



UNIwersytet
Warszawski

CeNT CENTRUM
NOWYCH
TECHNOLOGII

Warszawa, 05.08.2024

Dr hab. Mateusz Baca
Centrum Nowych Technologii
Uniwersytet Warszawski

Recenzja w postępowaniu o nadanie stopnia doktora habilitowanego Panu dr Mateuszowi Konczalowi

1 Informacje o Kandydacie. Przebieg studiów i pracy zawodowej.

Zainteresowania naukowe Pana dr. Mateusza Konczala koncentrują się na szeroko pojętej ekologii i ewolucji molekularnej. Pan dr Mateusz Konczal jest absolwentem Uniwersytetu Jagiellońskiego, gdzie w 2011 roku uzyskał tytuł magistra pod kierunkiem prof. Wiesława Babika. Studia doktoranckie kontynuował w tym samym zespole badawczym i w 2015 roku uzyskał tytuł doktora po obronie rozprawy zatytułowanej „Molecular basis of adaptation in the bank vole”. Podczas studiów doktoranckich odbył półroczny staż w Centrum Regulacji Genomowej w Barcelonie, gdzie w latach 2015-2016 odbył też staż podoktorski. W 2016 roku został zatrudniony jako adiunkt w Pracowni Biologii Ewolucyjnej Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, gdzie pracuje do dzisiaj.

2 Ocena osiągnięcia naukowego.

Jako osiągnięcie naukowe zatytułowane „Ewolucyjne czynniki kształtujące zmienność genetyczną u pasożytów oraz ich gospodarzy - genomika modelowych gatunków z rodzaju *Poecilia* i *Gyrodactylus*” habilitant przedstawił cykl sześciu powiązanych tematycznie, oryginalnych, wieloautorskich artykułów naukowych opublikowanych w latach 2020-2024. Artykuły składające się na osiągnięcie naukowe zostały opublikowane w wiodących czasopismach naukowych o współczynnikach IF pomiędzy 2,2 a 16,8. W trzech z nich habilitant jest pierwszym autorem, w dwóch ostatnim i w czterech korespondencyjnym. Zgodnie z deklaracjami habilitanta i współautorów należy uznać, że był on wiodącym autorem czterech z artykułów wchodzących w skład osiągnięcia naukowego oraz miał znaczący wkład w powstanie dwóch pozostałych. Artykuły stanowiące osiągnięcie są tematycznie spójne i koncentrują się wokół zagadnień związanych z ewolucją molekularną pasożytniczych przywr monogenicznych i ich gospodarzy gupików z rodzaju *Poecilia*.

W dwóch pierwszych artykułach habilitant skupił się na genomice populacyjnej dwóch gatunków przywr monogenicznych z Trynidadu i Tobago *Gyrodactylus bullatarudis* oraz *Gyrodactylus turnbulli*. W pierwszym z nich złożył i zanotował genom referencyjny *G. bullatarudis* oraz resekwencjonował genomy 11 okazów z trzech populacji na Trynidadzie. Analizując genom tej przywry habilitant wykazał duplikację ponad 500 rodzin genów w linii prowadzącej do *G. bullatarudis*, przy czym największą liczbę duplikacji stwierdził dla genu o największej homologii do genu elastazy ulegającej ekspresji w cercariach schistosomy.

Szczególnie ciekawe okazały się wyniki analiz populacyjnych. Okazało się, że genomy przywr badanego gatunku składają się z mozaiki fragmentów bardzo podobnych i dywergentnych w stosunku do genomu referencyjnego. Habilitant zinterpretował ten wzorzec jako wynik niedawnej hybrydyzacji i rekombinacji dwóch dywergentnych linii *G. bullatarudis* i następnie kolonizacji wyspy przez „hybrydowe” osobniki. Sugeruje to, że proces hybrydyzacji dał przewagę adaptacyjną linii „hybryd”, czym przyczynił się do ich rozprzestrzenienia po wyspie.

W drugim artykule habilitant opisuje wyniki analiz genomicznych 30 okazów *G. turnbulli* pochodzących z sześciu populacji, po trzy z Trynidadu i Tobago. W tym przypadku osobniki z Tobago charakteryzowały się wysoką heterozygotycznością, o specyficznym układzie, który to autor zinterpretował również jako wynik hybrydyzacji dwóch linii przywr tego gatunku. Pomimo że dokładny mechanizm był w tym przypadku inny, jednak podobnie jak w przypadku *G. bullatarudis* proces hybrydyzacji najprawdopodobniej doprowadził do uzyskania przewagi adaptacyjnej.

Wspólnym mianownikiem powyższych dwóch prac jest stwierdzenie adaptacyjnej roli hybrydyzacji w historii ewolucyjnej przywr monogenicznych. Jest to moim zdaniem najważniejszy płynący z nich wniosek. Badania ostatnich lat dowodzą, że hybrydyzacja pomiędzy gatunkami lub dywergentnymi liniami czy populacjami jest powszechna w wielu grupach zwierząt i może prowadzić do uzyskania przewagi adaptacyjnej u hybryd i ich potomstwa. Analizy genomowe, co habilitant dobrze pokazał w powyższych pracach, dają możliwość dokładnego przyjrzenia się temu procesowi, zidentyfikowania i opisanie mechanizmów, jakie za nim stoją.

W trzecim artykule opublikowanym w prestiżowym „Nature Ecology and Evolution” zaprezentowano wyniki ciekawych eksperymentów. Przeanalizowano mianowicie zależności pomiędzy gospodarzami i pasożytami wobec różnej presji drapieżników. Przedstawiony model pokazał, że tworzenie ławic ewoluuje w kierunku zbalansowania śmiertelności wynikającej z drapieżnictwa i tej wynikającej z łatwości przenoszenia pasożytów między osobnikami. Wkład habilitanta w to badanie był mniejszy niż w przypadku pozostałych prac wchodzących w skład osiągnięcia.

W czwartym artykule przedstawiono analizę zmian ekspresji genów w płetwie oraz skórze głowy gupików w odpowiedzi na infekcję przywrami monogenicznymi *G. bullatarudis*. Zastosowano, nieużywaną wcześniej w tym układzie, metodę sekwencjonowania całych transkryptomów (RNAseq), która pozwoliła potwierdzić różnicową ekspresję genów znanych z wcześniejszych badań oraz wskazać liczne nowe geny zaangażowane w odpowiedź immunologiczną na infekcję przywrami.

W piątym artykule habilitant wraz z doktorantką oszacowali tempo mutacji w genomie gupików. W tym celu zsekwencjonowali do wysokiego pokrycia genomu dwóch par rodzicielskich i po dziesięcioro ich potomstwa. Zastosowano dwa alternatywne podejścia do identyfikacji i weryfikacji mutacji *de novo* u potomstwa. Pierwsze polegało na zastosowaniu do wstępnie zidentyfikowanych mutacji zestawu predefiniowanych filtrów, które minimalizują odsetek fałszywie pozytywnych wyników. Drugie polegało na zastosowaniu nauczania maszynowego do weryfikacji wstępnie zidentyfikowanych mutacji. Ostatecznie obydwie metody dały podobne wyniki i oszacowane tempo mutacji nie różniły się istotnie. Oszacowane tempo mutacji było jednym z najniższych wśród kręgowców, choć zbliżone do innych ryb kostnoszkieletowych. Uważam, że już samo oszacowanie tempa mutacji gupików jest bardzo ważnym wkładem w rozwój badań nad ich ewolucją. Jest to parametr bardzo istotny, choćby w rekonstrukcji historii ewolucyjnej i demograficznej. Pozwala umieścić zaobserwowane procesy na bezwzględnej skali czasu i powiązać je z przeszłymi zmianami klimatu czy innymi czynnikami bio- czy abiotycznymi. Doświadczenie pokazuje, że choć tempo mutacji jest do pewnego stopnia skorelowane z charakterystykami gatunków takimi jak czas generacji czy wiek dojrzałości płciowej, poleganie na tempie mutacji oszacowanym dla pokrewnych gatunków może

prowadzić do błędnych wyników, choćby dlatego, że na tempo mutacji ma też wpływ na przykład efektywna wielkość populacji.

W szóstym artykule autorzy zbadali szybkość i wzór rekombinacji chromosomu Y gupików. W tym celu zgenotypowali tysiące polimorfizmów typu SNP i skonstruowali mapy genetyczne osobników pochodzących z czterech populacji. Wykazano, że wszystkie populacje miały podobne wzorce rekombinacji, a chromosom Y rekombinuje tylko na końcu przeciwnym do centromeru. Zlokalizowano region zawierający czynnik determinujący płeć oraz potwierdzono sporadyczne rekombinacje pomiędzy chromosomami X i Y, co może tłumaczyć brak wariantów w pełni sprzężonych z płcią.

W zaprezentowanym osiągnięciu moją uwagę zwróciło to, że przy zachowaniu spójnej tematyki badań Pan dr Mateusz Konczal zastosował bardzo różnorodne metody i techniki analityczne, poczynając od składania genomów *de novo*, poprzez metody genomiki populacyjnej i kalkulacje raty mutacji, aż do analizy RNAseq i map genetycznych. Każde z tych zagadnień jest samo w sobie skomplikowane i wymaga dobrego warsztatu.

3 Ocena pozostałego dorobku naukowego

Oprócz artykułów składających się na osiągnięcie naukowe Pan dr Mateusz Konczal jest autorem i współautorem czterech artykułów opublikowanych przed oraz dziewięciu po uzyskaniu stopnia doktora. Poza jednym artykułem popularnonaukowym w „Kosmosie” wszystkie zostały opublikowane w uznanych czasopismach o współczynniku IF pomiędzy 3,3 a 16.8. Prace te koncentrują się wokół genomiki populacyjnej i ewolucyjnej szeregu gatunków.

Bardzo ciekawe są prace dotyczące poglądalnej historii demograficznej nornicy rudej. Potwierdzają one wnioski płynące z analizy mitochondrialnego DNA, które sugerowały, że Wyspy Brytyjskie kolonizowane były dwukrotnie przez różne populacje nornic. Analiza danych genomowych wykazała, że populacje te różnią się stopniem przystosowania do lokalnych warunków. W połączeniu z informacjami o czynnikach środowiskowych analiza ta pozwoliła ocenić podatność tych populacji na dalsze zmiany klimatu i wykazać, że jedna z nich jest na skraju swojego potencjału adaptacyjnego. To ważny wynik mający znaczenie dla ewentualnych zabiegów ochronnych. Nasuwa się też pytanie, czy podobne różnice w potencjale adaptacyjnym występują też w populacjach innych gatunków o podobnej historii zasiedlania Wysp Brytyjskich, jak norniki bure, ryjówki czy karczowniki.

Warto podkreślić zaangażowanie habilitanta w składanie genomów referencyjnych szeregu gatunków takich jak rozkruszek hiacyntowy czy biegus łyżkodzioby. W erze genomiki warsztat bioinformatyczny związany ze składaniem genomów *de novo* jest wartościową umiejętnością, a same genomy referencyjne zdeponowane w ogólnodostępnych bazach danych stanowią ważny zasób dla całej społeczności naukowej.

Na szczególną uwagę zasługuje też praca przeglądowa z 2022 roku dotycząca metod rekonstrukcji efektywnej wielkości populacji w różnych skalach czasowych, która jest cytowana już prawie 40 razy.

Pan Mateusz Konczal wykazywał się dużą międzynarodową mobilnością, odbył najpierw pięciomiesięczny staż w trakcie studiów doktorskich, a następnie roczny staż podoktorski w Centrum Regulacji Genomowej w Barcelonie w grupie prof. Fyodora Kondrashova. Odbył też trzynastomiesięczny staż na Uniwersytecie Edynburskim w grupie prof. Debory Charlesworth w ramach stypendium Bekkera. Są to renomowane zespoły, w których habilitant z pewnością nabył cenne doświadczenie. Wyjazdy te zaowocowały też wartościowymi artykułami.

Pan Mateusz Konczal prezentował wyniki swoich badań na 11 konferencjach i spotkaniach rangi krajowej i międzynarodowej, w tym w trzech przypadkach jako wykłady na zaproszenie. Po 2020 roku aktywność habilitanta na tym polu wyraźnie spadła.

Pan Mateusz Konczal był kierownikiem dwóch projektów finansowanych przez Narodowe Centrum Nauki i był lub jest wykonawcą w kolejnych czterech, uzyskał też stypendium Bekkera z Narodowej Agencji Wymiany Akademickiej. Potwierdza to umiejętność zdobywania przez habilitanta środków na badania, co jest ważnym elementem samodzielnej kariery naukowej.

4 Ocena działalności dydaktycznej, organizacyjnej oraz popularyzującej naukę

W zakresie osiągnięć dydaktycznych oraz popularyzujących naukę dorobek Pana Mateusza Kanczala jest dobry. Przygotowywał i prowadził zajęcia ze studentami w ramach szeregu przedmiotów związanych z genetyką konserwatorską, populacyjną i ewolucją. Opiekował się kilkoma studentami przygotowującymi prace licencjackie i magisterskie. Był promotorem pomocniczym jednej rozprawy doktorskiej, a obecnie jest opiekunem naukowym jednej doktorantki. Słabiej prezentuje się dorobek organizacyjny, habilitant nie uczestniczył w organizacji żadnej konferencji naukowej, jednak organizował inne wydarzenia takie jak Letnia Szkoła Biologii Molekularnej i Teoretycznej czy nieformalne warsztaty naukowe z biologii ewolucyjnej. Przeciętna jest też aktywność recenzencka habilitanta, do tej pory recenzował dziewięć artykułów naukowych w czasopismach międzynarodowych, w tym czasopismach wysokiej rangi jak „Molecular Ecology” czy „Functional Ecology”. Daje to jednak niewiele ponad jedną recenzję rocznie. Nie pełni funkcji redaktorskich ani nie zasiada w komitetach redakcyjnych lub radach naukowych czasopism.

5 Wniosek końcowy

Dorobek naukowy Pana Mateusza Konczala wchodzący w skład osiągnięcia naukowego, a także jego pozostały dorobek oceniam bardzo wysoko, niewątpliwie stanowi on istotny wkład w rozwój nauk biologicznych. Zdecydowanie spełnia on wymogi Ustawy z dnia 20 lipca 2018 roku - Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce. Na tej podstawie wnioskuję o nadanie Panu Mateuszowi Konczalowi stopnia doktora habilitowanego nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne.

Mateusz Baca