

2015 07. 13

Prof. dr hab. Beata M. Pokryszko
Muzeum Przyrodnicze
Uniwersytetu Wrocławskiego
Sienkiewicza 21, 50-335 Wrocław
(e-mail: beata.pokryszko@uni.wroc.pl)

Wrocław, 10 lipca 2015

**RECENZJA W POSTĘPOWANIU O NADANIE STOPNIA DOKTORA HABILITOWANEGO PANI DR
MAŁGORZACIE ZBAWICKIEJ**

Poniższa recenzja wykonana została na podstawie przesłanej mi dokumentacji, sporządzonej przez Habilitantkę i obejmującej autoreferat, zastaw publikacji z kopiami prac wchodzących w skład osiągnięcia habilitacyjnego pt. „Wpływ hybrydyzacji i introgresji na strukturę genetyczną omułka *Mytilus trossulus*” i wykaz pozostałych publikacji wraz z kopiami prac. Nie będąc bezpośrednio zaangażowana w badania genetyczne na poziomie molekularnym oceniam wkład habilitantki w dziedzinę ewolucji i biogeografii, natomiast nie oceniam strony metodycznej („kuchni” molekularnej), zakładając, że czasopisma, w których publikowała swoje osiągnięcia, dają gwarancję poprawności stosowanych metod.

Wstęp

Pani Dr MAŁGORZATA ZBAWICKA uzyskała tytuł magistra biologii (z wyróżnieniem) na Wydziale Biologii, Geografii i Oceanologii Uniwersytetu Gdańskiego (1992) [Praca „Badanie roli białek λO i λP w replikacji plazmidów λdv w mutancie *Escherichia coli* dnaA46”], i doktorat na tym samym wydziale (2000) [Rozprawa „Zróżnicowanie i transmisja mitochondrialnego DNA w populacjach omułka *Mytilus trossulus* z polskiego wybrzeża”, promotor Prof. dr hab. Roman Wenne]. Przygotowując rozprawę doktorską była zatrudniona jako asystent w Laboratorium Genetyki Centrum Biologii Morza Polskiej Akademii Nauk (1993-2000), następnie pracowała w tej samej placówce jako adiunkt (2001-2002), a później (2002-2011), także jako adiunkt, w Zakładzie Genetyki i Biotechnologii Morskiej Instytutu Oceanologii Polskiej Akademii Nauk. Od roku 2011 do chwili obecnej jest asystentem w powyższej placówce (ta, pozornie degradująca, zmiana stanowiska dziwi, ale wierzę, że miała ona przyczyny czysto administracyjno-organizacyjne).

Od początku badania Pani Dr ZBAWICKIEJ dotyczyły zagadnień związanych z mitochondrialnym DNA małży z rodzaju *Mytilus* (heteroplazmia i niedawno odkryte podwójnie uniparentalne dziedziczenie). Jedynym „nie-maźowym” epizodem w Jej karierze naukowej była praca nad

miochondrialnym DNA krewetek w ramach stypendium Rządu Francuskiego w Centre de CNRS Genetique Moleculaire w Gif-sur-Yvette.

Badania genetyczne małży, zarówno słodkowodnych jak i morskich, od stosunkowo niedawna są przedmiotem rosnącego zainteresowania uczonych. Szczególnie w przypadku małży morskich są one utrudnione przez fakt niemożności ścisłego geograficznego rozgraniczenia populacji (brak potencjalnych „linii demarkacyjnych” w odróżnieniu od zwierząt lądowych), oraz – z wyjątkiem nielicznych gatunków - obecność planktonowej larwy będącej stadium dyspersyjnym. W przypadku gatunków z rodzaju *Mytilus* sprawę dodatkowo utrudnia fakt hybrydyzacji między gatunkami i niemożność morfologicznego odróżnienia wielu taksonów. Tymczasem małże jako grupa oferują wgląd w liczne słabo poznane zjawiska mające szersze znaczenie ogólne (np. introgresja, podwójnie uniparentalny system dziedziczenia mitochondrialnego etc.), zwłaszcza biogeograficzne: możliwość prześledzenia hybrydyzacji i introgresji, a zatem kierunków migracji i powstawania stref hybrydyzacji między gatunkami.

Bogaty w gatunki rodzaj *Mytilus* jest szeroko rozmieszczony na świecie i stanowi składnik morskiego bentosu. W wodach europejskich występują *M. galloprovincialis*, *M. edulis* i *M. trossulus*, do niedawna o niejasnych związkach filogenetycznych i trudne do odróżnienia. Te trzy gatunki wydają się mieć wspólnego przodka. Po otwarciu Cieśniny Beringa, około 3,5 mln lat temu, *M. trossulus* z Pacyfiku skolonizował północny Atlantyk (i Morze Bałtyckie), dając później początek dwóm pozostałym gatunkom: *M. edulis* i *M. galloprovincialis*. Te trzy gatunki występują w morzach Półkuli Północnej i hybrydują w strefach kontaktu. Jedna z takich stref znajduje się w Cieśninach Duńskich (Bałtyk/Morze Północne). Małże z tego rodzaju, podobnie jak np. słodkowodne Unionidae, mają niezwykle system dziedziczenia mitochondrialnego zwany podwójnie uniparentalnym. Zarówno ich właściwości genetyczne jak i historia kolonizacji i specjacji czynią z nich dobry model szeroko pojętych badań ewolucyjnych.

W dotychczasowym dorobku Habilitantki Sumaryczny Impact Factor wg JCR wynosi 38.646, suma punktów wg. MNIŚW 455, Liczba cytowań wg. Web of Science 295, a indeks Hirscha 10.

Ocena osiągnięcia naukowego w postaci jednotematycznego cyklu publikacji

Na cykl prezentowany jako osiągnięcie habilitacyjne („Wpływ hybrydyzacji i introgresji na strukturę genetyczną omułka *Mytilus trossulus*”) składa się pięć prac opublikowanych w czasopismach uwzględnianych w bazie JCR. We wszystkich Habilitantka jest pierwszym, choć nie jedynym, autorem, a jej wkład wynosi od 60 (jedna praca) do 70% (pozostałe cztery). Współautorstwo jest zrozumiałe i uzasadnione, gdyż z reprezentowanej przez nią dziedziny niemal wszystkie znaczące prace są zespołowe. Wszystkie publikacje ukazały się w renomowanych czasopismach: *Gene*, *Molecular Genetics and Genomics*, *Marine Biology* i *Aquatic Biology*. Parametry bibliometryczne dla tych pięciu prac z cyklu habilitacyjnego wynoszą odpowiednio: punktacja według MNiSW 20 – 35 (sumarycznie 125), IF 1,12 – 2,87 (sumarycznie 11,554), a liczba cytowań według Web of Science 1 – 24 (łącznie 49), przy czym oczywiście na niższy IF i liczbę cytowań najnowszej z prac ma wpływ data jej opublikowania (2014).

Prezentowane prace stanowią spójny tematycznie cykl dotyczący roli hybrydyzacji i introgresji w kształtowaniu struktury genetycznej omułka *Mytilus trossulus*. Hybrydyzacja – krzyżowanie osobników różnych gatunków – skutkuje introgresją, czyli przepływem genów między pulami genetycznymi różnych gatunków. Występujący u tych małży specyficzny system dziedziczenia mitochondrialnego (DUI), połączony niekiedy ze zjawiskiem tzw. maskulinizacji, czyni badany problem jeszcze bardziej interesującym.

Wcześniejsze badania Habilitantki ujawniły, że w bałtyckich populacjach omułków wskutek introgresji obydwa oryginalne genomy mitochondrialne (męski i żeński) pochodzące z *M. trossulus* zostały zastąpione takimi genomami *M. edulis*. Ponadto znalazła ona markery genetyczne (marker białka adhezyjnego Me15/16, ITS oraz Efbis) diagnostyczne dla taksonów *Mytilus*. Badane osobniki z Bałtyku wykazały mieszany skład markerów *M. edulis* i *M. trossulus*. Prace wchodzące w skład cyklu habilitacyjnego są logiczną konsekwencją pytań wynikających z tych wcześniejszych badań.

Pierwsza praca z cyklu dotyczy zbadania pełnych sekwencji mtDNA pochodzących z dwóch bałtyckich omułków (męski i żeński haplotyp). Genomy M bałtyckiego *M. trossulus* i *M. edulis* okazały się bardzo podobne, co sugerowało introgresję genomu M z populacji *M. edulis* z Morza Północnego, podobnie jak genomu F, do populacji *M. trossulus* z południowego Bałtyku. Bardzo

niska dywergencja między genomami F bałtyckiego *M. trossulus*, *M. edulis* i *M. galloprovincialis* wskazywała, że wszystkie trzy genomy F są blisko spokrewnione z haplotypem *M. edulis*.

Wcześniej hipotezy zakładały, że podczas inwazji z Pacyfiku do Atlantyku, *M. trossulus* skolonizował tylko kanadyjskie wybrzeża Atlantyku oraz Morze Bałtyckie: czyste gatunkowo *M. trossulus* poza Pacyfikiem znaleziono w Atlantyku jedynie w populacjach amerykańskich, później jednak odkryto *M. trossulus* u zachodnich wybrzeży Szkocji. Habilitantka w swojej kolejnej pracy chciała odpowiedzieć na pytanie, czy *M. trossulus* z Loch Etive w Szkocji pochodzi z Ameryki Północnej czy z populacji bałtyckich. Używając trzech wcześniej określonych markerów jądrowych wykazała mieszane pochodzenie tej populacji. Struktura genetyczna badanej populacji wskazywała, że hybrydyzacja w Loch Etive jest na etapie pośrednim w porównaniu do północnoamerykańskich populacji, gdzie nie ma hybrydyzacji, i populacji bałtyckich, w których zaszła znaczna introgresja. Wyniki świadczą o odrębnej inwazji północnoamerykańskich *M. trossulus* w Szkocji i w Morzu Bałtyckim.

Kontynuacja prac nad hybrydyzacją i introgresją bałtyckich omułek znalazła wyraz w kolejnej publikacji z cyklu habilitacyjnego: przedstawiono w niej kompletne sekwencje 11 reprezentatywnych genomów mitochondrialnych bałtyckiego *M. trossulus*. Jeden z zsekwencjonowanych haplotypów był bardzo podobny do rodzimego genomu mitochondrialnego *M. trossulus*, dotąd uważanego za całkowicie wyeliminowany z tej populacji. Jest to genom F posiadający zrekombinowaną strukturę oraz liczne i długie powtórzenia w CR, trzy razy dłuższe niż w odpowiadających im genomach ze Szkocji i Kanady. Analiza filogenetyczna i porównawcza wszystkich poznanych genomów świadczy, że rekombinacja jest ograniczona tylko do okolic głównego rejonu niekodującego. Analiza porównawcza sekwencji kodujących wykazała, że wszystkie genomy dziedziczone w linii męskiej mają zwiększoną kumulację podstawień niesynonimicznych. Porównanie całych genomów mtDNA *Mytilus* świadczy, że rekombinacja poprzedza maskulinizację genomu F; genomy posiadające w CR fragment podobny do genomu M ulegają preferencyjnie maskulinizacji. Równoczesne występowanie zmaskulinizowanych genomów bez sekwencji odpowiadającej genomowi M sugeruje, że sposób dziedziczenia warunkują czynniki inne niż rozpoznawanie poszczególnych sekwencji w obrębie rejonu niekodującego.

Międzygatunkowa hybrydyzacja omułek w Bałtyku spowodowała niezgodność cytonuklearną, charakteryzującą się prawie wyłączną obecnością mtDNA *M. edulis* u bałtyckich *Mytilus* oraz tło jądrowe zdominowane przez *M. trossulus*. Zjawisko to spowodowało strukturalną i ewolucyjną

niestabilność mitochondrialnego DNA. Efektem są unikalne cechy hybrydowej populacji *Mytilus* z Morza Bałtyckiego (wysoki poziom rekombinacji, maskulinizacji, heteroplazmii, występowanie wariantów długości i rearanżacje strukturalne w obrębie mtDNA).

Taksony *Mytilus* z wód europejskich są nierozróżnialne morfologicznie. Początkowo definiowano je na podstawie allozymów oraz kilku diagnostycznych markerów jądrowych; ich liczba była ograniczona i często dawały sprzeczne wyniki, szczególnie w rejonach o znanej lub potencjalnie występującej hybrydyzacji. Genom F mtDNA, również używany jako marker do określenia struktury genetycznej, w strefach hybrydyzacji ulega introgresji. Badania rozmieszczenia taksonów *Mytilus* w skali europejskiej były ograniczone do jednego lub trzech markerów jądrowych. Habilitantka opracowała nowe wiarygodne markery do odróżniania taksonów *Mytilus* i ich hybryd. Odkryła nowe markery molekularne oparte na polimorfizmie pojedynczych nukleotydów (SNP): osiem nowych SNP zlokalizowanych w genach rodziny histonów, *hsp 70* i *p53*, które mogą być stosowane jako nowe markery taksonomiczne *Mytilus* w skali europejskiej. Pięć z nich różnicowało genom *M. trossulus*, dwa *M. galloprovincialis*, oraz jeden *M. edulis*. Inne SNP różnicowały populacje w obrębie taksonów. Wyniki analiz bardzo czytelnie ukazywały strukturę genetyczną i odrębność pomiędzy *M. edulis*, *M. trossulus*, i *M. galloprovincialis*, demonstrując zróżnicowanie pomiędzy i w obrębie badanych populacji oraz stopień wymieszania pul genowych u hybryd. W pracy szczegółowo scharakteryzowano kilka rejonów, w których zachodzi hybrydyzacja trzech badanych taksonów, w szczególności *M. edulis* i *M. trossulus*: Morze Bałtyckie, Szkocja i Norwegia. Opracowana metoda jest cennym narzędziem w badaniach populacji europejskich małży *Mytilus*.

Dalsze badania Habilitantki nad markerami SNP koncentrowały się głównie na strefie hybrydyzacji omułków między Morzem Bałtyckim i Cieśninami Duńskimi. Bałtyk został skolonizowany przez *Mytilus* około 7000 lat temu, po ostatnim okresie słodkowodnym i przekształceniu w ekosystem morski (słonawy). W wyniku badań scharakteryzowano 49 nowych markerów SNP, które różnicują populacje obszaru Morza Północnego i Bałtyckiego. Dla większości z badanych SNP częstotliwość alleli ulega gwałtownej zmianie, tworząc zgodne, wąskie kliny przy wejściu do Bałtyku. Wywnioskowano, że granica oddzielająca populacje z przewagą genów *M. edulis* od tych z przewagą genów *M. trossulus* leży na wschód od wysp Falster i Moen w południowej części Cieśnin Duńskich. Zdecydowana większość nowych markerów SNP wykazała większy udział genów *M. trossulus* niż *M. edulis* w jądrowym DNA bałtyckiego *Mytilus*. Oznacza to, że użycie większej liczby markerów jądrowych wykazuje, iż – w przeciwieństwie do tego, co sądzono wcześniej - *Mytilus* z Morza Bałtyckiego jest znacznie bliżej

spokrewniony z *M. trossulus* niż z *M. edulis*. Potwierdzono istnienie silnej izolacji rozrodczej, spowodowanej prawdopodobnie przez egzogenne (np. adaptacja do słonawych wód) i endogenne prezygotyczne oraz postzygotyczne (np. selekcja przeciwko hybrydom) czynniki. Badania wykazały złożoność bałtyckiej strefy hybrydowej i wyraźnie pokazały, że populacje z Cieśnin Duńskich i Øresund są w większym stopniu złożone z mieszaniny dwóch taksonów niż te z wewnętrznej części Bałtyku.

Najważniejsze efekty badań przedstawionych w publikacjach składających się na osiągnięcie habilitacyjne to:

- Uzyskanie kompletnych sekwencji reprezentatywnego zestawu 16 genomów mitochondrialnych małży z rodzaju *Mytilus*, które posiadają mieszany skład markerów genetycznych: *M. edulis* i *M. trossulus* oraz pochodzą z populacji, które ulegają hybrydyzacji i introgresji.
- Pierwsze doniesienie o obecności pierwotnych genomów mtDNA *M. trossulus* w Europie.
- Potwierdzenie, że międzygatunkowa hybrydyzacja w Bałtyku spowodowała strukturalną i ewolucyjną niestabilność mtDNA (rearanżacje strukturalne, zwielokrotnienie, delecje i rekombinacje fragmentów rejonu niekodującego).
- Stwierdzenie, że hybrydyzacja mogła spowodować nagły i gwałtowny wzrost niezgodności genomu M, co sprzyjało maskulinizacji.
- Stwierdzenie, że u bałtyckich przedstawicieli *Mytilus* tło jądrowe jest zdominowane przez allele charakterystyczne dla *M. trossulus* (*Mytilus* z Bałtyku jest znacznie bliżej spokrewniony z *M. trossulus* niż z *M. edulis*).
- Odkrycie 80 nowych markerów SNP, przydatnych do badania stref hybrydyzacji gatunków *Mytilus*.

Wyniki badań wykazują zmiany w strukturze genetycznej i w sekwencji genomów *M. trossulus* występujących na obszarach objętych hybrydyzacją i introgresją. Uzupełniają one wiedzę o mechanizmach powstania i ewolucji zrekombinowanych genomów mitochondrialnych małży z podwójnie uniparentalnym systemem dziedziczenia mitochondrialnego DNA (DUI), stanowiąc istotny wkład w dziedzinę badań nad 1. mechanizmami hybrydyzacji i introgresji i 2. pokrewieństwami gatunków z rodzaju *Mytilus*. Warto zaznaczyć, że na poziomie bardziej ogólnym wyniki przeprowadzonych badań pozwalają na wyciąganie wniosków z dziedziny biogeografii ewolucyjnej, a obiekt badań (rodzaj *Mytilus* w połączeniu ze znaną historią Bałtyku i jego połączeń) idealnie się do tego nadaje. Istotny jest także wkład Habilitantki w rozwój metod (markery SNP) przydatnych nie tylko w jej własnych, ale także w innych, przyszłych badaniach.

Ocena osiągnięć naukowo-badawczych i istotnej aktywności naukowej

Dorobek przed-habilitacyjny Pani Dr MAŁGORZATY ZBAWICKIEJ obejmuje 15 prac w czasopismach naukowych z bazy JCR oraz liczne publikacje w materiałach konferencyjnych. Habilitantka uczestniczyła w dziewięciu krajowych i międzynarodowych projektach badawczych, w przeważającej większości dotyczących genetyki omułków.

W dorobku naukowym Habilitantki zwraca uwagę spójność i konsekwencja. Z wyłączeniem publikacji wchodzących w skład osiągnięcia habilitacyjnego, obejmuje on 15 prac opublikowanych w czasopismach z bazy Journal Citation Reports. Z wyjątkiem dwu (jednej dotyczącej filogenezy stawonogów, drugiej o ogólnym charakterze ochroniarskim) dotyczą one genetycznych aspektów małży z rodzaju *Mytilus*.

W latach 1996-1997 Habilitantka zajmowała się polimorfizmem mitochondrialnego DNA omułka z polskiego wybrzeża Morza Bałtyckiego oraz różnorodnością populacji małży z polskiego wybrzeża Bałtyku. Początkowo badania Jej koncentrowały się na genomie żeńskim (F), z użyciem amplifikacji PCR i analizy RFLP regionu obejmującego fragmenty genów *nad2* i *cox3*. Celem było scharakteryzowanie haplotypów mtDNA. Badano również tkanki somatyczne i generatywne na obecność różnych typów mtDNA. Wyniki wskazywały na istnienie dwóch, bliskich filogenetycznie genomów: żeńskiego i męskiego. Do identyfikacji wariantów długości głównego rejonu niekodującego (CR) użyto amplifikacji PCR. Zidentyfikowano siedemnaście wariantów długości u osobników homo- i heteroplazmatycznych; dwa warianty długości głównego rejonu niekodującego występowały najczęściej. Heteroplazmia długości, stwierdzona u 46,8% samców, była najczęściej spowodowana obecnością krótkiego wariantu głównego rejonu niekodującego. Wyniki wskazywały, że krótki wariant był zawsze przekazywany do plemników i przejął rolę genomu męskiego (M). Wykazano, że pozostałe warianty długości występowały zarówno u samców jak i u samic. Badania wskazały na przydatność wariantów długości mtDNA w badaniach zróżnicowania populacji *Mytilus*. Wyniki posłużyły jako podstawa do rozprawy doktorskiej, która dotyczyła zróżnicowania i transmisji mitochondrialnego DNA w populacjach *M. trossulus* (praca wykonana pod kierunkiem Prof. dr hab. Romana Wenne).

W latach 1997-98 Habilitantka brała udział w międzynarodowym projekcie badawczym dotyczącym mechanizmu powstawania heteroplazmii, a w latach 2005-2008 w projekcie dotyczącym rekombinacji mtDNA u *M. trossulus* z Bałtyku. Była odpowiedzialna za większość prac związanych z określeniem płci, amplifikacją PCR oraz sekwencjonowaniem. Wynikiem badań było stwierdzenie powszechności rekombinacji mtDNA u *Mytilus*. Wykazano, że powstałe

rearanżacje można wyjaśnić poprzez połączenie duplikacji, delecji i międzycząsteczkowej rekombinacji.

W następnych latach Pani Dr ZBAWICKA uczestniczyła w badaniach markerów jądrowych. Początkowo zajmowała się identyfikacją *Mytilus* na obszarach przybrzeżnych Europy, na dużą skalę geograficzną, za pomocą markera białka adhezyjnego (Me15/16). Zidentyfikowała trzy oczekiwane fragmenty DNA, diagnostyczne dla każdego z trzech badanych taksonów *Mytilus*. Kontynuacja tych badań obejmowała poszerzenie wiedzy o populacjach bałtyckich *Mytilus* z zastosowaniem trzech markerów DNA jądrowego: Me15/16, ITS, oraz Efbis. Efektem było opracowanie nowej, w pełni diagnostycznej metody analizy markera Efbis, poprzez RFLP. Analizy małży z Cieśnin Duńskich i wewnętrznego Bałtyku wykazały mieszany skład genetyczny markerów *M. edulis* i *M. trossulus*, a także rozległą introgresję alleli *M. edulis* z Morza Północnego do populacji bałtyckich, obejmującą mtDNA oraz dwa markery jądrowe (ME15/16 i ITS), podczas gdy introgresja w przeciwnym kierunku, alleli *M. trossulus* do populacji *M. edulis* z Kattegatu (Cieśniny Duńskie), dotyczyła tylko markera jądrowego Efbis.

Kolejny projekt koncentrował się na rozmieszczeniu taksonów *Mytilus* w europejskich obszarach przybrzeżnych, z zastosowaniem tych samych trzech markerów jądrowego DNA. Badania ujawniły występowanie zmienności klinalnej między atlantyckim i śródziemnomorskim omułkiem *M. galloprovincialis*. Stwierdzono także wyraźne zróżnicowanie genetyczne między populacjami *M. galloprovincialis* z Morza Czarnego i Morza Śródziemnego oraz większą niż wcześniej zakładano częstość występowania *M. trossulus* w populacjach północno-europejskich. Zaobserwowano po raz pierwszy występowanie alleli *M. trossulus* w wodach Islandii oraz w Morzu Barentsa i Morzu Białym.

Następne badania Habilitantki koncentrowały się na kwestii pochodzenia małży *M. trossulus*, które zachowały swój rodzimy mtDNA, w wodach europejskich. Celem było ustalenie, czy są one częścią obecnej populacji, ale wcześniej pozostawały niewykryte, czy też zostały one rozprzestrzenione wskutek działalności człowieka. Odcinek DNA obejmujący część genów *cox3* i *nad2* o długości około 1200 par zasad, pochodzący z dwóch genomów mitochondrialnych *M. trossulus*, został poddany amplifikacji PCR przy użyciu specyficznych dla danego taksonu starterów. Próby pochodziły z populacji atlantyckich (Kanada, Loch Etive w Szkocji) oraz pacyficznych (Kanada, Aleuty, Morze Japońskie). Analiza filogeograficzna wskazała Zachodni Atlantyk jako źródło europejskich *M. trossulus*, przynajmniej tych, które zachowały swój rodzimy mtDNA. Przeprowadzono próbę datowania tego wydarzenia; punktem odniesienia był znany

przypadek introdukcji *M. galloprovincialis* z Morza Śródziemnego do Azji. Wyniki wskazywały, że inwazja *M. trossulus* do Europy najprawdopodobniej odbyła się bez pośrednictwa człowieka.

W europejskim programie BONUS plus, w realizacji projektu dotyczącego genetycznej bioróżnorodności w Morzu Bałtyckim, Habilitantka była odpowiedzialna za gatunek *Mytilus* sp. Głównym wnioskiem było stwierdzenie, że w ekosystemie Morza Bałtyckiego, gdzie występują gradienty środowiskowe i gdzie poszczególne gatunki mają różne pochodzenie (słodkowodne lub morskie), nie ma wspólnych wzorów zróżnicowania genetycznego. Każdy gatunek posiada unikalny wzorec różnorodności i rozbieżności genetycznej oraz swoistą lokalizację barier dla przepływu genów.

Obecnie Pani dr MAŁGORZATA ZBAWICKA kontynuuje badania nad molekularną biogeografią morskich małży. Znajomość genetycznej bioróżnorodności jest bardzo ważna dla skutecznej ochrony gatunków, zwłaszcza w związku z niedawno zaobserwowanymi zmianami rozmieszczenia małży morskich. Habilitantka opracowała m. in. metodę genotypowania SNP w celu ustalenia pochodzenia populacji małży, należących do różnych taksonów, w skali globalnej oraz określania obecności obcych (introdukowanych) gatunków małży. Próby reprezentujące pięć taksonów *Mytilus* zebrano z sześciu kontynentów: z regionów odizolowanych od wpływu żeglugi morskiej oraz innej działalności człowieka, z odległych wysp, z portów oraz akwakultur. Zbadano taksonomiczne i geograficzne pochodzenie produktów spożywczych na podstawie małży dostępnych w polskich sklepach. W trakcie prowadzonych badań za pomocą markerów SNP, wykryto i udokumentowano po raz pierwszy obecność *M. trossulus* na wybrzeżach Grenlandii. Odkryto nieznaną formę hybrydy trzech taksonów *Mytilus* (*M. galloprovincialis*, *M. platensis* i *M. chilensis*) na atlantyckim wybrzeżu Argentyny. Hybrydy mogły powstać w wyniku wprowadzenia do środowiska naturalnego importowanych próbek małży hodowlanych. Wyjaśnienie tego zjawiska będzie przedmiotem przyszłych badań. Odkryto, że populacje *M. galloprovincialis* w Południowej Afryce powstały w wyniku introdukcji formy atlantyckiej *M. galloprovincialis*, a nie śródziemnomorskiej, jak sądzono wcześniej. Dane uzyskane w wyniku genotypowania SNP wyraźnie wskazują, że ta metoda może być wykorzystana do zilustrowania zmian zasięgów geograficznych rodzimych i obcych populacji małży, zwłaszcza na obszarach, gdzie występują akwakultury.

Podsumowanie oceny dorobku naukowego i osiągnięcia habilitacyjnego

Ponieważ cykl pięciu prac przedstawiony jako osiągnięcie habilitacyjne jest naturalną kontynuacją wcześniejszego dorobku (13 z 15 prac poświęconych jest rodzajowi *Mytilus*), odchodząc od przyjętej konwencji odrębnej oceny dorobku naukowego i osiągnięcia habilitacyjnego skomentuję całość dorobku „omułkowego” Habilitantki (w sumie 18 publikacji) bez tego tradycyjnego podziału. Jest to cenny dorobek zarówno z punktu widzenia poznania mechanizmów hybrydyzacji i introgresji jak i – co wydaje mi się jeszcze ważniejsze – ze względu na wkład do biogeografii historycznej. Opracowawszy nowe metody (genotypowanie SMP) i uzyskawszy niewątpliwie duże doświadczenie w tego typu badaniach, Pani Dr Zbawicka kontynuuje swoje badania zmierzające w kierunku identyfikacji rodzimych i obcych populacji małży – zagadnienie szczególnie ważne w dobie coraz częstszych inwazji gatunków nie-rodzimych.

Ocena dorobku dydaktycznego i popularyzatorskiego oraz współpracy międzynarodowej

Pani Dr MAŁGORZATA ZBAWICKA uczestniczyła w dwóch programach międzynarodowych dotyczących bioróżnorodności organizmów morskich oraz w sieci badawczej związanej z genetyką takich organizmów. Odbyła trzy staże zagraniczne (2 we Francji, 1 w Finlandii). Brała czynny udział w prawie 30 konferencjach międzynarodowych i krajowych.

Ze względu na miejsce zatrudnienia trudno spodziewać się po Habilitantce wielkiego dorobku dydaktycznego. Mimo zatrudnienia w Polskiej Akademii Nauk (placówka nie-dydaktyczna) była opiekunem dwu prac magisterskich (Wydział Biologii, Geografii i Oceanologii UG), a także prowadziła kursy biologii dla licealistów, uczestniczyła w organizacji Bałtyckiego Festiwalu Nauki oraz w kursach techniki PCR.

Konkluzja

W moim odczuciu główną zaletą dorobku i cyklu prac habilitacyjnych przedstawionych mi do recenzji jest doskonale zastosowanie narzędzi molekularnych do wyjaśnienia trudnych i skomplikowanych mechanizmów hybrydyzacji i introgresji, oraz użycie wyników tych badań do interpretacji biogeograficznej. Moje zastrzeżenia dotyczą nie tyle dorobku i osiągnięcia habilitacyjnego (choć w dorobku mogłoby się znaleźć kilka prac popularyzatorskich, zwłaszcza biorąc pod uwagę niewielkie obciążenie dydaktyczne Habilitantki), ile sposobu przedstawienia autoreferatu. Autoreferat powinien być swego rodzaju przewodnikiem po dorobku, ułatwiającym zorientowanie się w celach działalności badawczej i jej wynikach. Tymczasem ten konkretny autoreferat został napisany chaotycznie i nie jest wolny od błędów językowych (i mam tu na myśli wersję polską, nie angielską!). Nie wpływa to oczywiście na ocenę dorobku Habilitantki.

Zarówno dorobek i działalność naukowa, dydaktyczna i popularyzatorska, jak i cykl prac stanowiących osiągnięcie habilitacyjne Pani Dr MAŁGORZATY ZBAWICKIEJ spełniają kryteria Ustawy o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dziennik Ustaw Nr 65/03, poz. 595 z późniejszymi zmianami). W związku z tym wnoszę do Wysokiej Rady Wydziału Biologii Uniwersytetu Gdańskiego o nadanie Pani Dr MAŁGORZACIE ZBAWICKIEJ stopnia doktora habilitowanego nauk biologicznych w dyscyplinie biologia.

Bonifacy P. P. P.