

Poznań, 3 kwietnia 2025 roku

Prof. dr hab. Michał Kwiatek

Zastępca Dyrektora ds. naukowych
Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin
Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie

Katedra Genetyki i Hodowli Roślin
Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii
Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

**Recenzja osiągnięcia naukowego oraz dorobku naukowego, dydaktycznego
i organizacyjnego dr. Dawida Bielewicza,
ubiegającego się o nadanie stopnia
doktora habilitowanego w dziedzinie nauki ścisłe i przyrodnicze,
w dyscyplinie nauki biologiczne**

*Wykonano na zlecenie Rady Naukowej Dyscypliny Nauki Biologiczne Uniwersytetu im.
Adama Mickiewicza w Poznaniu z dnia 21 lutego 2025 roku na podstawie uchwały
nr 11/02/2025.*

Recenzja została opracowana na podstawie przesłanej dokumentacji, w tym autoreferatu, osiągnięcia naukowego pt.: „Nowe mechanizmy regulacji biogenezy mikroRNA *Arabidopsis thaliana*” powstałego w wyniku badań opublikowanych w czterech artykułach naukowych, treści pozostałych publikacji autorstwa Dr Dawida Bielewicza i innych dokumentów oraz informacji dostępnych w bazach wiedzy oraz na stronach internetowych czasopism, w których Wnioskodawca opublikował wyniki badań.

1. Wychowanie i przebieg pracy zawodowej

Kandydat uzyskał tytuł doktora w dziedzinie biotechnologii w dniu 15 lipca 2015 roku, kończąc Międzynarodowy Program Doktorancki sfinansowany przez Fundację na Rzecz Nauki Polskiej. Doktorat realizował w ramach współpracy Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu oraz Uniwersytetu w Bazylei. Tematem jego rozprawy doktorskiej była "Transkrypcyjna i potranskrypcyjna regulacja biogenezy mikroRNA u *Arabidopsis thaliana*", w której zgłębiał mechanizmy regulujące procesy dojrzewania mikroRNA w roślinach.

Wcześniej, w czerwcu 2009 roku, ukończył studia magisterskie z biologii molekularnej na Uniwersytecie im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, a w czerwcu 2007 roku uzyskał tytuł licencjata z biologii, specjalizując się w biologii molekularnej, również na tym samym uniwersytecie.

Kandydat rozpoczął swoją karierę zawodową jako doktorant, biorąc udział w Międzynarodowym Programie Doktoranckim FNP, realizowanym w latach 2009-2015, w ramach współpracy między Uniwersytetem im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

a Uniwersytetem w Bazylei. Po ukończeniu doktoratu kontynuował swoją karierę naukową na Uniwersytecie im. Adama Mickiewicza w Poznaniu.

Od października 2015 roku do lipca 2016 roku odbył staż podoktorski na Uniwersytecie Bielefeld w Niemczech, w Wydziale Biologii, gdzie kontynuował badania nad regulacją biogenezy mikroRNA.

Od października 2016 roku do września 2020 roku pełnił funkcję adiunkta i kierownika projektu (Sonata 2016/23/D/NZ1/00152) na Wydziale Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, gdzie prowadził badania nad regulacją ekspresji genów w roślinach. Od października 2020 roku pełni funkcję adiunkta oraz kierownika projektu OPUS 2022/45/b/NZ1/01273 w Centrum Zaawansowanych Technologii na Uniwersytecie im. Adama Mickiewicza w Poznaniu.

Jego dotychczasowa praca zawodowa koncentruje się na badaniach nad biogenezą mikroRNA i regulacją transkrypcyjną oraz potranskrypcyjną w roślinach, szczególnie w *Arabidopsis thaliana*, co stanowi ważny wkład w rozwój wiedzy w dziedzinie biotechnologii i biologii molekularnej.

2. Ocena osiągnięcia naukowego

Osiągnięcie naukowe przedstawione przez Dr. Dawida Bielewicza powstało w wyniku prac badawczych opisanych w czterech artykułach, w tym 3 oryginalne prace badawcze i jedna przeglądowa, które zostały opublikowane w renomowanych czasopismach naukowych.

Publikacja nr 1, dotycząca roli białka HYL1 w biogenezie mikroRNA na początkowych etapach transkrypcji genów MIR, stanowi istotny wkład w rozwój wiedzy na temat mechanizmów regulujących ekspresję mikroRNA w roślinach. Białko HYL1 zawiera dwie domeny wiążące dwuniciowy RNA (dsRBD), sygnał lokalizacji jądrowej (NLS) oraz nieustrukturyzowany rejon C-końcowy. Jest ono także regulowane potranslacyjnie poprzez mechanizmy fosforylacji i defosforylacji, co ma znaczenie dla jego aktywności biologicznej. Badania wskazują, że w mutantach pozbawionych funkcjonalnego HYL1 występują pleiotropowe zmiany fenotypowe, w tym zaburzenia kształtu liści, opóźnienia w kwitnieniu oraz zmieniona odpowiedź na hormony roślinne. Dotychczas nie zidentyfikowano ortologa HYL1 w komórkach ssaków, co podkreśla specyfikę tego białka dla roślin. Istotnym odkryciem opisanym w publikacji było wykazanie, że HYL1 może nie tylko uczestniczyć w dojrzewaniu miRNA, lecz również pełnić rolę w regulacji transkrypcji genów MIR. Przeprowadzono eksperymenty, które wykazały, że brak HYL1 skutkuje znacznym spadkiem aktywności promotorów genów MIR, co sugeruje, że HYL1 działa jako pozytywny regulator transkrypcji tych genów. W celu potwierdzenia tej hipotezy zastosowano mutację w genie DCL1, która przywraca poziom miRNA w tle genetycznym mutantu *hyl1-2*. Jednakże ekspresja reportera GUS pozostawała nadal obniżona, co sugeruje, że regulacyjna rola HYL1 w transkrypcji genów MIR nie wynika jedynie z globalnej redukcji miRNA, lecz może mieć charakter bezpośredni. W dalszych badaniach wykazano, że HYL1 oddziałuje z czynnikami transkrypcyjnymi z rodziny TOPLESS, które pełnią funkcję represorów transkrypcji, co sugeruje potencjalny mechanizm, za pomocą którego HYL1 może wpływać na ekspresję genów MIR. Dalsze eksperymenty, w tym analiza dystrybucji chromatynowej polimerazy RNA II w mutantach *hyl1-2*, wykazały zwiększoną akumulację tego enzymu w rejonach promotorowych genów

MIR, co wskazuje na potencjalne zatrzymanie polimerazy RNA II i osłabienie inicjacji transkrypcji. Dodatkowo, wykorzystując metodę immunoprecypitacji chromatyny (ChIP), wykazano, że białko HYL1 rzeczywiście wiąże się z promotorami genów MIR, co stanowi bezpośredni dowód jego roli w regulacji transkrypcji. Kolejnym istotnym odkryciem było potwierdzenie kolokalizacji HYL1 z polimerazą RNA II zarówno na etapie inicjacji transkrypcji, jak i podczas jej elongacji. Wykorzystując eksperymenty PLA (Proximity Ligation Assay), co-IP oraz analizę FRET, wykazano, że HYL1 oddziałuje z polimerazą RNA II w sposób niezależny od białek SE i DCL1. Dane te potwierdzają, że HYL1 może działać jako kluczowy regulator transkrypcji genów MIR, wpływając na procesy inicjacji i elongacji transkrypcji, co stanowi istotne rozszerzenie dotychczasowej wiedzy o funkcji tego białka. Podsumowując, wyniki przedstawione w publikacji dostarczają nowego spojrzenia na funkcję białka HYL1, wskazując, że pełni ono nie tylko klasyczną rolę w dojrzewaniu miRNA, ale także uczestniczy w regulacji transkrypcji genów MIR poprzez interakcję z polimerazą RNA II i czynnikami transkrypcyjnymi. Odkrycia te znacząco poszerzają wiedzę na temat biogenezy miRNA u roślin i mogą mieć dalsze implikacje w badaniach nad regulacją ekspresji genów w organizmach eukariotycznych. Z uwagi na kompleksowość badań, ich nowatorski charakter oraz wykorzystanie szerokiego spektrum metodologii molekularnej, osiągnięcie to należy ocenić jako istotny wkład w rozwój nauki, co czyni je odpowiednim na cele habilitacji.

Publikacja nr 2 dotycząca roli znacznika m6A w dojrzewaniu pri-miRNA stanowi istotny wkład w rozwój wiedzy na temat mechanizmów regulujących ekspresję genów u roślin. Badania przedstawione w tej pracy wnoszą cenne informacje o roli epigenetycznych modyfikacji RNA w biogenezie miRNA, a tym samym w szeroko pojętej regulacji procesów rozwojowych i fizjologicznych u roślin. Autorzy w przekonujący sposób wykazali, że pri-miRNA *Arabidopsis thaliana* podlegają modyfikacji m6A, a obecność tego znacznika jest niezbędna do prawidłowego dojrzewania cząsteczek miRNA. Wyniki pracy wskazują, że obniżony poziom m6A prowadzi do upośledzenia biogenezy miRNA, co zostało potwierdzone przy użyciu zaawansowanych technik badawczych, w tym sekwencjonowania, analiz RT-qPCR oraz badań strukturalnych RNA. Jednym z kluczowych odkryć zaprezentowanych w publikacji jest wpływ m6A na strukturę drugorzędową pri-miRNA, co warunkuje jego zdolność do interakcji z komponentami kompleksu Mikroprocesora, takimi jak HYL1. W pracy wykazano także, że metylotransferaza MTA, enzym odpowiedzialny za wprowadzenie znacznika m6A, oddziałuje z polimerazą RNA II, co sugeruje, że modyfikacja ta zachodzi już na etapie transkrypcji. To odkrycie dostarcza istotnych dowodów na kotranskrypcyjny charakter regulacji pri-miRNA i wskazuje na nowe aspekty kontroli ekspresji genów u roślin. Ponadto, badania nad funkcją białka TGH ujawniły dodatkowe mechanizmy regulujące ten proces, podkreślając złożoność działania kompleksu metylotransferazy m6A. Praca ta wnosi znaczący wkład w zrozumienie epigenetycznych mechanizmów regulacji ekspresji genów u roślin, co może mieć szerokie implikacje nie tylko w biologii molekularnej, ale także w agronomii i biotechnologii. Lepsze poznanie mechanizmów regulacji miRNA może przyczynić się do opracowania nowych strategii modyfikacji genetycznych roślin, zwiększając ich odporność na stresy środowiskowe czy poprawiając cechy użytkowe. Autorzy zastosowali nowoczesne techniki badawcze, takie jak m6A-IP-seq, PIP-seq oraz zaawansowane analizy interakcji białkowych, co podkreśla wysoki poziom metodologiczny przeprowadzonych eksperymentów

i znaczenie przedstawionych wyników. Publikacja nr 2 stanowi istotne osiągnięcie naukowe, dostarczając nowej wiedzy o fundamentalnym znaczeniu dla biologii molekularnej roślin. Wyniki przedstawione w pracy mogą stanowić podstawę do dalszych badań nad epigenetyczną regulacją ekspresji genów oraz otwierają nowe perspektywy dla badania analogicznych mechanizmów w innych organizmach. Wysoka wartość merytoryczna i oryginalność badań sprawiają, że publikacja spełnia wymagania stawiane w postępowaniu habilitacyjnym, co świadczy o znaczącym wkładzie autora w rozwój tej dziedziny nauki.

Publikacja nr 3 to artykuł przeglądowy dotyczący opisu kompleksu Mikroprocesora i jego kluczowych białek – DCL1, SE i HYL1. Praca ta stanowi istotny wkład w zrozumienie mechanizmów regulacyjnych wpływających na rozwój roślin. Jako autor korespondencyjny, wraz ze współpracownikami, dokonano kompleksowej analizy dostępnej literatury, podkreślając znaczenie regulacji tych białek oraz ich roli w biogenezie miRNA. Istotnym elementem publikacji jest oryginalna analiza istniejących danych, w tym modelowanie struktury HYL1 z ufosforylowaną seryną 42 (Ser42), co pozwoliło na sformułowanie hipotezy o wpływie tej modyfikacji na zdolność HYL1 do wiązania RNA. Hipoteza ta, wykorzystana w publikacji 1, sugeruje, że stan fosforylacji HYL1 może determinować jego podwójną funkcję – uczestnictwo w transkrypcji lub dojrzewaniu pri-miRNA. Dodatkowo, artykuł przeglądowy porządkuje aktualny stan wiedzy na temat skomplikowanej regulacji kompleksu Mikroprocesora oraz podkreśla kluczową rolę modyfikacji potranslacyjnych, w tym fosforylacji, w modulowaniu jego funkcji. Autorzy zwracają uwagę na potencjalne kierunki przyszłych badań, takie jak analiza dodatkowych modyfikacji potranslacyjnych oraz interakcji między głównymi komponentami kompleksu a innymi białkami zaangażowanymi w dojrzewanie RNA. Dzięki temu publikacja nie tylko syntetyzuje istniejące informacje, ale również otwiera nowe perspektywy badawcze w zakresie biologii molekularnej roślin. Tym samym stanowi wartościowy wkład w rozwój tej dziedziny, oferując zarówno podsumowanie aktualnej wiedzy, jak i wytyczną kierunki dalszych badań.

Wyniki badań opisane w **publikacji nr 4** dotyczącej białka PRP40 w *Arabidopsis thaliana* stanowią istotny wkład w badania nad regulacją biogenezy mikroRNA (miRNA) u roślin. W artykule wykazano, że białko PRP40 pełni kluczową rolę w kotranskrypcyjnym dojrzewaniu pri-miRNA, a jego funkcja jest ściśle powiązana z rekrutacją kompleksu Mikroprocesora, zwłaszcza białka SERRATE (SE), do genów MIR. Badania oparte na analizach kolokalizacji i eksperymentach PLA jednoznacznie wskazały, że PRP40b znajduje się w pobliżu SE w jądrze komórkowym, a jego brak zaburza oddziaływanie SE z polimerazą RNA II, co skutkuje nieprawidłowym przebiegiem transkrypcji i dojrzewania pri-miRNA.

Badania na podwójnym mutancie prp40a prp40b (prp40ab) dostarczyły istotnych informacji o roli PRP40 w rozwoju *Arabidopsis thaliana*. U mutantów tych zaobserwowano opóźniony wzrost oraz zaburzenia w ekspresji miRNA, przy czym szczególną uwagę zwrócono na regulację poziomu poliadenylowanych pri-miRNA. Co istotne, zmniejszone poziomy pri-miRNA nie były wynikiem obniżonej stabilności mRNA, lecz wynikały z akumulacji polimerazy RNA II na genach MIR, co sugeruje, że PRP40 pośredniczy w prawidłowej terminacji transkrypcji tych genów. Ponadto eksperymenty ChIP-seq wykazały, że białko PRP40 reguluje chromatynową dystrybucję DCL1 – kluczowej endorybonukleazy w szlaku

miRNA – a jego brak prowadzi do zaburzeń w procesie dojrzewania pri-miRNA, zwłaszcza w przypadku genów MIR o specyficznym schemacie obróbki LTB. Publikacja wnosi istotny wkład w rozumienie mechanizmów regulujących biogenezę miRNA u roślin, wskazując na wielopoziomową kontrolę tego procesu, w której kluczową rolę odgrywa białko PRP40. Wyniki tych badań nie tylko pogłębiają wiedzę o regulacji ekspresji genów MIR, ale także rzucają światło na kompleksowe interakcje między komponentami Mikroprocesora a maszyną transkrypcyjną. Odkrycie to otwiera nowe perspektywy badawcze nad molekularnymi mechanizmami kontroli transkrypcji i przetwarzania RNA w roślinach, co może mieć szerokie implikacje zarówno dla biologii roślin, jak i potencjalnych zastosowań w biotechnologii.

3. Ocena dorobku naukowego

Dr Dawid Bielewicz jest uznanym biologiem molekularnym, specjalizującym się w badaniach nad regulacją metabolizmu RNA u roślin. Jego zainteresowania naukowe obejmują szeroki zakres zagadnień związanych z ekspresją genów na poziomie potranskrypcyjnym, w tym biogenezę mikroRNA (miRNA), mechanizmy stabilności i degradacji RNA oraz chemiczne modyfikacje tego kwasu nukleinowego, takie jak znakowanie m6A (N6-metyloadenozyna). Badania te mają kluczowe znaczenie dla zrozumienia procesów regulacyjnych wpływających na rozwój roślin oraz ich zdolność do adaptacji do zmieniających się warunków środowiskowych.

Dr Bielewicz związany jest z Uniwersytetem im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, gdzie pracuje jako adiunkt w Centrum Zaawansowanych Technologii, kierując Laboratorium Biologii RNA Roślin. Wcześniej zdobywał doświadczenie w renomowanych ośrodkach naukowych w Europie. Stopień doktora uzyskał w 2015 roku na Wydziale Biologii UAM, realizując rozprawę doktorską pod opieką prof. Zofii Szweykowskiej-Kulińskiej i dr. Francka Vazqueza z Uniwersytetu w Bazylei. Praca ta dotyczyła mechanizmów regulujących biogenezę mikroRNA w modelowej roślinie *Arabidopsis thaliana* i stanowiła istotny wkład w poznanie funkcji białka HYL1 – kluczowego regulatora dojrzewania mikroRNA.

Po doktoracie kontynuował karierę naukową jako postdoc w czołowych europejskich laboratoriach zajmujących się biologią RNA. Pracował na Uniwersytecie w Bielefeld w Niemczech w grupie prof. Dorothee Staiger, specjalizującej się w rytmach dobowych roślin i ich regulacji przez RNA. Następnie jako stypendysta prestiżowego programu EMBO, odbył staż podoktorski na Uniwersytecie w Perpignan we Francji w laboratorium dr Cecile Bousquet-Antonelli, gdzie badał stabilność i translację RNA u roślin. Te międzynarodowe doświadczenia pozwoliły mu na rozwinięcie warsztatu badawczego i nawiązanie współpracy z wiodącymi grupami badawczymi zajmującymi się funkcjonalnym RNA.

Obecnie badania dr. Bielewicza koncentrują się na mechanizmach regulujących dojrzewanie mikroRNA i ich wpływie na procesy rozwojowe roślin. Szczególną uwagę poświęca modyfikacjom chemicznym RNA, takim jak metylacja m6A, która może wpływać na stabilność i funkcjonalność cząsteczek RNA, a w konsekwencji na ekspresję genów. Odkrycia te mają znaczenie nie tylko dla podstawowej biologii molekularnej, ale także dla biotechnologii

roślinnej – regulacja tych procesów może znaleźć zastosowanie w zwiększaniu odporności roślin na stresy środowiskowe oraz poprawie ich produktywności w rolnictwie. Dorobek naukowy dr. Bielewicza obejmuje liczne publikacje w prestiżowych czasopismach biologicznych, które były szeroko cytowane w literaturze przedmiotu – według dostępnych baz danych jego prace uzyskały ponad 1300 cytowań, co świadczy o ich istotnym wpływie na rozwój biologii RNA. Ponadto jest aktywnym uczestnikiem międzynarodowych konferencji naukowych, na których prezentuje wyniki swoich badań oraz nawiązuje współpracę z innymi zespołami badawczymi. W autoreferacie przedstawionym w ramach procedury oceny dorobku naukowego nie uwzględniono całego dorobku naukowego kandydata, dlatego, z obowiązku recenzenta, bazowałem także na informacjach pozyskanych samodzielnie. Pomimo tego analiza dostępnych źródeł, w tym publikacji, projektów badawczych oraz międzynarodowej współpracy, jednoznacznie wskazuje na wysoki poziom merytoryczny pracy dr. Bielewicza i jego znaczący wkład w rozwój badań nad RNA roślin. Jego badania nie tylko poszerzają wiedzę o fundamentalnych procesach biologicznych, ale także mają potencjalne zastosowanie w biotechnologii i rolnictwie, oferując nowe strategie poprawy wydajności upraw i adaptacji roślin do zmieniającego się klimatu.

4. Ocena dorobku edukacyjnego, organizacyjnego i współpracy z instytucjami

Na podstawie przedstawionego opisu, dorobek edukacyjny, organizacyjny oraz współpraca z instytucjami wskazują na szeroką i dynamiczną działalność naukową Kandydata, obejmującą zarówno prowadzenie badań w renomowanych ośrodkach zagranicznych, jak i znaczący wkład w kształcenie studentów oraz popularyzację nauki.

W zakresie współpracy międzynarodowej Kandydat odbył liczne staże badawcze w prestiżowych instytucjach zagranicznych, w tym sześciomiesięczny pobyt na Uniwersytecie w Bazylei w grupie Francka Vazqueza, którego wyniki zostały opublikowane w czasopiśmie *PLoS One*. Kolejnym etapem był jedenastomiesięczny pobyt na Uniwersytecie Bielefeld w grupie Dorothee Staiger, którego rezultaty są w trakcie opracowywania. Kandydat spędził również miesiąc w Umea Plant Science Center w grupie Petera Kindgrena, gdzie przeprowadzone badania zostały zdeponowane w BioRxiv, a także trzy miesiące na Uniwersytecie w Perpignan w grupie Cecile Bousquet-Antonelli, gdzie kontynuacja projektu jest realizowana w ramach stypendium Mieczysława Bekkera z instytucji NAWA. Stypendium to obejmuje roczny pobyt badawczy w Instytucie Biologii Molekularnej Roślin w Strasburgu, rozpoczynający się w lipcu 2024 roku.

Działalność dydaktyczna Kandydata obejmuje nadzór nad studentami studiów magisterskich i doktoranckich oraz udział w prowadzeniu zajęć akademickich. Obecnie sprawuje opiekę nad studentem studiów magisterskich, doktorantem oraz pracownikiem poddoktorskim realizującymi projekt grantowy OPUS, którego jest kierownikiem. Wcześniej był promotorem dwóch obronionych w 2019 roku prac magisterskich oraz współpromotorem pracy doktorskiej obronionej w 2020 roku. Od 2017 roku prowadzi zajęcia na Wydziale Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, obejmujące m.in. kursy z zakresu biochemii, regulacji procesów komórkowych i genetyki molekularnej. W 2021 roku

zorganizował kurs dla doktorantów poświęcony analizie danych sekwencjonowania NGS. Od roku akademickiego 2023/2024 pełni funkcję koordynatora dwóch kursów: „Techniki analizy kwasów nukleinowych i białek” oraz „Wykorzystanie organizmów zmodyfikowanych genetycznie do celów produkcyjnych”. Ponadto, w roku akademickim 2022/2023 uczestniczył w pracach komisji ds. opracowania nowego programu studiów na kierunku biotechnologia, co zostało docenione nagrodą zespołową Rektora UAM.

W obszarze popularyzacji nauki Kandydat aktywnie angażuje się w działalność edukacyjną skierowaną do młodzieży i społeczeństwa. Zaprojektował i prowadził kursy dla uczniów szkół średnich, w tym w ramach corocznych „Dni Akademickich” organizowanych przez Wydział Biologii UAM oraz kurs przygotowujący do olimpiady biologicznej, koncentrując się na technikach biologii molekularnej. Ponadto, zorganizował interaktywny pokaz naukowy dla dzieci w wieku przedszkolnym w Kościanie oraz prowadził wykłady i pokazy naukowe dla uczniów szkół średnich w Krzywiniu, popularyzując wiedzę biologiczną w przystępny sposób.

Kandydat ma również istotne osiągnięcia w zakresie zdobywania finansowania na badania naukowe. Był kierownikiem grantu Sonata (2017–2022) Narodowego Centrum Nauki, a w 2023 roku otrzymał grant OPUS, zabezpieczający finansowanie jego laboratorium w Centrum Zaawansowanych Technologii do 2027 roku. W 2023 roku złożył także wniosek o grant Sonata Bis. Jego osiągnięcia zostały docenione licznymi nagrodami i stypendiami, w tym trzyletnim stypendium Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego dla wybitnych młodych naukowców (2016), indywidualną nagrodą Rektora UAM za osiągnięcia naukowe (2023) oraz rocznym stypendium Narodowej Agencji Wymiany Akademickiej (NAWA) na badania w Strasburgu (2024).

Dodatkowo Kandydat aktywnie uczestniczy w międzynarodowej współpracy badawczej. Od 2022 roku pełni funkcję przedstawiciela konsorcjum RNA Research Center, zrzeszającego Instytut Biologii Molekularnej i Biotechnologii UAM oraz Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, w RNA Collaborative Seminars organizowanych przez RNA Society. W 2021 roku ukończył roczne studia podyplomowe na Uniwersytecie Przyrodniczym we Wrocławiu, które podniosły jego kwalifikacje i umożliwiły mu objęcie roli koordynatora kursu „Wykorzystanie organizmów zmodyfikowanych genetycznie do celów produkcyjnych” na Wydziale Biologii UAM.

Podsumowując, dorobek Kandydata w obszarze edukacyjnym, organizacyjnym i współpracy z instytucjami jest imponujący i świadczy o jego aktywności zarówno w zakresie prowadzenia badań naukowych na arenie międzynarodowej, jak i w kształceniu przyszłych pokoleń badaczy. Jego zaangażowanie w popularyzację nauki, zdobywanie grantów oraz rozwój programów dydaktycznych stanowią istotny wkład w rozwój nauk biologicznych.

5. Wniosek końcowy

Biorąc pod uwagę cały dorobek naukowy i organizacyjny Kandydata, stwierdzam, że od momentu uzyskania stopnia doktora wykazał on znaczną aktywność oraz dynamiczny rozwój. Wyniki jego badań, udział w projektach i zadaniach badawczych, odbywane staże oraz publikacje stanowią istotny wkład w rozwój nauki. Uważam, że wszystkie prace przedstawione

w ramach osiągnięcia naukowego są ze sobą tematycznie powiązane i wpisują się w obszar nauk ścisłych i przyrodniczych, a także mają istotne znaczenie dla rozwoju dyscypliny nauk biologicznych. Osiągnięcie naukowe oraz całość dorobku spełniają wymagania określone ustawie z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (tekst jednolity: Dz. U. z 2024 r. poz. 1571 z późn. zm.). Wniosuję o dopuszczenie dr. Dawida Bielewicza do dalszych etapów postępowania habilitacyjnego.

.....
podpis recenzenta