

prof. dr hab. Marta Kolanowska
Katedra Geobotaniki i Ekologii Roślin
Wydział Biologii i Ochrony Środowiska
Uniwersytet Łódzki

ul. Banacha 12/16 p. 128
tel. 508 388 735
e-mail: marta.kolanowska@biol.uni.lodz.pl

Łódź, 19 sierpnia 2026 r.

RECENZJA

**osiągnięć naukowych dr Katarzyny Krawczyk w postępowaniu w sprawie nadania stopnia
doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauki
biologiczne**

Niniejsza recenzja została sporządzona w związku z powołaniem mnie na recenzenta w postępowaniu w sprawie nadania dr Katarzynie Krawczyk stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauki biologiczne, na mocy uchwały Rady Naukowej Dyscypliny Nauki Biologiczne Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie, podjętej na posiedzeniu w dniu 18 czerwca 2026 r. Recenzję sporządzono zgodnie z wymaganiami określonymi w ustawie z dnia 20 lipca 2018 r. – *Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce* (Dz.U. z późn. zm.), a podstawę oceny stanowiła dokumentacja przedstawiona przez Habilitantkę obejmująca autoreferat, wykaz osiągnięć naukowych, publikacje wskazane jako osiągnięcia naukowe wraz z oświadczeniami współautorów, dokument potwierdzający posiadanie stopnia doktora oraz dokumentację potwierdzającą pozostałą aktywność naukową.

Jako osiągnięcie naukowe, o którym mowa w art. 219 ust. 1 pkt 2 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. – *Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce*, Kandydatka wskazała dwa powiązane tematycznie cykle publikacji:

- „Systematyka i różnicowanie ewolucyjne ostnic (Poaceae: *Stipa*) w świetle analiz genomów plastydowych, mitochondrialnych i jądrowych”, obejmujący pięć publikacji naukowych opublikowanych w latach 2017–2025.
- „Porównawcza analiza ewolucji i reorganizacji genomów organellowych rodzaju *Ribes* oraz charakterystyka transferów plastydowo-mitochondrialnych”, obejmujący dwie publikacje naukowe opublikowane w latach 2024–2026.

Badania nad ewolucją i organizacją genomów roślin należą obecnie do jednych z najdynamiczniej rozwijających się kierunków biologii ewolucyjnej i systematyki. Rozwój metod sekwencjonowania nowej generacji umożliwił pozyskiwanie kompletnych genomów organellowych i jądrowych, co znacząco zwiększyło możliwości rekonstrukcji relacji filogenetycznych oraz identyfikacji procesów odpowiedzialnych za różnicowanie linii ewolucyjnych. Jednocześnie w wielu grupach roślin tradycyjnie wykorzystywane markery molekularne okazują się niewystarczające do rozwiązywania problemów taksonomicznych na poziomie gatunkowym, szczególnie w przypadku taksonów o niedawnym pochodzeniu, złożonej historii ewolucyjnej lub podlegających częstej hybrydyzacji. Poszukiwanie bardziej informatywnych źródeł danych genomowych oraz ocena ich przydatności w badaniach systematycznych stanowią zatem jedno z kluczowych wyzwań współczesnej botaniki molekularnej.

OCENA OSIĄGNIĘĆ NAUKOWYCH

Przedstawione do oceny osiągnięcia naukowe obejmują dwa powiązane tematycznie cykle publikacji koncentrujące się na wykorzystaniu danych genomowych w badaniach systematyki, ewolucji oraz organizacji genomów roślin okrytonasiennych. Pierwszy cykl dotyczy rodzaju *Stipa* (Poaceae) i obejmuje zagadnienia związane z rekonstrukcją relacji filogenetycznych, ewolucją genomów oraz identyfikacją markerów molekularnych przydatnych w badaniach taksonomicznych. Drugi cykl poświęcony jest analizie genomów organellowych przedstawicieli rodzaju *Ribes* (Grossulariaceae), ze szczególnym uwzględnieniem ich organizacji, ewolucji oraz zjawiska transferów DNA pomiędzy plastydami i mitochondriami.

Łączny Impact Factor prac składających się na oba cykle, zgodnie z rokiem opublikowania, wynosi 28.033, natomiast ich łączna wartość punktów MNiSW wynosi 670 zgodnie z rokiem opublikowania. Na uwagę zasługuje znaczący udział Kandydatki w realizacji wszystkich prac wchodzących w skład osiągnięcia. Z oświadczeń współautorów wynika, że odpowiadała za opracowanie koncepcji badań lub ich istotnych elementów, przygotowanie materiału badawczego, analizy molekularne i bioinformatyczne, interpretację wyników oraz przygotowanie manuskryptów, a w części publikacji pełniła rolę pierwszej lub korespondencyjnej autorki.

Ocena osiągnięcia naukowego nr 1 „Systematyka i zróżnicowanie ewolucyjne ostnic (Poaceae: *Stipa*) w świetle analiz genomów plastydowych, mitochondrialnych i jądrowych”

Pierwsze osiągnięcie naukowe przedstawione przez dr Katarzynę Krawczyk obejmuje cykl pięciu powiązanych tematycznie publikacji opublikowanych w latach 2017–2025, w których autorzy wykorzystali dane pochodzące z genomu jądrowego, plastydowego i mitochondrialnego do badań nad systematyką, delimitacją gatunków oraz ewolucją rodzaju *Stipa*. Poszczególne prace dotyczą kolejno poszukiwania bardziej informatywnych markerów jądrowych, oceny możliwości wykorzystania kompletnych plastomów do identyfikacji gatunków, analizy presji selekcyjnej działającej na geny plastydowe, określenia uwarunkowań skuteczności superbarcodingu w obrębie Poales oraz wykorzystania danych mitochondrialnych w rekonstrukcji filogenezy i delimitacji gatunków Stipeae.

Tematyka podjęta przez Kandydatkę jest aktualna i naukowo uzasadniona. Rodzaj *Stipa* obejmuje liczne gatunki o wysokim podobieństwie morfologicznym, a jego systematykę dodatkowo komplikują hybrydyzacja, introgresja, poliploidyzacja oraz niewielkie zróżnicowanie części markerów molekularnych. Ograniczona przydatność klasycznych regionów ITS i markerów plastydowych powodowała, że relacje pomiędzy wieloma przedstawicielami rodzaju pozostawały nierozstrzygnięte. Kandydatka trafnie zidentyfikowała tę lukę badawczą i podjęła

próbę określenia, które źródła danych genomowych mogą rzeczywiście zwiększyć rozdzielczość analiz prowadzonych na niskich poziomach taksonomicznych.

W publikacji 1.1 oceniono przydatność regionu IGS jądrowego rRNA jako markera filogenetycznego dla rodzaju *Stipa*. Badania te należy uznać za bardzo wartościowe, ponieważ nie ograniczyły się do przetestowania kolejnej sekwencji, lecz obejmowały analizę organizacji całej jednostki nrDNA, porównanie zmienności jej poszczególnych elementów funkcjonalnych oraz ilościową ocenę ich informatywności filogenetycznej. Wykazano, że klasycznie stosowane regiony ITS1 i ITS2 są w obrębie badanego rodzaju wysoce konserwatywne, natomiast fragment IGS obejmujący 3'ETS i NTS charakteryzuje się znacznie większą zmiennością i silniejszym sygnałem filogenetycznym. Zastosowanie tego regionu do analizy 36 gatunków pozwoliło uzyskać znacznie lepiej rozdzielone drzewo filogenetyczne niż w przypadku ITS oraz wcześniejszych analiz plastydowych. Istotnym osiągnięciem publikacji 1.1 było zatem nie tylko wskazanie nowego markera, ale również wykazanie zakresu jego użyteczności. Autorzy trafnie zaznaczyli, że bardzo szybkie tempo ewolucji NTS, obecność homoplazji i trudności z dopasowaniem silnie zróżnicowanych sekwencji ograniczają jego zastosowanie do analiz wewnątrzarodajowych i innych płytkich poziomów taksonomicznych. Takie krytyczne przedstawienie zarówno zalet, jak i ograniczeń proponowanego rozwiązania zwiększa wartość pracy.

W publikacji 1.2 Kandydatka podjęła próbę określenia, czy w genomie plastydowym *Stipa* występują regiony umożliwiające skuteczną identyfikację gatunków oraz czy kompletne plastomy mogą pełnić funkcję superbarcodów. Analiza objęła 21 plastomów reprezentujących 19 taksonów i została przeprowadzona zarówno w odniesieniu do poszczególnych regionów funkcjonalnych, jak i kolejnych fragmentów o długości 600 par zasad. Takie rozwiązanie należy ocenić wysoko, ponieważ pozwoliło uniezależnić poszukiwanie potencjalnych markerów od tradycyjnego podziału genomu na geny, introny i spacery oraz uwzględniło praktyczną możliwość późniejszego sekwencjonowania wybranego fragmentu metodą Sangera.

Autorzy skoncentrowali się na ocenie skuteczności różnych strategii barkodingu przy użyciu plastydowego DNA, od pojedynczych markerów po kompletne genomy plastydowe (superbarcoding), w delimitacji gatunków rodzaju *Stipa*. Najważniejszym wynikiem tej pracy było wykazanie wyjątkowo niskiego zróżnicowania plastomów *Stipa*, których podobieństwo parami

wynosiło od 99.7 do 100%. Żaden pojedynczy region plastydowy nie zapewniał satysfakcjonującej identyfikacji gatunków, a połączenie sześciu najlepiej działających loci pozwoliło rozpoznać jedynie 68,4% badanych taksonów. Najbardziej efektywny fragment o długości 600 par zasad, obejmujący część genu *rbcL*, sekwencję międzygenową *rbcL-rpl23* i część *rpl23*, rozróżniał nieco ponad połowę analizowanych taksonów. Dopiero wykorzystanie kompletnych plastomów zwiększyło skuteczność identyfikacji do 94.74%, przy czym nawet ta metoda nie rozdzieliła wszystkich jednostek.

Autorzy publikacji nie próbowali przedstawić superbarcodingu jako rozwiązania uniwersalnego. Wskazano identyczność plastomów morfologicznie rozróżnialnych taksonów oraz przypadki, w których zróżnicowanie wewnątrzgatunkowe może być porównywalne z międzygatunkowym. Autorzy słusznie zauważyli, że zwiększenie liczby osobników reprezentujących poszczególne gatunki prawdopodobnie obniżyłoby deklarowaną skuteczność identyfikacji. Ograniczona reprezentacja wewnątrzgatunkowa stanowi więc słabszą stronę tej pracy, ale została dostrzeżona i właściwie omówiona. Publikacja 1.2 dostarczyła ważnego wyniku negatywnego: wykazała, że nawet kompletne genomy plastydowe nie zawsze zawierają wystarczającą informację do niezawodnej delimitacji niedawno zróżnicowanych gatunków i że w przypadku *Stipa* konieczne jest uwzględnienie markerów jądrowych.

Publikacja 1.3 wykraczała poza problem wyboru markerów i dotyczyła adaptacyjnej ewolucji genomów plastydowych *Stipa*. Analizie poddano 67 plastomów reprezentujących 43 gatunki Stipeae i Ampelodesmeae, w tym znacznie rozszerzony w stosunku do wcześniejszej pracy zbiór przedstawicieli *Stipa*. Kandydatka wraz ze współautorami oceniła rozmieszczenie mutacji niesynonimicznych, ich związek z poszczególnymi liniami filogenetycznymi oraz obecność dodatniej selekcji. Mocną stroną metodyczną pracy było zastosowanie kilku niezależnych modeli wykrywania presji selekcyjnej, opartych na odmiennych założeniach, a następnie porównanie uzyskanych rezultatów. Pozwoliło to ograniczyć ryzyko interpretowania jako adaptacyjnych zmian wskazywanych wyłącznie przez jeden test.

W publikacji 1.3 wykazano sygnał dodatniej selekcji w 11 genach plastydowych (*ccsA*, *matK*, *ndhC*, *ndhF*, *ndhK*, *rbcL*, *rpoA*, *rpoC1*, *rpoC2*, *rps8* i *rps11*). Po raz pierwszy u traw

stwierdzono działanie dodatniej selekcji na geny *rps8*, *rps11* i *ndhK*. Najsilniejszy sygnał dotyczył genu *rbcL*, zwłaszcza w bazalnej grupie wysokogórskich gatunków środkowoazjatyckich, a część zmian aminokwasowych zlokalizowano w obszarach mogących wpływać na wydajność wiązania CO₂ przez RuBisCO.

Publikacja ta wniosła wartościowe dane do badań nad ewolucją plastomów i wskazała, że tempo oraz kierunek zmian w genach plastydowych nie są jednolite w obrębie rodzaju. Jednocześnie interpretacja części wyników w kategoriach adaptacji do warunków wysokogórskich powinna pozostać ostrożna. Wykrycie dodatniej selekcji i zmiany właściwości aminokwasów wskazują na prawdopodobny proces adaptacyjny, nie stanowią jednak bezpośredniego dowodu funkcjonalnego ani eksperymentalnego potwierdzenia wpływu mutacji na wydajność fotosyntezy. Sami autorzy zachowali w tej kwestii właściwą ostrożność. Nie obniża to wartości pracy, ale wyznacza granicę wnioskowania możliwego na podstawie analiz porównawczych sekwencji. Za istotne uważam również powiązanie badań nad selekcją z problemem filogenetycznym: regiony podlegające silnej lub zróżnicowanej presji selekcyjnej nie muszą być optymalnym źródłem neutralnego sygnału wykorzystywanego w rekonstrukcji historii ewolucyjnej.

W publikacji 1.4 problem bardzo niskiego zróżnicowania plastomów, stwierdzony wcześniej dla *Stipa*, został osadzony w znacznie szerszym kontekście porównawczym. Analiza objęła 1707 plastomów, 793 gatunki i 96 rodzajów reprezentujących Poales. W pracy tej nie koncentrowano się już na poszukiwaniu pojedynczego barkodu, lecz oceniono skuteczność superbarcodingu z wykorzystaniem molekularnych cech diagnostycznych, czyli mutacji występujących u wszystkich analizowanych przedstawicieli danego gatunku i nieobecnych u innych gatunków tego samego rodzaju. Skala analizy i próba odniesienia wyników do filogenezy, liczebności prób, procesów hybrydyzacji i poliploidyzacji oraz rodzaju zajmowanego siedliska stanowią najważniejsze zalety tej publikacji.

Badania wykazały bardzo duże zróżnicowanie liczby cech diagnostycznych pomiędzy gatunkami i rodzajami Poales. Niskie zróżnicowanie plastomów nie jest zjawiskiem charakterystycznym wyłącznie dla *Stipa*, lecz występuje w wielu liniach traw, szczególnie w młodych ewolucyjnie rodzajach Pooideae i Panicoideae. Jednocześnie nie stwierdzono prostej zależności pomiędzy ogólnym podobieństwem plastomów a skutecznością identyfikacji: również

w rodzajach o bardzo podobnych sekwencjach poszczególne gatunki mogą posiadać liczne, właściwie rozmieszczone cechy diagnostyczne. Wykazano ponadto, że zwiększanie liczby osobników przypisanych do gatunku prowadzi do zmniejszania liczby cech uznawanych za gatunkowo swoiste. Jest to ważny wynik metodologiczny, pokazujący, że skuteczność barcodingu może być zawyżana w badaniach opartych na pojedynczych okazach.

Na uwagę zasługuje również próba interpretacji zróżnicowania plastomów w kontekście ekologicznym. Rodzaje związane wyłącznie z siedliskami otwartymi charakteryzowały się przeciętnie większym zróżnicowaniem niż rodzaje leśne lub występujące w różnych typach siedlisk. Wynik ten jest interesujący i otwiera perspektywę dalszych badań, choć – podobnie jak w przypadku analiz adaptacyjnych – nie pozwala jeszcze na jednoznaczne wskazanie mechanizmu przyczynowego. Autorzy wskazali również, że hybrydyzacja, poliploidyzacja, transfer plastomów oraz błędna identyfikacja materiału zdeponowanego w bazach mogą znacząco ograniczać skuteczność superbarcodingu. Szczególnie trafne jest stwierdzenie, że wiarygodność identyfikacji molekularnej zależy od poprawności wcześniejszego opracowania taksonomicznego materiału. Publikacja 1.4 wykracza poza systematykę *Stipa* i stanowi szerszy wkład do metodologii identyfikacji molekularnej roślin.

Publikacja 1.5 dotyczyła wykorzystania genomów mitochondrialnych w rekonstrukcji filogenezy i delimitacji gatunków Stipeae, ze szczególnym uwzględnieniem rodzaju *Stipa*. Jest to najbardziej nowatorskie metodologicznie rozwinięcie wcześniejszych badań, ponieważ roślinne mitogenomy są wykorzystywane znacznie rzadziej niż plastomy z uwagi na ich rozmiar, złożoną strukturę, częste rearanżacje oraz stosunkowo niskie tempo substytucji. W pracy po raz pierwszy złożono i opisano kompletny genom mitochondrialny przedstawiciela Stipeae – *Nassella tenuissima* – a następnie wykorzystano go jako genom referencyjny do wytypowania 29 homologicznych fragmentów o łącznej długości niemal 140 tysięcy par zasad. Fragmenty te przeanalizowano u 49 przedstawicieli plemienia, w tym 43 gatunków *Stipa*.

Wbrew oczekiwaniom wynikającym z powolniejszej ewolucji roślinnego mtDNA wybrane fragmenty mitochondrialne osiągnęły skuteczność identyfikacji gatunków na poziomie 75%, nieco wyższą niż 71% uzyskane dla kompletnych plastomów w tym samym zbiorze danych.

Sygnalizuje to, że o wartości źródła danych nie decyduje wyłącznie ogólny poziom zmienności genomu, lecz także rozmieszczenie zmian właściwych poszczególnym liniom. Analizy mitochondrialne zwiększyły rozdzielczość relacji w kilku problematycznych grupach *Stipa*, których nie udało się jednoznacznie rozdzielić na podstawie plastomów. Jednocześnie topologie uzyskane z genomów plastydowego i mitochondrialnego nie były w pełni zgodne, co autorzy interpretowali w kontekście złożonej historii ewolucyjnej grupy, obejmującej między innymi hybrydyzację, introgresję, niepełne sortowanie linii i potencjalny transfer materiału genetycznego.

Cennym elementem publikacji 1.5 była analiza fragmentów plastydowych przeniesionych do genomu mitochondrialnego. Ich nieuwzględnienie może prowadzić do tzw. paradoksu barcodingowego, polegającego na amplifikacji homologicznych sekwencji pochodzących z dwóch organelli i w konsekwencji do błędnej interpretacji wyników. Praca ma więc zarówno wymiar poznawczy, jak i praktyczny. Należy jednak podkreślić, że nie rozwiązuje ona ostatecznie problemu filogenezy rodzaju *Stipa*. Analizowany materiał obejmował jedynie część jego różnorodności, a zastosowane dane mitochondrialne stanowią zestaw wybranych regionów homologicznych, a nie kompletne mitogenomy wszystkich gatunków. Autorzy wskazali, że pełniejsza rekonstrukcja będzie wymagała rozszerzenia próby oraz wykorzystania wielolokusowych danych jądrowych. Taka ostrożność w formułowaniu wniosków jest uzasadniona i dobrze świadczy o sposobie interpretowania wyników.

Całe osiągnięcie jest spójne problemowo. Publikacja 1.1 wykazała, że właściwie dobrany region jądrowy może dostarczyć silniejszego sygnału niż tradycyjnie stosowane markery. Publikacja 1.2 ujawniła zasadnicze ograniczenia plastydowego barcodingu w obrębie *Stipa*, ale jednocześnie określiła rzeczywistą skuteczność kompletnych plastomów. Publikacja 1.3 wykorzystwała dane plastomowe do analizy zróżnicowania tempa ewolucji i presji selekcyjnej. Publikacja 1.4 pozwoliła ocenić, czy zjawiska obserwowane w *Stipa* są wyjątkowe, czy stanowią część szerszego wzorca występującego w Poales. Publikacja 1.5 wprowadziła kolejne, dotychczas słabo wykorzystywane źródło danych i wykazała, że sygnał mitochondrialny może uzupełniać, a w niektórych przypadkach korygować wyniki analiz plastydowych.

Na wysoką ocenę zasługuje również warsztat badawczy Kandydatki. Przedstawione prace obejmują projektowanie badań molekularnych, sekwencjonowanie krótko- i długoodczytowe,

składanie i anotację genomów, analizy filogenetyczne, delimitację gatunków, ocenę informatywności markerów, wykrywanie presji selekcyjnej oraz analizy porównawcze dużych zbiorów danych genomowych. W cyklu widoczny jest rozwój skali i złożoności prowadzonych badań – od analizy pojedynczego regionu jądrowego po porównania obejmujące setki gatunków i tysiące sekwencji genomowych.

Pewien niedosyt budzi natomiast ograniczone przełożenie uzyskanych rezultatów na konkretne rozstrzygnięcia taksonomiczne w obrębie rodzaju *Stipa*. Cykl bardzo dobrze identyfikuje możliwości i ograniczenia poszczególnych źródeł danych, dostarcza nowych markerów i rozwiązuje część relacji filogenetycznych, ale nie prowadzi do całościowej rewizji klasyfikacji rodzaju. W przypadku części analiz, zwłaszcza publikacji 1.2 i 1.5, ograniczeniem pozostaje także niewielka liczba osobników reprezentujących poszczególne gatunki. Ma to istotne znaczenie w grupie, w której hybrydyzacja, zmienność wewnątrzgatunkowa i niepełne sortowanie linii mogą prowadzić do rozbieżności między granicami gatunków a historią pojedynczych genomów. Nie traktuję jednak tych kwestii jako zasadniczej słabości osiągnięcia, ponieważ zasadniczym jego celem było opracowanie i krytyczna ocena narzędzi genomowych, a nie wykonanie pełnej rewizji taksonomicznej.

Podsumowując, pierwsze osiągnięcie naukowe oceniam wysoko. Przedstawiony cykl publikacji wnosi istotny wkład do badań nad systematyką molekularną i ewolucją rodzaju *Stipa*, a część uzyskanych wyników ma znaczenie znacznie szersze, dotyczące metodologii barcodingu i superbarcodingu oraz ewolucji genomów organellowych u traw. Szczególnie wartościowe jest krytyczne porównanie informacji pochodzących z genomu jądrowego, plastydowego i mitochondrialnego oraz wykazanie, że żadne z tych źródeł danych nie może być traktowane jako uniwersalne i wystarczające w badaniach tak złożonej grupy. Kandydatka wykazała się umiejętnością formułowania istotnych pytań badawczych, konsekwentnego rozwijania problematyki naukowej, stosowania nowoczesnych metod genomowych oraz krytycznej interpretacji zarówno pozytywnych, jak i negatywnych rezultatów analiz.

Ocena osiągnięcia naukowego nr 2 „Porównawcza analiza ewolucji i reorganizacji genomów organellowych rodzaju *Ribes* oraz charakterystyka transferów plastydowo-mitochondrialnych”

Drugie osiągnięcie naukowe przedstawione przez dr Katarzynę Krawczyk obejmuje dwie powiązane tematycznie publikacje dotyczące ewolucji genomów organellowych rodzaju *Ribes*, ze szczególnym uwzględnieniem *Ribes alpinum*, oraz identyfikacji i analizy transferów DNA zachodzących pomiędzy genomem plastydowym i mitochondrialnym. Pierwsza praca miała przede wszystkim charakter poznawczy i dotyczyła budowy, zmienności oraz ewolucji genomów organellowych porzeczki alpejskiej. Druga rozwijała podjętą problematykę w kierunku metodologicznym poprzez opracowanie narzędzia bioinformatycznego automatyzującego wykrywanie i charakterystykę transferów między genomami organellowymi. Osiągnięcie jest wyraźnie węższe niż pierwszy cykl publikacji, ale pozostaje spójne problemowo i przedstawia przejście od opisu konkretnego przypadku biologicznego do stworzenia narzędzia umożliwiającego prowadzenie porównywalnych analiz w szerszej skali.

Tematyka osiągnięcia jest aktualna i naukowo uzasadniona. Transfery sekwencji pomiędzy genomami plastydowym i mitochondrialnym należą do ważnych procesów kształtujących ewolucję genomów roślinnych. Ich analiza jest jednak utrudniona przez znaczną zmienność strukturalną mitogenomów, obecność regionów powtórzonych, niejednoznaczność kierunku części transferów oraz brak jednolitego sposobu łączenia wyników analiz podobieństwa sekwencji z anotacją funkcjonalną genomów. Wybór rodzaju *Ribes* jako modelu badawczego jest uzasadniony zarówno niewielką liczbą opisanych genomów mitochondrialnych jego przedstawicieli, jak i nadal nie w pełni rozpoznanymi relacjami filogenetycznymi w obrębie rodzaju.

Publikacja 2.1 poświęcona została kompleksowej charakterystyce genomów organellowych *Ribes alpinum*. Opracowano kompletny plastom o długości 157 351 par zasad oraz mitogenom o długości 375 266 par zasad, będący dopiero drugim opisany genomem mitochondrialnym przedstawiciela rodzaju *Ribes*. Zastosowanie sekwencjonowania długich odczytów umożliwiło nie tylko złożenie obu genomów, ale również ocenę ich struktury, zawartości genów, użycia kodonów oraz relacji z genomami innych przedstawicieli rodzaju.

Zakres pracy jest szeroki i obejmuje zarówno genomikę porównawczą, analizę zmienności plastomu, poszukiwanie potencjalnych markerów, rekonstrukcję filogenezy, jak i rozpoznanie homologicznych fragmentów genomów plastydowego i mitochondrialnego.

Za istotny rezultat prac należy uznać wskazanie regionów plastydowych o potencjalnie wysokiej wartości diagnostycznej. Porównanie jedenastu plastomów rodzaju *Ribes* wykazało, że standardowe markery *matK* i *rbcL* mają ograniczoną użyteczność w identyfikacji przedstawicieli tej grupy. Największą liczbę cech diagnostycznych zawierał gen *ycf1*, jednak ze względu na jego znaczną długość bardziej praktycznymi kandydatami na markery okazały się spacery *petN-psbM* i *trnS-trnG*. Wynik ten ma wartość aplikacyjną, ponieważ wskazane regiony mogą być testowane w dalszych badaniach systematycznych i barcodingowych rodzaju. Należy jednak zaznaczyć, że ich skuteczność oceniono na podstawie ograniczonej reprezentacji taksonomicznej i bez szerokiego próbkowania wewnątrzgatunkowego. Wskazane sekwencje powinny być zatem traktowane jako obiecujący zestaw kandydacki, a nie jako ostatecznie zweryfikowane barkody dla całego rodzaju.

Ważnym osiągnięciem było także określenie pozycji filogenetycznej *Ribes alpinum*. Analiza kompletnych plastomów nie potwierdziła sugerowanego wcześniej na podstawie ITS bliskiego pokrewieństwa tego gatunku z *R. rubrum*. *Ribes alpinum* utworzył natomiast kład z *R. fasciculatum*, położony jako grupa siostrzana względem pozostałych analizowanych przedstawicieli rodzaju. Wynik ten jest zgodny z wcześniejszymi analizami RAD-seq i wskazuje, że tradycyjne ujęcie pozycji tego gatunku wymaga ponownej oceny z wykorzystaniem szerszego próbkowania i danych jądrowych. Publikacja wniosła zatem rzeczywisty wkład do poznania filogenezy rodzaju, chociaż obejmuje jedynie niewielką część jego ponad 160 gatunków. Wnioski dotyczące klasyfikacji wewnątrzrodzajowej muszą więc pozostać ostrożne.

Cennym elementem pracy było porównanie mitogenomów *R. alpinum* i *R. nigrum*. Pomimo podobnego składu genowego i zawartości GC wykazano znaczne różnice w wielkości genomów, kolejności i orientacji genów oraz brak genu *rps1* u *R. alpinum*. Wyniki dobrze ilustrują charakterystyczną dla roślinnych genomów mitochondrialnych dynamikę strukturalną, która może być wysoka nawet pomiędzy przedstawicielami jednego rodzaju. Zidentyfikowano

ponadto homologiczne fragmenty genomów plastydowego i mitochondrialnego, których łączna długość wynosiła około 9.5 tysiąca par zasad. Autorzy właściwie zauważyli, że liczba wykrywanych transferów silnie zależy od zastosowanych progów, sposobu klasyfikacji homologii oraz uwzględnienia bądź wykluczenia konserwatywnych genów RNA. To zastrzeżenie okazało się szczególnie ważne w kontekście wyników kolejnej publikacji.

Pewną słabością publikacji 2.1 jest jej bardzo szeroki zakres przy stosunkowo niewielkim materiale porównawczym. Analiza budowy genomów, zmienności plastomu, filogenezy, użycia kodonów oraz transferów międzyorganellowych sprawia, że niektóre wątki pozostają raczej rozpoznaniem problemu niż jego pogłębionym rozwiązaniem. Dotyczy to zwłaszcza analizy transferów, w której na podstawie podobieństwa sekwencji nie zawsze można jednoznacznie określić ich kierunek, wiek i funkcjonalne znaczenie. Wysoka korelacja wykorzystania kodonów w obu organellach została poprawnie wykazana, ale jej znaczenie ewolucyjne nie zostało szerzej rozwinięte. Nie przekreśla to wartości pracy, która dostarcza nowych zasobów genomowych i formułuje pytania rozwijane następnie w publikacji 2.2.

Publikacja 2.2 miała odmienny, w znacznej mierze metodyczny charakter. Jej głównym rezultatem było opracowanie pakietu R transgenomes, automatyzującego wykrywanie, klasyfikację i charakterystykę homologicznych regionów pomiędzy plastomem i mitogenomem. Narzędzie łączy wyniki analizy BLAST z anotacjami genomowymi, umożliwia przypisywanie homologii do określonych genów, szacowanie kompletności przeniesionych fragmentów, wnioskowanie o prawdopodobnym kierunku transferu, ekstrakcję sekwencji, analizę zawartości GC oraz automatyczne tworzenie wizualizacji kołowych i liniowych. Pakiet został publicznie udostępniony wraz z danymi przykładowymi, co zwiększa powtarzalność i możliwość praktycznego wykorzystania zaproponowanego rozwiązania.

Największą wartością publikacji 2.2 było rozwiązanie konkretnego problemu technicznego. Dotychczasowe analizy transferów pomiędzy organellami często wymagały ręcznego zestawiania wyników podobieństwa sekwencji oraz tworzenia indywidualnych skryptów dla kolejnych etapów analizy. Utrudniało to porównywanie rezultatów uzyskiwanych przez różnych autorów i powodowało, że liczba wykrywanych transferów zależała nie tylko od biologii badanego obiektu, lecz również od przyjętej procedury. Opracowane narzędzie porządkuje ten proces, integrując jego kolejne elementy w jednym środowisku i stosując jawnie

określone wartości progowe. Takie rozwiązanie stanowi użyteczny wkład warsztatowy do genomiki porównawczej roślin.

Na szczególne podkreślenie zasługuje fakt, że zastosowanie nowego narzędzia zasadniczo zmieniło obraz transferów uzyskany wcześniej metodą tradycyjną. W przypadku *R. alpinum* liczba rozpoznanych regionów zwiększyła się z 11 fragmentów o łącznej długości około 9.5 kb do 46 zdarzeń obejmujących niemal 17 kb. Dla *Nassella tenuissima* zamiast wcześniej wyróżnionych 30 regionów wykryto 86 homologicznych fragmentów, wśród których 25 przypisano jednoznacznie do kierunku plastyd–mitochondrium. Pokazuje to, że publikacja 2.2 nie stanowi wyłącznie technicznego opisu oprogramowania, lecz prowadzi do istotnej rewizji wcześniejszych wniosków biologicznych. Jednocześnie ujawnia, jak silnie rezultaty tego rodzaju analiz mogą zależeć od przyjętej metody.

Zastosowanie pakietu do pięciu gatunków *Ribes* pozwoliło wykazać znaczne zróżnicowanie liczby, długości i składu genowego przeniesionych fragmentów. Szczególnie interesujący okazał się profil *R. alpinum*, zawierający unikatowy zestaw plastydowych genów kodujących białka, między innymi fragmenty *infA*, *petD*, *petB* i *psaI*, nieobecne u pozostałych analizowanych gatunków. Autorzy zinterpretowali ten wzorzec jako możliwy rezultat specyficznego dla linii pozyskania lub odmiennej retencji sekwencji po wczesnym oddzieleniu się linii obejmującej *R. alpinum*. Wynik wskazał, że skład genów uczestniczących w transferach może zawierać sygnał filogenetyczny przydatny w badaniach relacji na niskich poziomach taksonomicznych.

Wnioski te wymagają jednak zachowania ostrożności. Analiza objęła pięć gatunków, a brak *R. fasciculatum*, wskazanego w publikacji 2.1 jako najbliższy analizowany krewny *R. alpinum*, ograniczył możliwość ustalenia, na którym odcinku drzewa pojawił się charakterystyczny profil transferów. Nie można jeszcze przesądzić, czy jest on właściwy wyłącznie *R. alpinum*, całej wczesno oddzielonej linii, czy też wynika częściowo z nieporównywalnej jakości złożeń genomów. Autorzy trafnie zaznaczają, że część różnic strukturalnych może być artefaktem wynikającym z jakości danych i braku dostępu do surowych odczytów dla wszystkich analizowanych gatunków.

Ostrożnie należy również oceniać automatyczne określanie kierunku transferu. Zaproponowana klasyfikacja opiera się na stopniu kompletności genów w genomie źródłowym i docelowym, a sekwencje silnie konserwatywne, zwłaszcza geny rRNA i tRNA, pozostają nieoznaczone kierunkowo. Jest to rozwiązanie konserwatywne i metodycznie rozsądne, ale nadal stanowi wnioskowanie pośrednie, a nie bezpośrednią rekonstrukcję historycznego zdarzenia. Pakiet usprawnia i standaryzuje analizę homologii, nie eliminuje jednak biologicznych ograniczeń związanych z odróżnianiem transferów od homologii odziedziczonej po wspólnym przodku ani nie rozstrzyga funkcjonalności przeniesionych sekwencji. Autorzy wyraźnie wskazują te ograniczenia, uznając analizę transkryptomiczną i szersze badania filogenomiczne za konieczny kierunek dalszych prac.

Za szczególną wartość drugiego osiągnięcia uważam powiązanie badań biologicznych z rozwojem narzędzi analitycznych. Publikacja 2.1 dostarczyła nowych danych genomowych dla *R. alpinum* i ujawniła problem niepełnej oraz zależnej od przyjętej metody charakterystyki transferów między organelami. Publikacja 2.2 odpowiedziała na ten problem poprzez opracowanie ujednoliconego procesu analitycznego, a następnie ponowne wykorzystanie danych z pierwszej pracy i wykazanie, że automatyczna, funkcjonalnie zorientowana analiza prowadzi do pełniejszego obrazu zjawiska. Taka relacja pomiędzy publikacjami nadaje osiągnięciu logiczną spójność.

Drugie osiągnięcie jest wyraźnie mniej rozbudowane niż pierwsze. Obejmuje tylko dwie publikacje, z których pierwsza skupia się przede wszystkim na jednym gatunku, a druga przedstawia narzędzie testowane na niewielkiej liczbie genomów. Znaczenie biologiczne stwierdzonych różnic w profilach transferów nie zostało dotychczas zweryfikowane ani poprzez rozszerzone próbkowanie filogenetyczne, ani analizę ekspresji, ani badania funkcjonalne. Z tego względu określanie tych profili jako markerów filogenetycznych należy obecnie traktować jako dobrze uzasadnioną hipotezę i perspektywę dalszych badań, a nie jako w pełni zweryfikowane rozwiązanie systematyczne.

Oceniając samodzielność Kandydatki, trzeba uwzględnić odmienny charakter jej udziału w obu pracach. W publikacji 2.1 dr Katarzyna Krawczyk współtworzyła koncepcję badań, pozyskała materiał, uczestniczyła w przygotowaniu pierwszej wersji manuskryptu oraz jego redakcji, natomiast zasadnicze analizy wykonywał kilkusobowy zespół. W publikacji 2.2 jest

drugą autorką pracy dwuautorskiej, natomiast samo oprogramowanie i jego implementacja są w znacznym stopniu rezultatem pracy pierwszego autora. Nie oznacza to braku samodzielnego wkładu Kandydatki, ale wskazuje, że jej rola w tym osiągnięciu ma przede wszystkim charakter koncepcyjny, biologiczny i interpretacyjny, częściowo również kierowniczy, a w mniejszym stopniu programistyczny.

Podsumowując, drugie osiągnięcie naukowe oceniam pozytywnie. Jego główną wartością jest połączenie nowych danych dotyczących genomów organellowych *Ribes alpinum* z opracowaniem narzędzia umożliwiającego bardziej kompleksową, ujednoliconą i powtarzalną analizę transferów pomiędzy plastomem i mitogenomem. Publikacja 2.1 dostarczyła wartościowych zasobów genomowych, weryfikowała pozycję filogenetyczną badanego gatunku i wskazała potencjalne markery plastydowe, natomiast publikacja 2.2 wniosła oryginalny wkład metodyczny w postaci pakietu *transgenomes*. Osiągnięcie ma znaczenie wykraczające poza badania rodzaju *Ribes*, ponieważ zaproponowane narzędzie może być wykorzystywane w porównawczej genomice organellowej innych grup roślin. Jednocześnie skala materiału oraz brak funkcjonalnej weryfikacji rozpoznanych transferów powodują, że część formułowanych wniosków ma obecnie charakter hipotez wymagających dalszego testowania. Mimo tych ograniczeń przedstawione prace stanowią wartościowy i oryginalny wkład w badania nad ewolucją genomów organellowych oraz metodologią analizy transferów międzygenomowych.

OCENA POZOSTAŁEGO DOROBKU NAUKOWEGO PO UZYSKANIU STOPNIA DOKTORA

Poza osiągnięciami przedstawionymi jako podstawa postępowania habilitacyjnego dorobek naukowy dr Katarzyny Krawczyk obejmuje szeroki zakres badań botanicznych. Analiza przedstawionych publikacji wskazuje na wyraźną ewolucję zainteresowań badawczych Kandydatki – od klasycznych zagadnień systematyki molekularnej i filogenezy roślin do kompleksowych analiz genomowych wykorzystujących wysokoprzepustowe techniki sekwencjonowania oraz nowoczesne narzędzia bioinformatyczne. Jednocześnie pomimo znacznego rozszerzenia warsztatu badawczego zachowana została spójność podejmowanej

problematyki, koncentrującej się wokół ewolucji genomów oraz ich wykorzystania w badaniach systematycznych i filogenetycznych.

Istotną część dorobku po uzyskaniu stopnia doktora stanowią badania nad genomiką organellową roślin. Kandydatka prowadziła je na zróżnicowanym materiale obejmującym zarówno rośliny okrytonasienne, jak i mchy oraz wątrobowce. Badania te dotyczyły organizacji genomów plastydowych i mitochondrialnych, mechanizmów ich ewolucji, identyfikacji regionów informatywnych filogenetycznie oraz oceny przydatności genomów organellowych w rekonstrukcji relacji filogenetycznych i delimitacji taksonów. Szczególnie wartościowe jest konsekwentne łączenie aspektów poznawczych z metodycznymi – oprócz analiz ewolucyjnych Kandydatka rozwijała również narzędzia umożliwiające praktyczne wykorzystanie danych genomowych w badaniach systematycznych.

Na uwagę zasługuje również znaczne rozszerzenie zakresu taksonomicznego prowadzonych badań. Badania te nie miały charakteru przypadkowego poszerzania spektrum analizowanych organizmów, lecz umożliwiły weryfikację stawianych hipotez ewolucyjnych w grupach reprezentujących odmienne linie rozwojowe roślin. Świadczy to o umiejętności formułowania problemów badawczych o charakterze ogólnobiologicznym, wykraczających poza wąsko rozumianą systematykę pojedynczych grup taksonomicznych.

Kolejnym nurtem badawczym podjętym przez Kandydatkę są prace dotyczące genomiki chromosomowej oraz ewolucji genomów jądrowych, prowadzone przede wszystkim z wykorzystaniem nowoczesnych technologii sekwencjonowania długich odczytów. Badania nad genomem *Riccia sorocarpa* oraz analizą ewolucji systemów płci u przedstawicieli rodzaju *Riccia* poszerzają dotychczasową tematykę badawczą dr Katarzyny Krawczyk o zagadnienia organizacji genomów jądrowych i mechanizmów ewolucji chromosomów płciowych. Włączenie do programu badawczego analiz pełnych genomów jądrowych należy uznać za naturalne rozwinięcie wcześniejszych badań nad genomami organellowymi i świadczy o systematycznym poszerzaniu kompetencji metodologicznych.

Pozytywnie oceniam również podejmowanie badań o charakterze interdyscyplinarnym. Dotyczy to zarówno analiz epigenetycznych mechanizmów adaptacji roślin do stresu środowiskowego, badań nad mikrobiomem plech wątrobowców, jak i udziału w projektach poświęconych genomice patogenów grzybowych, mechanizmom rozprzestrzeniania genów

oporności bakterii oraz molekularnym podstawom odpowiedzi gospodarza na zakażenie wirusem SARS-CoV-2. Chociaż zagadnienia te wykraczają poza główny nurt zainteresowań botanicznych Kandydatki, pozwalają na wykorzystanie rozwijanego przez nią warsztatu genomowego i bioinformatycznego do rozwiązywania problemów o szerszym znaczeniu biologicznym i aplikacyjnym.

Całość pozostałego dorobku naukowego Kandydatki świadczy o jej dużej aktywności badawczej oraz konsekwentnym rozwoju warsztatu naukowego. Na szczególne podkreślenie zasługuje umiejętność wdrażania nowych metod badawczych i szybkiego adaptowania ich do rozwiązywania złożonych problemów z zakresu biologii ewolucyjnej i genomiki roślin. Dominującym elementem dorobku pozostają badania nad ewolucją genomów oraz ich zastosowaniem w systematyce i filogenomice roślin, tworzące spójny i dobrze rozpoznawalny profil naukowy Kandydatki.

**OCENA WYKAZYWANIA SIĘ ISTOTNĄ AKTYWNOŚCIĄ NAUKOWĄ REALIZOWANĄ W WIĘCEJ NIŻ JEDNEJ UCZELNI,
INSTYTUCJI NAUKOWEJ LUB INSTYTUCJI KULTURY**

Po uzyskaniu stopnia doktora Kandydatka prowadziła działalność naukową nie tylko w macierzystym Uniwersytecie Warmińsko-Mazurskim w Olsztynie, ale również realizowała badania w innych krajowych i zagranicznych ośrodkach naukowych. W autoreferacie wykazano trzy staże naukowe: w Uniwersytecie Jagiellońskim, University of Turku w Finlandii oraz Uniwersytecie Gdańskim.

Na szczególną uwagę zasługuje kilkumiesięczny staż badawczy realizowany w Instytucie Botaniki Uniwersytetu Jagiellońskiego pod kierunkiem prof. dr. hab. Marcina Nobisa. Pobyt ten był bezpośrednio związany z realizacją projektu finansowanego przez Narodowe Centrum Nauki i dotyczył badań nad ewolucją oraz systematyką rodzaju *Stipa*. Jak wynika z przedstawionej dokumentacji, współpraca nie miała charakteru wyłącznie szkoleniowego, lecz obejmowała prowadzenie wspólnych badań wykorzystujących nowoczesne metody genomiki porównawczej

i analizy filogenomiczne, a jej efektem były publikacje w renomowanych czasopismach naukowych, w tym prace wchodzące w skład osiągnięcia habilitacyjnego.

Istotnym elementem rozwoju warsztatu badawczego Kandydatki był również staż w University of Turku, podczas którego zdobyła doświadczenie w zakresie wysokoprzepustowego sekwencjonowania nowej generacji oraz zaawansowanych analiz bioinformatycznych. Nabyte kompetencje zostały następnie wykorzystane w dalszych badaniach nad genomami organellowymi roślin i niewątpliwie przyczyniły się do rozszerzenia stosowanego przez Kandydatkę warsztatu metodologicznego.

Podczas wcześniejszego pobytu w Uniwersytecie Gdańskim Kandydatka uczestniczyła w szkoleniu z zakresu współczesnych metod biologii molekularnej i taksonomii roślin. Choć miał on przede wszystkim charakter szkoleniowy, stanowił ważny etap budowania kompetencji metodologicznych wykorzystywanych następnie w samodzielnej działalności naukowej.

Na pozytywną ocenę zasługuje również fakt, że współpraca z innymi ośrodkami naukowymi nie ograniczała się do krótkotrwałych wyjazdów, lecz przełożyła się na trwałe relacje naukowe i wspólne publikacje. Szczególnie współpraca z zespołem Uniwersytetu Jagiellońskiego miała wymierny wpływ na rozwój badań Kandydatki, czego potwierdzeniem są wysoko oceniane prace dotyczące genomiki i filogenomiki ostnic (*Stipa*). Aktywność ta świadczy o umiejętności funkcjonowania w zespołach badawczych oraz prowadzenia badań w środowisku międzynarodowym.

Reasumując, przedstawiona dokumentacja jednoznacznie potwierdza, że dr Katarzyna Krawczyk wykazuje się istotną aktywnością naukową realizowaną w więcej niż jednej uczelni i instytucji naukowej, a aktywność ta miała realny wpływ na rozwój jej kompetencji badawczych oraz dorobku naukowego.

OCENA DZIAŁALNOŚCI DYDAKTYCZNEJ, ORGANIZACYJNEJ I POPULARYZATORSKIEJ ORAZ POZOSTAŁEJ AKTYWNOŚCI ZAWODOWEJ

Przedstawiona dokumentacja wskazuje, że aktywność dr Katarzyny Krawczyk nie ogranicza się wyłącznie do prowadzenia badań naukowych, lecz obejmuje również działalność dydaktyczną, organizacyjną oraz popularyzatorską, realizowaną w sposób systematyczny

i zróżnicowany. W mojej ocenie wszystkie te obszary stanowią wartościowe uzupełnienie dorobku naukowego Kandydatki i potwierdzają jej aktywne zaangażowanie w funkcjonowanie środowiska akademickiego.

Dorobek dydaktyczny Kandydatki należy ocenić pozytywnie. Prowadziła zajęcia na kierunkach biologia, biotechnologia oraz rolnictwo, obejmujące zarówno ćwiczenia laboratoryjne i terenowe, jak i wykłady z zakresu botaniki, biologii molekularnej, filogenomiki, genomiki roślin oraz metod badań środowiskowych. Tematyka prowadzonych zajęć odpowiada profilowi badawczemu Kandydatki, co sprzyja wykorzystaniu aktualnych osiągnięć naukowych w procesie kształcenia. Na podkreślenie zasługuje również aktywność w zakresie kształcenia młodej kadry naukowej. Kandydatka pełniła funkcję promotora pomocniczego w przewodzie doktorskim zakończonym obroną w 2023 roku, a w tej chwili ponownie pełni tę funkcję w kolejnym przewodzie. Ponadto, dr Katarzyna Krawczyk sprawowała opiekę nad licznymi pracami magisterskimi i licencjackimi.

Pozytywnie oceniam także działalność organizacyjną Kandydatki. Pani dr Katarzyna Krawczyk aktywnie uczestniczyła w pracach komisji i zespołów funkcjonujących na Wydziale Biologii i Biotechnologii Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego, w tym komisji dydaktycznych, zespołu odpowiedzialnego za tworzenie i modyfikację programów studiów oraz rady programowej kierunku biologia. Pełniła również funkcję opiekuna roku studentów oraz uczestniczyła w pracach redakcyjnych czasopisma *Acta Societatis Botanicorum Poloniae*. Zakres podejmowanych obowiązków świadczy o gotowości do angażowania się w działania organizacyjne wykraczające poza podstawowe obowiązki badawcze i dydaktyczne.

Na uwagę zasługuje również działalność popularyzatorska. Kandydatka od wielu lat uczestniczy w inicjatywach mających na celu popularyzację nauki, prowadząc wykłady, warsztaty, webinaria oraz zajęcia skierowane do dzieci, młodzieży i osób dorosłych. Brała udział m.in. w organizacji Ogólnopolskiej Nocy Biologów, międzynarodowego wydarzenia Plant Fascination Day oraz licznych spotkań popularyzujących wiedzę biologiczną. Tak szeroki zakres aktywności świadczy o świadomości znaczenia upowszechniania wyników badań naukowych

oraz umiejętności komunikowania zagadnień biologicznych odbiorcom spoza środowiska akademickiego.

Istotnym elementem aktywności zawodowej Kandydatki jest także udział w procesie oceny dorobku naukowego innych badaczy. W latach 2016–2025 wykonała 27 recenzji manuskryptów dla czasopism o uznanej renomie międzynarodowej, obejmujących m.in. BMC Genomics, BMC Plant Biology, Genes, Molecular Ecology, Journal of Plant Research, Plants, PLOS One oraz Scientific Data. Aktywność ta świadczy o uznaniu kompetencji naukowych Kandydatki przez redakcje czasopism oraz o jej włączeniu w międzynarodowy system oceny jakości badań naukowych.

Uzupełnieniem przedstawionej aktywności są liczne kursy i szkolenia podnoszące kompetencje zawodowe oraz uzyskane nagrody i wyróżnienia, w tym wyróżnienie rozprawy doktorskiej oraz wielokrotne nagrody Rektora Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego za osiągnięcia naukowe. Choć elementy te mają charakter pomocniczy w ocenie postępowania habilitacyjnego, potwierdzają systematyczny rozwój zawodowy Kandydatki oraz pozytywną ocenę jej działalności przez macierzystą jednostkę.

Podsumowując, działalność dydaktyczna, organizacyjna i popularyzatorska dr Katarzyny Krawczyk stanowi wartościowe uzupełnienie jej aktywności naukowej. Kandydatka wykazuje zaangażowanie zarówno w kształcenie studentów i młodych naukowców, jak i w funkcjonowanie jednostki oraz upowszechnianie wiedzy biologicznej. W mojej ocenie przedstawiony dorobek w tym zakresie zasługuje na jednoznacznie pozytywną ocenę.

PODSUMOWANIE I WNIOSEK KOŃCOWY

Przedstawiona do oceny dokumentacja pozwala stwierdzić, że dorobek naukowy dr Katarzyny Krawczyk jest znaczący zarówno pod względem jakościowym, jak i ilościowym. Kandydatka prowadzi badania wpisujące się w aktualne kierunki rozwoju biologii ewolucyjnej i genomiki roślin, koncentrując się przede wszystkim na wykorzystaniu danych genomowych w badaniach systematycznych, filogenetycznych i ewolucyjnych. Osiągnięcia przedstawione jako podstawa postępowania habilitacyjnego stanowią oryginalny i wartościowy wkład w rozwój dyscypliny nauki biologiczne, a pozostały dorobek naukowy potwierdza konsekwentny rozwój

warsztatu badawczego oraz umiejętność podejmowania złożonych problemów naukowych z wykorzystaniem nowoczesnych metod genomiki i bioinformatyki.

Oba przedstawione cykle publikacji tworzą spójny program badawczy skoncentrowany na wykorzystaniu danych genomowych do rozwiązywania problemów systematyki i ewolucji roślin. Ich wspólnym mianownikiem nie jest jedynie zastosowanie nowoczesnych metod sekwencjonowania, lecz przede wszystkim krytyczna ocena wartości poszczególnych źródeł danych genomowych w badaniach filogenetycznych i taksonomicznych.

Pozytywnie oceniam również aktywność naukową realizowaną we współpracy z innymi ośrodkami krajowymi i zagranicznymi, która przyczyniła się do rozwoju kompetencji badawczych Kandydatki oraz zaowocowała publikacjami w renomowanych czasopismach naukowych. Na uznanie zasługuje także jej działalność dydaktyczna, organizacyjna i popularyzatorska, świadcząca o aktywnym zaangażowaniu w funkcjonowanie środowiska akademickiego oraz upowszechnianie wiedzy naukowej.

Uwzględniając przedstawione powyżej argumenty stwierdzam, że dr Katarzyna Krawczyk spełnia wymagania określone w art. 219 ust. 1 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. – Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz.U. z 2024 r., poz. 1571 z późn. zm.).

W związku z powyższym jednoznacznie pozytywnie oceniam osiągnięcia naukowe i pozostałą aktywność dr Katarzyny Krawczyk oraz popieram wniosek o nadanie jej stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauki biologiczne.

Kolanowski