

prof. dr hab. Anna Jakubska-Busse
Zakład Botaniki
Wydział Nauk Biologicznych
Uniwersytet Wrocławski
Kanonia 6/8
50-328 Wrocław

Wrocław, 28.07.2026 r.

**Ocena osiągnięcia oraz aktywności naukowej dr Katarzyny Krawczyk
w związku z jej wnioskiem o nadanie stopnia doktora habilitowanego**

1. Aspekty formalne

W dniu 24 kwietnia 2026 r. dr Katarzyna Krawczyk wystąpiła z wnioskiem o wszczęcie postępowania habilitacyjnego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauki biologiczne. Uchwałą Rady Dyscypliny Naukowej Nauki Biologiczne Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie z dnia 18 czerwca 2026 r. (sygn. 12.001.001.5211.1.4.RND) powołano komisję habilitacyjną, w której powierzono mi obowiązki recenzenta. Przedkładaną ocenę przygotowałam w oparciu o kompletną dokumentację dostarczoną przez uczelnię. W jej skład weszły: wniosek, kopia dyplomu doktorskiego, autoreferat, spis dorobku naukowego, kopie publikacji stanowiących osiągnięcie naukowe, oświadczenia współautorów o ich wkładzie w prace stanowiące osiągnięcie oraz dokumenty poświadczające odbycie staży naukowych.

2. Podstawa prawna oraz kryteria oceny recenzenckiej

Prowadzone postępowanie habilitacyjne opiera się na przepisach ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. – Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2024 roku, poz. 1571, ze zm.). Artykuł 219 ust. 1 tej ustawy określa jasno, iż stopień doktora habilitowanego może otrzymać osoba, która spełnia równocześnie następujące kryteria: (1) legitymuje się stopniem doktora oraz (2) wykaże się osiągnięciami naukowymi bądź artystycznymi o znacznym wpływie na rozwój danej dyscypliny, obejmującymi co najmniej:

- a) monografię naukową opublikowaną przez wydawnictwo ujęte w odpowiednim wykazie, lub
- b) cykl powiązanych tematycznie artykułów naukowych opublikowanych w czasopismach naukowych lub recenzowanych materiałach z konferencji międzynarodowych, lub
- c) zrealizowane oryginalne osiągnięcie projektowe, konstrukcyjne, technologiczne lub artystyczne,

(3) wykazuje się istotną aktywnością naukową albo artystyczną realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej.

Rekomendacje wskazują, że recenzent powinien oceniać dorobek habilitanta wyłącznie pod kątem merytorycznym. Kluczowa jest analiza jakościowa oraz wpływ osiągnięć naukowych na rozwój dyscypliny. Ocena nie powinna się opierać wyłącznie na wskaźnikach bibliometrycznych, ponieważ te nie odzwierciedlają bezpośrednio rzeczywistej wartości naukowej publikacji.

3. Ocena osiągnięć naukowych

Podstawą ubiegania się o stopień doktora habilitowanego dr Katarzyny Krawczyk jest cykl powiązanych tematycznie publikacji naukowych (zgodnie z art. 219 ust. 1 pkt 2 lit. b ustawy). Wskazane osiągnięcie obejmuje dwa wyodrębnione, lecz komplementarne nurty badawcze:

Osiągnięcie nr 1: Systematyka i zróżnicowanie ewolucyjne ostnic (Poaceae: Stipa) w świetle analiz genomów plastydowych, mitochondrialnych i jądrowych

Cykl obejmuje łącznie 5 artykułów oryginalnych, opublikowanych w czasopismach indeksowanych w bazie Journal Citation Reports (JCR, Clarivate Analytics):

1. Krawczyk K. i wsp., Scientific Reports (2017) - IF=4,12
2. Krawczyk K. i wsp., Scientific Reports (2018) - IF=4,01
3. Krawczyk K. i wsp., BMC Plant Biology (2022) - IF=5,3
4. Krawczyk K. i wsp., Frontiers in Plant Science (2023) - IF=4,1
5. Krawczyk K. i wsp., Cladistics (2025) - IF=6,2

Osiągnięcie nr 2: Porównawcza analiza ewolucji i reorganizacji genomów organellowych rodzaju Ribes oraz charakterystyka transferów plastydowo-mitochondrialnych

Cykl obejmuje 2 artykuły opublikowane w czasopismach indeksowanych w bazie Journal Citation Reports (JCR, Clarivate Analytics):

1. Klubowicz K. i wsp., Tree Genetics & Genomes (2024) - IF=1,6
2. Maździarz M. i wsp., Journal of Plant Research (2026) - IF=2,7

Prace wchodzące w skład cyklu osiągnięcia nr 1 sfinansowano z dwóch grantów Narodowego Centrum Nauki (konkursy OPUS, numery: 2013/09/B/NZ8/03287 oraz 2023/51/B/NZ8/01179). We wszystkich 5 pracach wchodzących w skład Osiągnięcia 1 Habilitantka pełni rolę pierwszego i korespondencyjnego autora. W dwóch kolejnych artykułach włączonych do osiągnięcia 2 jest współautorem korespondencyjnym. Tak znaczący, wiodący udział jednoznacznie potwierdza jej kluczową rolę na każdym etapie: od kreowania pomysłów, przez prowadzenie badań, aż po analizę wyników. Dorobek ten dowodzi samodzielności badawczej kandydatki, jej zdolności do zarządzania pracami eksperymentalnymi oraz pozycji lidera w zespołach projektowych. Wymogi formalne przewodu zostały w pełni spełnione – do wniosku dołączono oświadczenia współautorów, które szczegółowo opisują ich wkład i jednoznacznie potwierdzają dominujący udział Habilitantki w planowaniu doświadczeń, interpretacji danych oraz redagowaniu manuskryptów.

Cykl prac składających się na Osiągnięcie 1 skupia się na rodzaju ostnica (*Stipa*), należącym do rodziny wiechlinowatych (Poaceae), który uchodzi za jedną z najtrudniejszych grup traw pod względem identyfikacji gatunkowej. Rodzaj ten – zależnie od przyjętego systemu klasyfikacyjnego – obejmuje od około 150 gatunków we współczesnym, wąskim ujęciu, do około 300 gatunków w ujęciu tradycyjnym, szerokim, a dokładna liczba taksonów infraspecyficznych, zwłaszcza podgatunków, pozostaje trudna do sprecyzowania.

Dotychczas stosowany tradycyjny podział rodzaju *Stipa* opierał się na morfologii ości i plew, czyli cechach podatnych na subiektywną ocenę badaczy, które w świetle szczegółowych weryfikacji okazały się niezwykle zmienne. Opisane w literaturze niewielkie zróżnicowanie morfologiczne gatunków oraz płynne granice między taksonami stanowią poważną barierę podczas ich identyfikacji



ZAKŁAD BOTANIKI

ul. Kanonia 6/8
50-328 Wrocław
tel. +48 71 375 40 85
zbot@uwr.edu.pl

taksonomicznej w terenie, a stosowane dotychczas markery molekularne, takie jak sekwencje chloroplastowe czy region ITS jądrowego rRNA, okazały się niewystarczające. Opisane trudności w identyfikacji gatunkowej skłoniły dr Katarzynę Krawczyk do poszukiwania nowych markerów molekularnych, które umożliwiłyby rewizję aktualnej systematyki rodzaju, oraz, co ważne, precyzyjne odtworzenie powiązań ewolucyjnych między poszczególnymi taksonami.

Przedłożone do recenzji Osiągnięcie 1 skupia się na analizie przydatności oraz wartości informatywnej zmienności jądrowego regionu IGS (ang. intergenic spacer) jądrowego rRNA w rekonstrukcji filogenetycznej. Obejmuje ono także ocenę efektywności zastosowania markerów mitochondrialnych w identyfikacji wybranych plastycznych morfologicznie gatunków z plemienia Stipeae. W ramach tego cyklu publikacji Habilitantka wskazała w autoreferacie trzy zasadnicze, nowatorskie elementy swoich analiz. Należą do nich: wykorzystanie polimorfizmu obszarów międzygenowych rRNA genomu jądrowego do odtworzenia filogenezy rodzaju *Stipa* (publikacja 1.1), zastosowanie plastydowych super-barkodów do delimitacji blisko spokrewnionych taksonów (publikacja 1.2), a także wdrożenie genomów mitochondrialnych do badania relacji pokrewieństwa i wyznaczania granic gatunkowych w obrębie plemienia Stipeae (publikacja 1.5).

W otwierającym cykl artykule Habilitantka przedstawiła pierwsze całościowe zastosowanie sekwencji IGS jądrowego rRNA do zbadania filogenezy rodzaju *Stipa* w obrębie sekcji *Leiostipa*, *Smirnovia*, *Regelia* oraz *Barbatae*. Wyniki uzyskane przez Habilitantkę ujawniły unikalny stopień zmienności sekwencji tego regionu, deklasujący pod względem wartości informatywnej dotychczasowe markery, których używano u traw. Badania te stanowią dowód na to, że ten marginalizowany wcześniej region pozwala na skuteczne rozwiązywanie skomplikowanych problemów filogenetycznych nie tylko w obrębie rodzaju *Stipa*, ale również u innych taksonów z rodziny Poaceae, znanych z szerokiego zakresu zmienności morfologicznej wchodzących w ich skład gatunków.

W drugiej publikacji wchodzącej w skład cyklu autorka wraz z zespołem podjęła się trudnego zadania zweryfikowania możliwości wykorzystania w taksonomii, zwłaszcza w identyfikacji poszczególnych gatunków, narzędzi genomiki - analizując zarówno pojedyncze, najbardziej zmienne regiony, jak i wykorzystując kompletny genom plastydowy jako tzw. super-barkod. Opierając się na sekwencjach 21 plastomów z 19 taksonów *Stipa*, Habilitantka po raz pierwszy kompleksowo oceniła zmienność i potencjał identyfikacyjny całego genomu plastydowego. Choć podejście to pozwoliło na odróżnienie prawie wszystkich analizowanych gatunków ostnic, praca dowodzi, że pełny plastom również ma swoje ograniczenia i nie zawsze gwarantuje identyfikację każdej linii ewolucyjnej. Praca ta wyznacza przyszłe kierunki badawcze, wskazując na konieczność jednoczesnego stosowania analiz genomu jądrowego i plastydowego w systematyce taksonów traw o niejasnym statusie.

Celem trzeciej publikacji było zbadanie ewolucji genomów plastydowych rodzaju *Stipa*, silnie zróżnicowanego pod względem zajmowanych nisz ekologicznych. Analizując kompletne plastomy 43 taksonów z plemion Stipeae i Ampelodesmae, skupiono się na zmienności sekwencji kodujących i ich znaczeniu filogenetycznym dla rodzaju *Stipa*. Wykryto działanie selekcji w 11 genach plastydowych, przy czym po raz pierwszy u traw udowodniono pozytywną selekcję w genach *rps8*, *rpl11* i *ndhK*. Ewolucja tych genów cechowała się odmiennym przebiegiem w zależności od linii filogenetycznej, co wskazuje na różną intensywność adaptacji. Najbardziej wyraźną presję adaptacyjną zarejestrowano w genach fotosyntetycznych, zwłaszcza *rbcL*, u filogenetycznie starych grup gatunków górskich pochodzących z Azji Środkowej. Zjawisko to dotyczy czterech gatunków ostnic, tj.: *Stipa basiplumosa*, *S. klimesii*, *S. penicillata*, *S. purpurea*, rosnących na wysokościach 4500–4700 m n.p.m. Wyniki badań

wskazują, że adaptacja selekcyjna w plastomach rodzaju *Stipa* była determinowana efektywnością wiązania CO₂ oraz przystosowaniem do specyfiki siedliska. Praca ta poszerza wiedzę o ewolucji adaptacyjnej genomów organellowych, po raz pierwszy wskazując na pozytywną selekcję w trzech genach u traw i podkreślając zróżnicowanie tej presji w poszczególnych liniach.

Publikacja czwarta przedstawia porównawczą analizę zmienności i rozdzielczości taksonomicznej pełnych sekwencji genomów plastydowych na szerokim tle filogenetycznym rzędu Poales. W pracy zestawiono dane własne z zasobami bazy GenBank, zbadano kompletne plastomy 1707 osobników należących do 793 gatunków i 96 rodzajów roślin. Kluczowe wnioski wskazują na głęboką konserwatywność genomów plastydowych w licznych liniach ewolucyjnych. Wykazano, że w rodzinie Poaceae wysoki stopień podobieństwa sekwencji utrudnia jednoznaczną identyfikację molekularną. Problem ten potęguje niewielki udział mutacji prywatnych – w efekcie obecność zmiennych miejsc w DNA nie przekłada się automatycznie na ich wartość diagnostyczną, ponieważ rzadko są one specyficzne dla danego gatunku. Jako przykłady rodzajów sprawiających największe trudności wskazano rodzaje *Secale*, *Triticum*, *Aegilops*, *Elymus* i *Campeiestachys*. Przeprowadzone przez Habilitantkę badania dowodzą, że analiza całych sekwencji chloroplastowych (super-barkodów) bywa niewystarczająca do wiarygodnego oznaczania gatunków w wybranych grupach traw.

Ostatnia publikacja włączona do Osiągnięcia 1 dotyczy analizy genomów mitochondrialnych u 49 przedstawicieli plemienia Stipeae (w tym 43 gatunków z rodzaju *Stipa* i 6 gatunków z innych rodzajów). Kluczowym etapem projektu było zsekwencjonowanie i opracowanie kompletnego genomu mitochondrialnego w tej grupie roślin, który uzyskano dla *Nassella tenuissima*. Na jego podstawie wyodrębniono 29 specyficznych fragmentów mitochondrialnych (o łącznej długości ok. 140 tys. par zasad), wolnych od sekwencji pochodzenia plastydowego i uniwersalnych dla całej grupy. Służyły one do ocen porównawczych przydatności markerów mitochondrialnych w delimitacji gatunków na tle super-barkodów chloroplastowych. Badania te wykazały wysoką efektywność danych mitochondrialnych, które umożliwiły poprawną identyfikację w ok. 75% przypadków, osiągając wynik nieco lepszy niż plastomy (ok. 71%). Uzyskane drzewa filogenetyczne w większości potwierdziły i lokalnie wzmocniły relacje sugerowane przez dane plastydowe. Badania te dowodzą, że mimo niskiego tempa substytucji i rearanżacji strukturalnych, fragmenty mitochondrialne są cennym uzupełnieniem taksonomii molekularnej.

Podsumowując, głównym wynikiem naukowym cyklu prac tworzących Osiągnięcie 1 jest udowodnienie, że sekwencje IGS oraz kompletne plastomy pozwalają na znacznie precyzyjniejszą identyfikację gatunków i lepsze odtworzenie relacji filogenetycznych niż stosowane dotychczas markery tradycyjne. Dodatkowo Habilitantka wraz z zespołem wykazała, że wybrane geny plastydowe wykazują cechy ewolucji adaptacyjnej wywołanej presją środowiskową. Z kolei genom mitochondrialny okazał się cennym instrumentem uzupełniającym w taksonomii i filogenetyce traw, ze szczególnym uwzględnieniem linii o wysokim stopniu hybrydyzacji. Zaprezentowane dokonania Habilitantki układają się w logiczny, systematycznie realizowany program badawczy, którego fundamentalnym celem jest pogłębienie wiedzy na temat ewolucji oraz systematyki rodzaju *Stipa* i grup z nim spokrewnionych.

Osiągnięcie nr 2 zorientowane jest na kompleksowe zbadanie ewolucji genomów organellowych u porzeczki (*Ribes*, Grossulariaceae), ze szczególnym uwzględnieniem ich zmienności, transferów sekwencji DNA między organellami i relacji filogenetycznych. Równorzędnym zadaniem było stworzenie i walidacja narzędzia bioinformatycznego do zautomatyzowanej, ujednoliconej analizy



transferów DNA pomiędzy genomem mitochondrialnym a plastydowym, wraz z demonstracją jego funkcjonalności na danych genomowych gatunków z rodzaju *Ribes*, a także *Daucus carota* oraz *Nassella tenuissima*. Nowatorstwo tego osiągnięcia opiera się na pionierskim, całościowym opisie ewolucji genomów organellowych rodzaju *Ribes*, uwzględniającym detekcję obszarów o podwyższonej zmienności mutacyjnej, migracji DNA oraz nowych markerów filogenetycznych (publikacja 2.1). Drugim kluczowym elementem innowacyjnym jest opracowanie ogólnodostępnego pakietu transgenomes, służącego do automatycznego wykrywania i opisywania transferów mitochondrialno-plastydowych w skali wielu genomów jednocześnie (publikacja 2.2). Uzyskane rezultaty bezdyskusyjnie rozszerzają wiedzę o czynnikach kształtujących ewolucję genomów organellowych i dostarczają użytecznych markerów molekularnych dla taksonomii i filogenetyki, co doskonale koresponduje ze współczesnymi trendami w genomice roślin.

Prace składające się na osiągnięcia 1 i 2 wnoszą wartościowy wkład w rozwój reprezentowanej dyscypliny, a miejscem ich publikacji były czasopisma o ugruntowanej renomie akademickiej. Na uznanie zasługuje również fakt, że Habilitantka konsekwentnie dąży do upowszechniania wyników swoich analiz w periodykach prowadzonych przez zróżnicowane oficyny wydawnicze. Taka strategia wydawnicza skutecznie zwiększa międzynarodową dostrzegalność oraz siłę oddziaływania jej publikacji, a równocześnie podnosi ich naukową wiarygodność.

Podsumowując, oba przedstawione osiągnięcia naukowe dr Katarzyny Krawczyk wnoszą ważny, wielopłaszczyznowy i oryginalny wkład w obszar zastosowania danych genomowych w zintegrowanych analizach ewolucji oraz różnorodności roślin. W mojej ocenie dorobek ten w sposób niebudzący wątpliwości realizuje ustawowe kryterium wykazania się znacznym wkładem w rozwój dyscypliny nauki biologiczne.

4. Ocena spełnienia kryterium wykazania się istotną aktywnością naukową realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej

Złożone dokumenty potwierdzają odbycie przez Habilitantkę dwóch krótkoterminowych staży w kraju i jednego za granicą. W dniach 6–18 września 2010 r. realizowała ona staż na Uniwersytecie Gdańskim (Laboratorium Genetyki, Katedra Taksonomii Roślin i Ochrony Przyrody). Pod opieką dr hab. Marcina Górniaka poznała tam specyfikę lokalnego warsztatu badawczego w obszarze taksonomii. Równolegle, w dniach 15–18 września 2010 r., Habilitantka uczestniczyła w szkoleniu „Letnia Szkoła Taksonomii” zorganizowanym na UG. Podczas tych intensywnych warsztatów przyswoiła nowoczesne podejścia kladystyczne i molekularne, kluczowe dla dzisiejszych analiz systematycznych i filogenetycznych w botanice.

W okresie od 16 do 29 maja 2011 r. dr Katarzyna Krawczyk zrealizowała krótkoterminowy staż naukowy na Uniwersytecie w Turku w Finlandii. W Laboratory of Genetics, Department of Biology, pod kierunkiem specjalizującej się w filogenezie mszaków dr Sanny Huttunen, Habilitantka rozwijała praktyczne umiejętności z zakresu analiz filogenetycznych oraz technik izolacji i badania roślinnego DNA. W fińskim ośrodku dr Krawczyk wdrożyła się w technologie sekwencjonowania

wysokoprzepustowego (NGS), zyskując cenne doświadczenie w zaawansowanym pozyskiwaniu i analizowaniu danych genomowych.

W dniach 18–30 września 2023 r. dr Katarzyna Krawczyk zrealizowała również krótkoterminowy staż naukowy w Instytucie Botaniki Uniwersytetu Jagiellońskiego w Krakowie pod opieką prof. dr. hab. Marcina Nobisa. Pobyt ten służył wykonaniu zadania badawczego koncentrującego się na ewolucji i systematyce rodzaju *Stipa*. Podjęta wówczas kooperacja okazała się niezwykle efektywna w obszarze integrowania metod molekularnych oraz taksonomicznych w systematyce traw. Jej dotychczasowym rezultatem jest 5 wspólnych publikacji z udziałem Habilitantki, dedykowanych rodzajowi *Stipa* oraz innym taksonom z rodziny Poaceae. Warto podkreślić, że aż 4 z tych artykułów wchodzi bezpośrednio w skład pierwszego osiągnięcia naukowego.

Reasumując, aktywność naukowa Habilitantki obejmująca dwa staże w kraju, jeden za granicą oraz popartą publikacjami współpracę z licznymi zespołami badawczymi, bezdyskusyjnie realizuje ustawowy warunek prowadzenia działalności naukowej w więcej niż jednej instytucji, w tym na arenie międzynarodowej.

5. Ocena dotychczasowej działalności naukowo-badawczej, dydaktycznej i organizacyjnej Habilitantki

Dwa komplementarne osiągnięcia naukowe, w których dr Katarzyna Krawczyk miała wiodący udział, bezdyskusyjnie spełniają ustawowe kryterium wniesienia znacznego wkładu w rozwój dyscypliny naukowej. Pozytywną ocenę wniosku Habilitantki wzmacnia fakt, że jej pozostały dorobek również stanowi ważny i systematycznie poszerzany wkład w obszar nauk biologicznych. Treść autoreferatu jednoznacznie potwierdza, że całościowy dorobek dr Katarzyny Krawczyk jest dowodem na dojrzały i konsekwentny rozwój jej ścieżki naukowej.

Fundamentem naukowym Habilitantki były studia magisterskie oraz doktoranckie odbyte na Uniwersytecie Warmińsko-Mazurskim w Olsztynie. To tam połączyła ona naukę tradycyjnej taksonomii roślin, bazującej na cechach morfologicznych, z nowoczesną biologią molekularną. Równolegle wykształciła umiejętność budowania relacji naukowych oraz efektywnego włączania się w realizację projektów badawczych. W tym okresie nastąpiła wyraźna krystalizacja jej zainteresowań oraz ukształtował się dojrzały profil badawczy, skupiony wokół zastosowania nowoczesnych markerów molekularnych w biologii. Praca w tym środowisku, uzupełniona o szeroką kooperację zewnętrzną, zaowocowała realizacją złożonych, interdyscyplinarnych projektów łączących metody molekularne i klasyczną taksonomię.

W okresie studiów doktoranckich Habilitantka realizowała z powodzeniem badania dotyczące występowania wybranych gatunków roślin inwazyjnych na terenie północno-wschodniej Polski, a także prowadziła badania typowo florystyczne, dotyczące m.in. flory naczyniowej w Parku Krajobrazowym Wysoczyzny Elbląskiej. Jednak do kluczowych w dorobku osiągnięć naukowych Habilitantki z okresu przed uzyskaniem stopnia doktora należą wyniki badań nad zmiennością genetyczną, rekonstrukcją filogenezy oraz klasyfikacją taksonomiczną rodzaju jasnota (*Lamium*). Prace te oparto na analizie sekwencji markerów molekularnych z genomu jądrowego, chloroplastowego i mitochondrialnego. Badania realizowano pod opieką naukową prof. dr. hab. Tadeusza Korniańskiego oraz prof. dr. hab. Jakuba Sawickiego. W latach 2011–2013 dr Katarzyna Krawczyk kierowała projektem „Filogeneza rodzaju *Lamium* L.” (nr 2011/01/N/NZ8/02208), a trzy artykuły

ZAKŁAD BOTANIKI

ul. Kanonia 6/8
50-328 Wrocław
tel. +48 71 375 40 85
zbot@uwr.edu.pl

prezentujące wyniki uzyskane w ramach realizacji tego grantu stanowiły podstawę jej rozprawy doktorskiej. Po obronie doktoratu Kandydatka kontynuowała badania za pomocą techniki SEM, tym razem skupiając się na analizie ultrastruktury powierzchni owoców jasnoty. Wyniki wspomnianych badań pozwoliły wskazać cechy umożliwiające skuteczną identyfikację niemal wszystkich gatunków z rodzaju *Lamium*.

Praca w Katedrze Botaniki i Ochrony Przyrody UWM (jako asystent-stażysta, specjalista i asystent) pozwoliła Habilitantce rozwinąć warsztat naukowy o nurty aplikacyjne. Kluczowym etapem jej kariery było objęcie stanowiska adiunkta w Katedrze Botaniki i Ekologii Ewolucyjnej. Dołączyła tam do zespołu prof. dr. hab. Jakuba Sawickiego, realizując badania z zakresu genomiki organellowej mszaków. Głównym osiągnięciem z tego okresu były wyniki badań genomów mchów z rodzaju *Orthotrichum* s.l. oraz wątrobowców (*Riccia* spp.). Aktywność międzynarodowa dr Katarzyny Krawczyk w tym czasie obejmowała badania nad ewolucją systemów płci u wątrobowców z rodzaju *Riccia*. Prace te prowadziła w zespole prof. Johna L. Bowmana (Monash University, Melbourne), badającym różnorodność form rozrodczych tego taksonu. W obszarze jej zainteresowań znalazły się również analizy mikrobiomu gleby i plechy *Riccia sorocarpa* oraz mechanizmów transferu genów oporności u bakterii *E. coli* i *Klebsiella* spp. Z kolei we współpracy z zespołem prof. dr. hab. Tomasza Kulika uczestniczyła w projektach dotyczących molekularnej identyfikacji i biokontroli patogenicznych grzybów strzępkowych z rodzaju *Fusarium*. Dorobek Habilitantki obejmuje także wkład w odkrycie kluczowych genów oraz modyfikacji epitranskryptomicznych w przebiegu infekcji SARS-CoV-2.

Ważne miejsce w dorobku naukowym dr Katarzyny Krawczyk zajmują efekty projektów badawczych z zakresu genomiki organellowej roślin naczyniowych, ukierunkowanych na poznanie struktury, zmienności i aplikacyjnego potencjału plastomów oraz mitogenomów gatunków rzadkich i zagrożonych. Badania te realizowano na dwóch taksonach modelowych – *Liparis loeselii* i *Pulsatilla patens*. Uzyskane wyniki pozwoliły lepiej zrozumieć organizację genomów organellowych wspomnianych gatunków, a także potwierdziły ich wartość w badaniach taksonomicznych, filogenetycznych oraz w działaniach z zakresu ochrony przyrody.

Łączny dorobek publikacyjny Habilitantki składa się z 49 pozycji, z czego 38 to artykuły z wskaźnikiem Impact Factor (IF). Zdecydowana większość z nich – aż 35 prac – została wydana po obronie doktoratu, co stanowi wyraźny dowód na intensywny rozwój naukowy w ostatnim czasie. Prace te opublikowano w międzynarodowych czasopismach indeksowanych w bazie *Journal Citation Reports*, co gwarantuje ich wysoką dostrzegalność w obiegu światowym. Aktywność publikacyjną dr Krawczyk odzwierciedlają następujące parametry bibliometryczne: skumulowany IF wynosi 138,70, ogólna liczba cytowań w bazie Web of Science to 431, a indeks Hirscha plasuje się na poziomie 12. Całkowita punktacja MNiSW wynosi 3910 punktów. Wskaźniki te są w pełni adekwatne zarówno do realizowanej tematyki badawczej, jak i obecnego etapu kariery i potwierdzają także wyraźny wpływ realizowanych badań na rozwój reprezentowanej dyscypliny.

Warto podkreślić, że zasadniczy zręb dorobku Habilitantki powstał w strukturach UWM w Olsztynie w partnerstwie z Uniwersytetem Jagiellońskim i wiąże się z realizowanym tam interdyscyplinarnym programem badań taksonomicznych. Doświadczenie projektowe dr Krawczyk obejmuje 6 grantów badawczych (w rolach kierownika oraz wykonawcy), co wraz z szerokimi kontaktami z innymi ośrodkami dokumentuje jej wysokie kwalifikacje do pracy interdyscyplinarnej. Ponadto zaangażowanie w działalność recenzencką i ekspercką, a także objęcie od 2023 roku funkcji redaktora



ZAKŁAD BOTANIKI

ul. Kanonia 6/8
50-328 Wrocław
tel. +48 71 375 40 85
zbot@uwr.edu.pl

tematycznego w czasopiśmie *Acta Societatis Botanicorum Poloniae*, dowodzi rosnącego uznania dla jej kompetencji w środowisku międzynarodowym.

Działalność dr Katarzyny Krawczyk obejmuje również aktywny udział w strukturach towarzystw naukowych. W latach 2016–2025 angażowała się w prace Sekcji Taksonomii Roślin oraz Sekcji Geobotaniki Polskiego Towarzystwa Botanicznego, pełniąc jednocześnie funkcje w zarządzie Oddziału Olsztyńskiego PTB: najpierw jako skarbnik (2019–2022), a następnie sekretarz (2022–2025). Ponadto w latach 2020–2023 była członkinią międzynarodowego gremium The American Society of Plant Taxonomists (ASPT).

Działalność dr Katarzyny Krawczyk wykracza poza sferę *stricte* badawczą i obejmuje również aktywność dydaktyczną, którą oceniam pozytywnie. Kandydatka prowadzi zarówno wykłady, jak i ćwiczenia na Uniwersytecie Warmińsko-Mazurskim, wykazując się przy tym zauważalnymi dokonaniemami w zakresie opieki promotorskiej. Do tej pory pełniła funkcję promotora jednej pracy inżynierskiej, czterech licencjackich oraz czterech magisterskich. Jej dorobek uzupełnia recenzowanie 6 prac dyplomowych. Ważnym aspektem działalności Habilitantki jest jej wkład w rozwój młodych naukowców. Funkcję promotora pomocniczego sprawowała dotąd w jednym zakończonym w 2023 r. przewodzie doktorskim oraz pełni ją obecnie w kolejnym, wszczętym postępowaniu. Aktywność dr Katarzyny Krawczyk w tym obszarze jest właściwa i odpowiada standardom przewidzianym dla samodzielnych pracowników naukowych.

Istotnym aspektem działalności naukowej Habilitantki jest jej udział w konferencjach. Prezentacja referatów oraz komunikatów plakatowych jednoznacznie potwierdza ugruntowaną pozycję i widoczność Habilitantki w międzynarodowym kręgu badaczy.

6. Konkluzja

Na podstawie przeprowadzonej analizy przedstawionych osiągnięć habilitacyjnych oraz całokształtu aktywności naukowej 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 (tekst jednolity, Dz. U. z 2024 roku, poz. 1571, ze zm.). Przedstawione wyniki badań stanowią nowatorski, spójny i znaczący wkład w rozwój nauk biologicznych. Ich wysoka jakość, oryginalność oraz konsekwentna realizacja, jak również kluczowa rola Habilitantki w całym procesie, wprost potwierdzają spełnienie kryteriów ustawowych w zakresie wniesienia istotnego wkładu w rozwój nauki. Dodatkowo Habilitantka dokumentuje zauważalną aktywność naukową w więcej niż jednej instytucji, w tym w wymiarze międzynarodowym, co wypełnia drugi z kluczowych wymogów formalnych.

W związku z powyższym w pełni popieram wniosek o nadanie dr Katarzynie Krawczyk stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauki biologiczne.

Prof. dr hab. Anna Jakubska-Busse