



Prof. dr hab. inż. Mirosław Tyrka
Politechnika Rzeszowska im. Ignacego Łukasiewicza
Wydział Chemiczny
Zakład Biotechnologii i Bioinformatyki

Ocena osiągnięcia naukowego pt.:

*Zmienność genetyczna i ewolucja molekularna wybranych przedstawicieli rodzaju *Colobanthus**

**oraz całokształtu dorobku naukowego, dydaktycznego i organizacyjnego
dr Piotra Pawła Androsiuka**

**w związku z Jego wnioskiem o nadanie stopnia doktora habilitowanego
w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne**

wykonana na zlecenie prof. dr hab. Iwony Bogackiej - Dziekana Wydziału Biologii i Biotechnologii
Uniwersytetu Warmińsko Mazurskiego w Olsztynie

1. Charakterystyka sylwetki naukowej Habilitanta

Dr Piotr Androsiuk kształcił się w Poznaniu, gdzie studiował równocześnie ogrodnictwo na Akademii Rolniczej im. Augusta Cieszkowskiego i biologię na Uniwersytecie im. Adama Mickiewicza. Tematyka prac realizowanych w Zakładzie Cytologii i Histologii Wydziału Biologii różniła się od badań prowadzonych w Katedrze Architektury Krajobrazu Wydziału Ogrodniczego. Dr Piotr Androsiuk kontynuował rozwój naukowy na studiach doktoranckich, uzyskując w 2008 roku stopień doktora nauk biologicznych o specjalności genetyka. Pracę doktorską na temat „Charakterystyka genetyczna europejskich populacji sosny zwyczajnej (*Pinus sylvestris* L.) na podstawie cech morfologicznych igieł i markerów DNA” zrealizował pod kierunkiem dr hab. Lecha Urbaniaka, prof. UAM.

Po uzyskaniu stopnia doktora nauk biologicznych, został zatrudniony na stanowisku asystenta naukowo-dydaktycznego w Katedrze Genetyki (obecnie Katedra Fizjologii Genetyki i Biotechnologii





Roślin), Wydział Biologii i Biotechnologii Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie, gdzie pracuje obecnie na stanowisku adiunkta.

2. Ocena osiągnięcia naukowego będącego przedmiotem postępowania habilitacyjnego

Charakterystyka osiągnięcia naukowego

Przedstawione we wniosku osiągnięcie naukowe zatytułowane „Zmienność genetyczna i ewolucja molekularna wybranych przedstawicieli rodzaju *Colobanthus*” obejmuje 5 publikacji:

P1: Androsiuk P. (75%), Chwedorzewska K. (15%)*, Szandar K. (5%), Giełwanowska I (5%). 2015. Genetic variability of *Colobanthus quitensis* from King George Island (Antarctica). Polish Polar Research 36(3): 281-295.

P2: Koc J. (40%), Androsiuk P. (40%)*, Chwedorzewska K.J. (5%), Cuba-Díaz M. (5%), Górecki R. (5%), Giełwanowska I. (5%) 2018. Range-wide pattern of genetic variation in *Colobanthus quitensis*. Polar Biology 41: 2467.

P3: Androsiuk P. (60%)*, Jastrzębski J.P. (5%), Paukzsto Ł. (5%), Okorski A. (5%), Pszczółkowska A. (5%), Chwedorzewska K.J. (5%), Koc J. (5%), Górecki R. (5%), Giełwanowska I. (5%) 2018. The complete chloroplast genome of *Colobanthus apetalus* (Labill.) Druce: genome organization and comparison with related species. PeerJ 6:e4723.

P4: Androsiuk P. (60%)*, Jastrzębski J.P. (5%), Paukzsto Ł. (5%), Makowczenko K. (5%), Okorski A. (5%), Pszczółkowska A. (5%), Chwedorzewska K.J. (5%), Górecki R. (5%), Giełwanowska I. (5%) 2020. Evolutionary dynamics of the chloroplast genome sequences of six *Colobanthus* species. Scientific Reports 10, 11522.

P5: Androsiuk P. (75%)*, Paukzsto Ł. (5%), Jastrzębski J.P. (5%), Milarska S.E. (5%), Okorski A. (5%), Pszczółkowska A. (5%) 2022. Molecular diversity and phylogeny reconstruction of genus *Colobanthus* (Caryophyllaceae) based on mitochondrial gene sequences. Genes 13(6):1060.





Wszystkie wymienione wyżej prace zostały opublikowane w czasopiśmie z listy Journal Citation Reports (JCR) osiągając łączny IF 14.057 i sumę 480 punktów MNiSW. We wszystkich publikacjach składających się na osiągnięcie naukowe udział Dr Piotr Androsiuka był znaczny. W publikacji P2 udział wyniósł 40% natomiast w pozostałych publikacjach 60% lub 75%. Dr Piotr Androsiuk był autorem korespondencyjnym w czterech pracach (P2-P4). Rola Habilitanta w procesie powstawania publikacji wchodzących w skład osiągnięcia naukowego polegała na koncepcji i zaplanowaniu doświadczenia, przeprowadzeniu lub nadzorze nad realizacją części badawczej, w różnym stopniu na analizie i interpretacji danych oraz na przygotowaniu manuskryptu. W pracach P3-P5 Habilitant przeprowadził lub uczestniczył w analizach bioinformatycznych, które miały zróżnicowany charakter i dotyczyły m.in. składania, adnotacji i analizy zmienności z uwzględnieniem funkcjonalności elementów i rejonów genomów chloroplastowych i mitochondrialnych.

Osiągnięcie naukowe dotyczy dwóch głównych, połączonych tematycznie zagadnień. Pierwsze zagadnienie polegało na wykorzystaniu markerów iPBS (ang. *inter-Primer Binding Site*) bazujących na zmienności w rejonach pomiędzy LTR (ang. *Long Terminal Repeats*) do badania zmienności genetycznej 8 populacji *Colobanthus quitensis* pochodzących z Wyspy Króla Grzegorza (P1) oraz 9 populacji tego gatunku zebranych w Chile i w archipelagu Szetlandów Południowych (P2). Drugie zagadnienie obejmowało wykorzystanie sekwencjonowania nowej generacji do poznania kompletnych sekwencji genomu chloroplastowego *C. apetalus* (P3) oraz 6 innych gatunków (*C. acicularis*, *C. affinis*, *C. lycopodioides*, *C. nivicola*, *C. pulvinatus* i *C. subulatus*, P4) oraz sekwencji pochodzących z genomu mitochondrialnego 8 gatunków z rodzaju *Colobanthus* (*C. affinis*, *C. apetalus*, *C. curtisiae*, *C. lycopodioides*, *C. muscoides*, *C. nivicola*, *C. pulvinatus* i *C. quitensis*).

Ocena osiągnięcia naukowego

Wyniki przedstawione w cyklu 5 prac składających się na osiągnięcie naukowe dotyczą łącznie 10 gatunków należących do liczącego 26 gatunków rodzaju *Colobanthus*. Prace P1 i P2 poświęcone są *Colobanthus quitensis*, który jest uważany z najważniejszego przedstawiciela tego rodzaju i rośliną modelową w badaniach zdolności adaptacyjnych do ekstremalnych warunków charakteryzujących środowisko Antarktyki. Zrozumienie molekularnych mechanizmów stojących u podstaw zdolności





adaptacyjnych do niskich temperatur, wysokich amplitud zmian temperatur, zamarzania i rozmrażania, silnego promieniowania UV ma duże znaczenie poznawcze i może mieć również w przyszłości wymiar praktyczny. Przedstawione osiągnięcie w tym zakresie jest kontynuacją badań prowadzonych na Wydziale Biologii i Biotechnologii Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie, lecz z wykorzystuje nowoczesne narzędzia analizy DNA.

Analizy genetyczne *Colobanthus quitensis* dotyczyły początkowo zmienności izoenzymów a następnie polimorfizmu sekwencji ITS (ang. *Internal Transcribed Spacer*). Zmienność w rejonie ITS jest stosowana do identyfikacji gatunkowej i ma ograniczone znaczenie w badaniach na poziomie populacji. Bardziej odpowiednim narzędziem do porównywania zmian na poziomie populacji *C. quitensis* była metoda AFLP (ang. *Amplified Fragment Length Polymorphism*). Analizy populacji *C. quitensis* przy pomocy cytometrii przepływowej wskazywały na różnice w ploidalności roślin zaliczanych do tego gatunku. Populacje *C. quitensis* były charakteryzowane również markerami ISSR (ang. *Inter Simple Sequence Repeat*). Prace P1 i P2 wykorzystują markery bazujące na zmienności pomiędzy elementami strukturalnymi transpozonów, które są często aktywowane pod wpływem warunków stresowych, zatem markery te mogą być szczególnie przydatne do analiz zmian adaptacyjnych genomu. Z uwagi na liczbę i charakterystykę badanych populacji oraz zastosowaną metodę prace P1 i P2 stanowią źródło ważnych informacji na temat zmienności genetycznej *C. quitensis*. Przedstawione badania wniosły dużo nowych informacji o zróżnicowaniu genetycznym w populacjach *C. quitensis*.

Postęp w rozwijaniu metod sekwencjonowania kształtuje obecne trendy charakterystyki genetycznej organizmów na różnych poziomach informacji. Metody sekwencjonowania nowej generacji (NGS) stanowią najbardziej kompleksowe narzędzie do badania zmienności genetycznej. Dają możliwość identyfikacji polimorfizmów pojedynczych nukleotydów (SNP) oraz służą do poznania całych genomów. Z punktu widzenia analiz ewolucyjnych analizy genomów chloroplastów i mitochondriów są ważne. Ten kierunek badań został podjęty w pracy P3, w której przeprowadzono sekwencjonowanie genomu chloroplastowego *C. apetalus*. Dostosowanie się do nowoczesnych technologii i ich wprowadzenie do badań wymagało od Dr Piotra Androsiuka opanowania nowych narzędzi bioinformatycznych. Charakterystyka genomu chloroplastowego 6 innych gatunków z rodzaju *Colobanthus* (P4) pozwoliła na rekonstrukcję powiązań filogenetycznych w obrębie tej grupy



taksonomicznej. W kolejnej pracy do badań filogenetycznych wykorzystano analizy porównawcze wybranych genów mitochondrialnych z 8 gatunków z rodzaju *Colobanthus* (P5). Umiejętnie wykorzystano dane o sekwencjach pochodzących z genomów chloroplastowych i mitochondrialnych do opisu kierunków ewolucji genomów tych organelli w odniesieniu do innych grup roślin.

Uwagi i komentarze do osiągnięcia naukowego

W publikacji P1 zbadano 122 osobniki reprezentujące osiem populacji *C. quitensis* reprezentujących lokalizacje o zróżnicowanych warunkach mikrosiedliskowych (m.in. lokalizacja względem wybrzeża, podłoża, ekspozycji na wiatry). Uzyskane dane opracowano statystycznie narzędziami stosowanymi w analizach genetyki populacji. Najwyższą zmienność wewnątrzpopulacyjną stwierdzono w dwóch populacjach narażonych na najbardziej intensywny stres środowiskowy a najniższą w populacjach rosnących w warunkach zbliżonych do optymalnych. Wykorzystanie markerów ukierunkowanych na zmiany indukowane aktywnością transpozonów jest ciekawym i nowatorskim rozwiązaniem.

W kolejnej pracy (P2) analizy iPBS przeprowadzono na 174 osobnikach z unikalnej kolekcji 9 populacji *C. quitensis*. Podjęto próbę rekonstrukcji historii tego gatunku w Ameryce Południowej i Antarktyce Morskiej. W pracy wykorzystano dodatkowe narzędzia statystyczne, które pozwoliły na wyodrębnienie trzech subpopulacji. Stwierdzone przez innych badaczy różnice w wielkości genomu w populacjach *C. quitensis* mogą być związane z różnymi poziomami ploidalności mogą wymagać dalszych badań z wykorzystaniem technik cytogenetycznych. Uzyskane dane zinterpretowano pod kątem pochodzenia gatunku *C. quitensis*. Wobec braku sekwencji genomowych, źródłowych dla opracowania markerów mikrosatelitarnych lub SNP, zaproponowane rozwiązanie tj. wybór markerów iPBS jest uzasadniony.

W pracy P3, Dr Piotr Androsiuk uzyskał kompletną sekwencję genomu chloroplastowego *C. apetalus*. Porównanie budowy i organizacji genomów chloroplastowych *C. apetalus* i *C. quitensis* ujawniło identyczny skład oraz układ genów. Wykonano analizę występowania sekwencji mikrosatelitarnych z uwzględnieniem rejonów strukturalnych, genów i sekwencji kodujących. Habilitant przeprowadził analizę porównawczą genów kodujących białka i ramek odczytu uzyskując współczynniki substytucji



synonimicznych (Ks) oraz substytucji niesynonimicznych (Ka), ustalił kierunki selekcji analizowanych genów oraz zaproponował powiązania filogenetyczne w tej grupie roślin.

W publikacji P4, Dr Piotr Androsiuk przedstawił kompletne sekwencje genomów chloroplastowych dla kolejnych sześciu gatunków z rodzaju *Colobanthus*: *C. acicularis*, *C. affinis*, *C. lycopodioides*, *C. nivicola*, *C. pulvinatus* oraz *C. subulatus*. Uzyskane sekwencje posłużyły do analiz porównawczych z *C. apetalus* i *C. quitensis*. Habilitant stwierdził konserwatywny charakter struktury genomu chloroplastowego gatunków z rodzaju *Colobanthus*. Zakres narzędzi bioinformatycznych w pracy P4 był rozszerzony w stosunku do tych wykorzystanych w P3. Przeprowadzono wykrywanie potencjalnych miejsc edycji RNA. Dzięki porównaniom 8 gatunków z rodzaju *Colobanthus* zidentyfikowano 12 wysoce zmiennych regionów przydanych do analiz filogenetycznych. Dane sekwencyjne pozwoliły również na bardziej kompleksową analizę zależności filogenetycznych w obrębie rodziny Caryophyllaceae przedstawiającą położenie ośmiu gatunków z rodzaju *Colobanthus* w odniesieniu do 22 innych gatunków, dla których były dostępne genomy chloroplastów.

W kolejnej pracy (P5), Habilitant opracował po raz pierwszy sekwencje 26 genów kodujących białka w genomach mitochondrialnych ośmiu gatunków *Colobanthus*: *C. affinis*, *C. apetalus*, *C. curtisiae*, *C. lycopodioides*, *C. muscoides*, *C. nivicola*, *C. pulvinatus* oraz *C. quitensis*. Stwierdził wysoką konserwatywność sekwencji analizowanych genów. Analiza występowania SNP w rejonach kodujących pozwoliła na identyfikację substytucji synonimicznych i niesynonimicznych oraz określenie kierunków selekcji dla badanych genów mitochondrialnych. Zidentyfikowano i scharakteryzowano potencjalne miejsca edycji RNA w odniesieniu do wcześniejszych wyników analiz dla genomu chloroplastowego. Uzyskane sekwencje wykorzystano do odtworzenia powiązań filogenetycznych w obrębie rodzaju *Colobanthus* na podstawie 26 genów oraz w odniesieniu do 11 innych przedstawicieli rzędu Caryophyllales na podstawie wspólnych 18 genów. Określanie powiązań filogenetycznych na podstawie analizy zmienności w genach mitochondrialnych może stanowić alternatywę dla markerów bazujących na genomach plastydowych i jądrowych.



Ocena syntetyczna osiągnięcia naukowego

Podsumowując, stwierdzam, że przedstawione mi do oceny osiągnięcie naukowe złożone z 5 prac opublikowanych na liście JCR o łącznym IF 14.057 stanowi znaczny wkład Habilitanta w badania nad zmiennością genetyczną *C. quitensis* i ewolucją molekularną genomów chloroplastowych oraz mitochondrialnych u wybranych gatunków z rodzaju *Colobanthus*. Badania na zróżnicowanych populacjach *C. quitensis* przyczyniły się do uzyskania cennych informacji z zakresu genetyki populacji i pochodzenia tego gatunku. Ukierunkowanie się na badania zmienności w genomach chloroplastu i mitochondrium przyczyniło się do uzyskania danych sekwencyjnych dla wybranych gatunków z rodzaju *Colobanthus*. Opracowanie tych danych wymagało opanowania narzędzi bioinformatycznych wykorzystywanych w adnotacji sekwencji, identyfikacji znaczenia biologicznego mutacji punktowych i innych narzędzi dedykowanych dla analiz filogenetycznych. Habilitant ma sprecyzowane dalsze plany badawcze i chce rozszerzać analizy sekwencji organelowych z wykorzystaniem technologii NGS generujących długie odczyty.

3. Ocena pozostałych osiągnięć naukowych

Przed uzyskaniem stopnia naukowego doktora, Dr Piotr Androsiuk uczestniczył w badaniach z zakresu budowy i funkcjonowania błon komórkowych na modelu erytrocytu świni, które zostały uwieńczone pierwszym doniesieniem konferencyjnym. W trakcie studiów doktoranckich zajmował się badaniami populacji sosny zwyczajnej. Wyniki tych badań były przedstawione w 4 publikacjach oraz w 5 doniesieniach konferencyjnych. Dr Piotr Androsiuk przygotował rozprawę doktorską pt. "Charakterystyka genetyczna europejskich populacji sosny zwyczajnej (*Pinus sylvestris* L.) na podstawie cech morfologicznych igieł i markerów DNA" pod kierunkiem dr hab. Lecha Urbaniaka, prof. UAM. W tym okresie zdobył doświadczenie w pracy z wybranymi markerami DNA dzięki finansowaniu grantu promotorskiego (główny wykonawca) oraz środkom wydziałowym.

Kolejny etap rozwoju naukowego obejmował badania zmienności genetycznej roślin z rodziny wiechlinowatych (Poaceae) i goździkowatych (Caryophyllaceae) występujących w obszarach polarnych i subpolarnych oraz badania populacji rogownicy alpejskiej. Habilitant zdobył środki z Narodowego Centrum Nauki na projekt pt „Zróżnicowanie genetyczne i ewolucja molekularna

rodzaju *Colobanthus* w oparciu o sekwencje genomu chloroplastowego”. Współpracował również w zakresie badań nad zmiennością powstająca w trakcie regeneracji roślin w kulturach *in vitro*.

Dr Piotr Androsiuk jest aktywny w zakresie recenzowania prac naukowych. Wykonał ponad 50 recenzji i jest współautorem licznych danych zdeponowanych w bazie GenBank (NCBI).

Podsumowując ocenę pozostałego opublikowanego dorobku naukowego, można stwierdzić, że na aktywność badawczą Habilitanta składa się współautorstwo 21 publikacji naukowych w czasopismach znajdujących się w bazie JCR o łącznym IF=52,135 i 1820 pkt MEiN. Zgodnie z bazą SCOPUS Jego indeks Hirscha wynosi 8.

4. Ocena dorobku dydaktycznego, organizacyjnego i eksperckiego

Ocena istotnej aktywności dydaktycznej

Wysoko oceniam aktywność dydaktyczną Dr Piotr Androsiuka. Prowadzi On wykłady i ćwiczenia laboratoryjne i audytoryjnych w języku polskim oraz języku angielskim. Jest koordynatorem 11 przedmiotów na kierunkach oferowanych przez Wydziału Biologii i Biotechnologii UWM w Olsztynie. Prowadzone przedmioty są związane z genomiką, genetyką populacji, zmiennością i ewolucją roślin. Dr Piotr Androsiuk był opiekunem ośmiu prac licencjackich oraz trzech inżynierskich, promotorem pomocniczym jednej rozprawy doktorskiej. Pełni również funkcję promotora pomocniczego w obecnie realizowanej rozprawie doktorskiej. Dwukrotnie pełnił funkcję opiekuna roku na kierunkach studiów prowadzonych na Wydziale Biologii i Biotechnologii UWM w Olsztynie.

Ocena działalności organizacyjnej i popularyzatorskiej

Dr Piotr Androsiuk angażuje się w życie uczelni i bierze aktywny udział w różnych komisjach i zespołach związanych z procesem dydaktycznym i funkcjonowaniem Uczelni pełniąc m.in. funkcje Koordynatora planów dydaktycznych Katedry Genetyki, członka Rady Wydziału Biologii i Biotechnologii UWM, Komitetu Okręgowego Olimpiady Biologicznej w Olsztynie i Komisji ds. Bezpieczeństwa Biologicznego. Bierze aktywny udział w akcjach promocyjnych Wydziału Biologii i Biotechnologii UWM w Olsztynie poprzez udział Olsztyńskich Dniach Nauki i Sztuki, „Nocy Biologów”,



prowadzenie warsztatów, wykładów i zajęć dla licealistów. Przeprowadził warsztaty w ramach międzynarodowego projektu Erasmus+ „Full STEAM Ahead!”.

Osiągnięcia z zakresu genetyki roślin z obszarów polarnych i subpolarnych zostały docenione i Dr Piotr Androsiuk został członkiem Komitetu Badań Polarnych przy Prezydium Polskiej Akademii Nauk. Należy również do Polskiego Towarzystwa Botanicznego i Polskiego Towarzystwa Genetycznego. Ponadto, Dr Piotr Androsiuk był członkiem drużyny piłkarskiej Wydziału Biologii i Biotechnologii oraz Wydziału Nauk Medycznych (BIOMED).

Ocena współpracy międzynarodowej Habilitanta

Na początkowym etapie rozwoju naukowego Dr Piotr Androsiuk współpracował z zespołem prof. dr hab. Józefa Bielawskiego i dr Lucyna Mrówczyńską z Zakładu Cytologii i Histologii (obecnie Zakład Biologii Komórki) oraz z zespołem dr hab. Lecha Urbaniaka, prof. UAM z Zakładu Genetyki Uniwersytetu im. A. Mickiewicza (UAM) w Poznaniu. Dalszy rozwój przebiegał we współpracy z zespołem prof. dr hab. Romana Zielińskiego z Katedry Genetyki na Wydziale Biologii Uniwersytetu Warmińsko Mazurskiego w Olsztynie m.in. w ramach grantu Marie Curie fellowship for Transfer of Knowledge „Genomic Approaches for Crop Improvement”.

Dr Piotr Androsiuk odbył trzynastomiesięczny staż typu post-doc w Department of Ecology and Environmental Sciences, Umeå University, Umeå, Szwecja zdobywając doświadczenie z zakresu analiz markerów mikrosatelitarnych. Badania roślin występujących w obszarach polarnych i subpolarnych prowadzone były również w ramach współpracy z prof. Marley Cuba-Diaz z Universidad de Concepción, Los Ángeles, Chile.

5. Wniosek końcowy

Na podstawie oceny całokształtu dorobku dr Piotra Androsiuka stanowiącego załącznik do wniosku, stwierdzam, że przedstawione do oceny osiągnięcie „Zmienność genetyczna i ewolucja molekularna wybranych przedstawicieli rodzaju *Colobanthus*” w formie 5 oryginalnych, powiązanych tematycznie prac badawczych stanowi znaczny wkład w rozwój dyscypliny nauki biologiczne. Pozytywnie oceniam inne osiągnięcia naukowe Habilitanta. Wykazał się On istotną aktywnością naukową w więcej niż



jednej uczelni lub instytucji naukowej tym samym spełnia kryteria określone w art. 219 ust. 1 pkt. 2 i 3 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (t.j. Dz.U.2023.742 ze zm.).
Reasumując, pozytywnie opiniuję Jego wniosek o nadanie stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne.

Rzeszów 04.08.2023

.....

data

.....

podpis Recenzenta

