylsko-Kamczackim. Chociaż tylko z połowy z nich uzyskano sekwencje DNA, to nadal stanowi to dużą próbę Amphipoda (uzyskano sekwencje DNA dla 74/76 zidentyfikowanych morfogatunków). Autorom udało się przypasować wiele molekularnych operacyjnych jednostek taksonomicznych (MOTU) do gatunków lub rodzajów, tworząc w ten sposób bibliotekę sekwencji referencyjnych dla tych taksonów. Szkoda, że nie wykorzystali tych informacji w abstrakcie i podsumowaniu publikacji; przykładowo stwierdzenie, że rów nie stanowi bariery „dla przepływu genów dla niektórych gatunków” mogłoby nieść więcej informacji, gdyby te gatunki/rodzaje wymieniono. Mimo, że autorzy dostrzegli niezgodności w danych COI i morfogatunkach, z których te dane pozyskano, jednak nie włączyli do analiz dodatkowego markera jądrowego DNA.

Hipotezę o dużej zmienności kryptycznej skorupiaków wspierają wyniki uzyskane dla modelowego kielża *Gammarus fossarum* (Wattier et al., 2020), gdzie próbkowanie dużego obszaru Europy wykazało co najmniej 80 MOTU na poziomie gatunku. Należy zwrócić uwagę, że uzyskane w tej pracy wyniki analizy „barcoding-gap” (ABGD), poprzez brak typowej przerwy w dystansach pomiędzy haplotypami sugerują potencjalną hybrydyzację lub introgresję mtDNA w niektórych gatunkach. Być może hybrydyzacja dotyczy wielu MOTU, skoro sugerowana przerwa w dystansach jest dużo powyżej znalezionych ok. 4% dla gatunków opisanych jako nowe również na podstawie danych morfologicznych (Grabowski et al., 2017).

Najnowsza publikacja wskazana przez Habilitanta w tym wątku dotyczy dokładnie tego problemu – niewyraźnych granic gatunków w kompleksie *G. balcanicus* (Mamos et al. 2021a), a więc w grupie, od której Pan dr Tomasz Mamos zaczął swoje badania. Praca ta przynosi opis nowego gatunku *G. stasiuki* sp. nov. i redeskrypcję *G. tatrensis* (S. Karaman, 1931). Wyniki zdają się nie potwierdzać niewyraźnych granic zawartych w tytule w odniesieniu do tych dwóch gatunków – oba tworzą wyraźnie odrębne klady, a sekwencje 28S rDNA potwierdzają wyniki mtDNA (zdaniem autorów, bo ten wynik nie jest w pracy wyraźnie przedstawiony; co więcej dane z 28S rDNA wspierają hipotezę o trzech gatunkach w ramach *G. tatrensis*). Podobnie nie jest jasno przedstawiony wynik „niezgodności” danych mtDNA/28S rDNA z danymi z genów czynnika elongacyjnego EF1-alfa i histonu H3. Sieci „haplotypów” genów kodowanych jądrowo nie mają sensu, ponieważ są to allele, które ewoluują i dziedziczą się w zupełnie inny sposób niż haplotypy genomów organelliowych. Z kolei autorzy nie przedstawiają sieci haplotypów dla mtDNA, które powinny się zerwać w przypadku różnych gatunków (gdyby zastosować TCA). Hipoteza, że dwa wysoce konserwatywne geny (EF1-alfa i H3) będą odzwierciedlać zmienność populacyjną w ramach gatunku ma słabe podstawy molekularne i ten wynik nie powinien być

traktowany, jako dowód na introgresję czy hybrydyzację. Mimo tych kilku uwag, które powinny się znaleźć raczej w recenzji na etapie wysłania manuskryptu do czasopisma, uważam, że uzyskane rezultaty są wartościowe i wnoszą istotne informacje do wiedzy na temat różnorodności i ewolucji kompleksu *G. balcanicus*.

Podsumowując wszystkie wyniki dotyczące tego wątku osiągnięcia habilitacyjnego należy podkreślić, że stanowią one obszerny i istotny wkład do wiedzy na temat różnorodności gatunkowej skorupiaków w szerokiej skali geograficznej. Wskazują na ich szybkie tempo specjacji, ale również trwałość morfogatunków, ukazują drogi ekspansji i ujawniają nierozpoznane dotąd bogactwo gatunkowe. Ta część osiągnięcia również dobrze ilustruje rozwój naukowy Habilitanta, co uwidacznia się w stawianiu coraz trudniejszych pytań badawczych. W poszukiwaniu odpowiedzi na te pytania Habilitant stosował liczne nowoczesne narzędzia bioinformatyczne, a do analiz stopniowo włączał nowe dane molekularne.

Drugi wątek badań składających się na osiągnięcie habilitacyjne dotyczy **określenia wpływu zlodowaceń plejstoceny na historię ewolucyjną i demograficzną kielży z rodzaju *Gammarus* (Amphipoda, Gammaridae) oraz ośliczek z rodzaju *Asellus* (Isopoda, Asellidae) w Europie** i został przedstawiony w dwóch publikacjach z 2021 i 2020 r. (Mamos et al. 2021, Sworobowicz et al. 2020). Habilitant wykazał, że dywergencja badanych linii kielża sięga miocenu, co oznacza, że wiele populacji z grupy *G. balcanicus* przetrwało plejstoceny zlodowacenia w refugiach kryptycznych, a wzrost tempa ich dywersyfikacji w plejstocenie sugeruje, że zlodowacenie było siłą napędową specjacji tych kielży (Mamos et al. 2021a). Podobnie w przypadku innego słodkowodnego skorupiaka, ośliczki, Kandydat udowodnił, że w czasie zlodowacenia plejstoceny rozległe jeziora peryglacialne na przedpolach lodowca stworzyły temu skorupiakowi dogodne warunki do życia i dyspersji. W przypadku ośliczki, zlodowacenie nie wpłynęło na obniżenie poziomu różnorodności genetycznej w lokalnych populacjach, a analiza zmienności genetycznej ujawniła młodszą linię ewolucyjną zasiedlającą jeziora proglacialne (Sworobowicz et al. 2020). Wyniki te mają duże znaczenie dla zrozumienia ewolucji słodkowodnych bezkręgowców.

Trzeci wątek badań składających się na osiągnięcie habilitacyjne dotyczył **ustalenia relacji filogenetycznych, z wykorzystaniem danych wielogenowych, u skorupiaków z nadrodziny Gammaroidea (Amphipoda) oraz ślimaków z rodziny Clausiliidae (Gastropoda) (Mamos et al., 2021b; Mamos et al., 2021c)**. Praca dotycząca filogenezy Gammaroidea na podstawie genomów mitochondrialnych (Mamos et al., 2021b) wpisuje się w główny nurt zainteresowań badawczych Kandydata, czyli różnorodności i ewolucji skorupiaków. Praca dostarcza sześć zsekwencjonowanych *de novo* genomów mitochondrialnych dla czterech gatunków inwazyjnych (trzy dla *Dikerogammarus villosus*, po jednym dla *D. haemobaphes* i *D. bispinosus* oraz niemal cały genom dla *Pontogammarus robustoides*) oraz 13 kolejnych genomów Gammaroidea, które zostały złożone z surowych danych dostępnych w GenBank. W trakcie tych badań Habilitant odkrył rearanżację w mtDNA dotyczącą lokalizacji pary genów tRNA, która okazała się charakterystyczną cechą rodziny Pontogammaridae i siostrzanego do niej rodzaju *Homoeogammarus*, zaliczanego dotychczas do rodziny Gammaridae. Kandydat słusznie wnioskuje, że ten wynik wskazuje na potrzebę wyznaczenia nowych granic rodziny Pontogammaridae. Natomiast z ostrożnością podchodziłabym do daleko idących interpretacji drzewa Gammaroidea skonstruowanego na podstawie genomów mitochondrialnych, ponieważ najstarsze dywergencje w większości nie są tam wystarczająco wsparte statystycznie. Nie zmienia to faktu, że ta praca przynosi dużo nowych danych i cenne wskazówki co do kierunków dalszych badań filogenezy nadrodziny. Przeprowadzona przez Habilitanta analiza filogenetyczna świdrzyków z podrodziny

Phaedusinae (Mamos et al., 2021c), wykonana na podstawie danych z dwóch markerów mitochondrialnych (COI i 16S) oraz pięciu markerów jądrowych (28S, ITS1, ITS2, H3 i H4) i datowana zegarem molekularnym, wykazała, że zmiana sposobu rozrodu od jajorodności przez retencję jaj i żyworość zachodziła kilkakrotnie w obrębie grupy i prawdopodobnie miała duży wpływ na dywersyfikację oraz sukces ewolucyjny Phaedusinae. Jak rozumiem z autoreferatu, badania te są kontynuowane, a wyniki opublikowane w pracy składającej się na osiągnięcie (Mamos et al., 2021c) dają podstawy do dalszych analiz mających na celu identyfikację czynników stojących za zmianami strategii rozrodczych u ślimaków lądowych. W mojej opinii wniosek byłby bardziej spójny, gdyby nie włączać do niego pracy o filogenezie świdrzyków; ta praca i tak została by dostrzeżona razem z pozostałym dorobkiem, który również podlega ocenie. Nie zmienia to faktu, że uzyskane wyniki są wartościowe i istotne dla badanej grupy oraz świadczą o dużej biegłości Kandydata w zaawansowanych analizach filogenetycznych.

Do najważniejszych wyników osiągnięcia naukowego zaliczam: (1) przyczynienie się do stworzenia obszernej biblioteki sekwencji referencyjnych typu *DNA-barcode* (COI) dla wielu gatunków skorupiaków; (2) wykazanie niezwykle wysokiego poziomu różnorodności kryptycznej u skorupiaków; (3) wykazanie wpływu warunków geologicznych i klimatycznych na dywergencję różnych linii skorupiaków; oraz (4) włączenie nowoczesnych narzędzi bioinformatycznych i nowych zestawów danych sekwencyjnych do badań taksonomicznych i filogenetycznych skorupiaków.

Biorąc pod uwagę wagę rezultatów naukowych przedstawionych w cyklu publikacji składających się na osiągnięcie habilitacyjne Pana dr. Tomasza Mamosa oraz Jego udokumentowany, nie budzący wątpliwości wkład w powstanie prac zawartych w cyklu stwierdzam, że przedstawione osiągnięcie naukowe w pełni spełnia wymogi stawiane kandydatom do stopnia naukowego doktora habilitowanego, 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 2022 r., poz. 574, ze zm.).

4. Ocena dorobku naukowego

Na pozostały dorobek Habilitanta składa się 28 publikacji z listy JCR, z czego 23 ukazały się po uzyskaniu stopnia doktora. Prace te ogółem były cytowane (bez autocytowań) wg bazy SCOPUS 690 razy, indeks H=13 (wg bazy WoS H=14, 701 cytowań). Wskaźniki te są bardzo dobre jak na ten etap kariery naukowej, a wyraźny wzrost liczby cytowań i indeksu H od czasu przygotowania wniosku (12 stycznia 2023) wskazują, że Pan dr Tomasz Mamos jest rozpoznawanym w nauce światowej specjalistą w molekularnych analizach Amphipoda i innych wodnych bezkręgowców. Habilitant jest również współautorem rozdziału w prestiżowej monografii *Recent Advances in Freshwater Crustacean Biodiversity and Conservation*, ed. Tadashi Kawai, D. Christopher Rogerswy, wydanej przez CRC Press, Taylor and Francis Group. Ponadto brał udział w ponad 10 konferencjach międzynarodowych (5 po doktoracie), w tym był proszony o trzy wykłady plenarne (1 po doktoracie).

Habilitant potrafi zabiegać o środki na badania naukowe: po doktoracie uzyskał dwa granty NCN (w konkursach MINIATURA 1 i OPUS 16), jest wykonawcą w projekcie finansowanym ze środków unijnych w ramach programu HORIZON EUROPE Research and Innovation Action: „Biodiversity Genomics Europe”, gdzie wykonuje zadania związane z budowaniem narodowego węzła IBOL - Polbol, jest wykonawcą w dwóch innych projektach krajowych finansowanych przez NCN i był wykonawcą w pięciu innych grantach NCN i MNiSW, w tym w czterech po uzyskaniu stopnia doktora. Wszystkie granty,

którymi kierował lub był wykonawcą skupiają się wokół zwartej tematyki dotyczącej różnorodności gatunkowej i ewolucji wodnych bezkręgowców. Kandydat był nagradzany przez Rektora UŁ i Dziekana WBiOŚ UŁ za działalność naukową.

Podsumowując ocenę dorobku naukowego dr. Tomasza Mamosa należy podkreślić, że jest on bardzo bogaty, świadczący o dużej pracowitości, umiejętnościach badawczych i szerokiej współpracy naukowej Habilitanta, co w pełni spełnia wymogi stawiane kandydatom w postępowaniu habilitacyjnym.

5. Ocena aktywności naukowej realizowanej w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej

Habilitant odbył sześć zagranicznych staży naukowych, w tym cztery po doktoracie – wszystkie w wiodących ośrodkach naukowych, zajmujących się bezkręgowcami wodnymi, w tym odbył roczny staż podoktorski u prof. Waltera Salzburgera, Institute of Zoology, University of Basel w Szwajcarii finansowany przez NAVA. Nawiązana współpraca jest udokumentowana publikacjami i nadal rozwijana. Również udokumentowana i nadal rozwijana jest współpraca z pracownikami ZooLab, Plant Science and Biodiversity Centre, Slovak Academy of Sciences w Słowacji, pierwotnie zawiązana w ramach stażu finansowanego ze słowackiego programu wymiany akademickiej CEEPUS. Podobnie, jeszcze przed uzyskaniem stopnia doktora, Habilitant nawiązał współpracę naukową z dr. Remi Wattierem z Equipe Ecologie Evolutive, Biogeosciences, Universite de Bourgogne we Francji, którą prowadzi nadal w ramach wspólnych projektów badawczych. Efektem wszystkich staży i podjętej współpracy naukowej są granty i publikacje, łącznie z pracami składającymi się na osiągnięcie habilitacyjne. Podsumowując tę część oceny stwierdzam, że Pan dr Tomasz Mamos prowadzi liczną i bardzo owocną współpracę naukową z renomowanymi ośrodkami zagranicznymi zajmującymi się bezkręgowcami wodnymi.

6. Ocena osiągnięć dydaktycznych, organizacyjnych oraz popularyzujących naukę

Obok pracy badawczej, Kandydat realizuje liczne zajęcia dydaktyczne z zoologii na dwóch kierunkach (Biologii i Ochrony Środowiska) studiów I i II stopnia. Opracował wykład monograficzny w j. ang. dla studentów II i III stopnia oraz opracował i prowadzi wykłady i ćwiczenia w ramach dwóch modułów dla studentów II stopnia. Był promotorem pomocniczym w dwóch przewodach doktorskich i sprawował opiekę nad dwiema pracami licencjackimi i dwiema magisterskimi. Ponadto sprawuje opiekę nad studentami i uczniami realizującymi swoje projekty oparte o dane molekularne. W swoim dorobku ma również trzy artykuły popularnonaukowe. Osiągnięcia te pokazują, że Pan dr. Tomasz Mamos jest bardzo aktywnym dydaktykiem, mającym doświadczenie w kierowaniu pracą studentów i młodych naukowców, co bardzo dobrze rokuje Jego przyszłej karierze samodzielnego pracownika naukowego, z potencjałem do stworzenia własnego zespołu badawczego.

Habilitant ma również liczne osiągnięcia organizacyjne: pełnił funkcję zastępcy członka komitetu zarządzającego akcją CA15219 finansowaną z projektu COST, brał udział w organizacji dwóch międzynarodowych konferencji naukowych (jedna po doktoracie) i dwóch warsztatów naukowych (jeden po doktoracie). Brał udział w ponad 20 ekspedycjach naukowych (w co należy wierzyć na słowo, ponieważ nie są wymienione w wykazie osiągnięć). Recenzował manuskrypty dla kilkunastu czasopism

z listy JCR i został poproszony do redagowania specjalnego wydania renomowanego czasopisma Journal of Great Lakes Research; jest redaktorem taksonomicznym dla Gammaridae w World Amphipoda Database (<https://www.marinespecies.org/amphipoda/index.php>). Pełni funkcję eksperta przy ocenie wniosków w Narodowej Agencji Wymiany Akademickiej. Osiągnięcia te potwierdzają umiejętności organizacyjne Kandydata oraz wskazują, że jest rozpoznawany w świecie naukowym.

7. Ocena końcowa

Osiągnięcie habilitacyjne Pana dr. Tomasza Mamosa stanowi istotny wkład w rozwój uprawianej dyscypliny naukowej (biologia) w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, szczególnie w zakresie zoologii bezkręgowców i filogenezy molekularnej. Habilitant jest rozpoznawanym w świecie specjalistą w zakresie bioróżnorodności i ewolucji Gammaridae, autorem licznych publikacji w renomowanych czasopismach z listy JCR, które są cytowane przez innych naukowców. Wyniki swoich badań prezentował na międzynarodowych konferencjach, odbył liczne zagraniczne staże naukowe, w tym roczny zagraniczny staż podoktorski, i prowadzi szeroką współpracę międzynarodową. Potrafi z sukcesem pozyskiwać środki na badania i ma doświadczenie w kierowaniu projektami badawczymi. Ponadto jest aktywnym i kompetentnym dydaktykiem, angażuje się w działania popularyzujące naukę i ma doświadczenie w pracy ze studentami i doktorantami. Wszystko to razem utwierdza mnie w opinii, że Pan dr Tomasz Mamos może być samodzielnym pracownikiem naukowym.

Biorąc powyższe pod uwagę, uważam, że wniosek Pana dr. Tomasza Mamosa spełnia wymogi, o których mowa w art. 219 ust. 1 Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2022 r., poz. 574, ze zm.). W związku z tym przedstawiam Komisji UŁ do spraw stopni naukowych w dyscyplinie nauki biologiczne pozytywną opinię w sprawie wniosku o nadanie Panu dr. Tomaszowi Mamosowi stopnia naukowego doktora habilitowanego w dziedzinie nauk biologicznych w dyscyplinie biologia.

Poznań, 4 czerwca 2023 r.

