



Prof. dr hab. Mirosław Ratkiewicz
Wydział Biologii, Uniwersytet w Białymstoku
ermi@uwb.edu.pl, +48 85 738 8380

Białystok, 3.08.2024 r.

Ocena osiągnięcia naukowego pt. „**Ewolucyjne czynniki kształtujące zmienność genetyczną u pasożytów oraz ich gospodarzy - genomika modelowych gatunków z rodzaju *Poecilia* i *Gyrodactylus***” stanowiącego podstawę ubiegania się o nadanie stopnia doktora habilitowanego oraz dorobku naukowego, działalności badawczej w kilku ośrodkach oraz współpracy międzynarodowej **dr Mateusza Konczala** zatrudnionego w Pracowni Biologii Ewolucyjnej, Wydział Biologii, Uniwersytet im Adama Mickiewicza w Poznaniu i wszczętego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne na wyżej wymienionym Wydziale i Uniwersytecie.

Na recenzenta ww. osiągnięć zostałem powołany decyzją Rady Naukowej Dyscypliny Nauki Biologiczne Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu (pismo nr WB-203-023/2024 z dnia 11.06.2024 r.) Niniejszą recenzję sporządziłem po zapoznaniu się z kompletem materiałów dotyczących ww. postępowania habilitacyjnego: wniosku dr Mateusza Konczala z dnia 29 lutego 2024 r. skierowanego na Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu za pośrednictwem Rady Doskonałości Naukowej jak i 24 załączników. Wymienione materiały umożliwiają przeprowadzenie oceny osiągnięć naukowo-badawczych, pracy badawczej w kilku ośrodkach i współpracy międzynarodowej habilitanta zgodnie z art. 221 ust. 8 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz.U. 2023 r., poz. 742 ze zm.) art. 178 ust. 2. p.s.w.n. oraz par. 43., ust. 1. Pkt.3. Statutu Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu z dnia 28.06.2021 r.

1. Sylwetka habilitanta

Dr Mateusz Konczal uzyskał tytuł magistra Biologii w 2011 r. na Wydziale Biologii i Nauk o Ziemi, Uniwersytet Jagielloński w Krakowie. Tytuł jego pracy brzmiał: „Struktura i zmienność genów MHC I u nornicy rudej”. Zaledwie 4 lata później, bo 9 lipca 2015 r. uzyskał on stopień doktora nauk biologicznych w dyscyplinie ekologia na Wydziale Biologii i Nauk o Ziemi, Uniwersytet Jagielloński. Promotorem tej rozprawy był prof. dr hab. Wiesław Babik z UJ. Obroniona przez niego rozprawa doktorska pt.: „Molecular basis of adaptation in the bank vole” została uznana za wybitną, co potwierdzają stosowne dyplomy wydane przez INOŚ UJ w Krakowie oraz JM Rektora UJ w dniu 8 listopada 2016 r. **Oznacza to, że spełniona jest przesłanka pierwsza warunkująca nadanie stopnia doktora habilitowanego.**

Od roku 2016 do chwili obecnej dr Mateusz Konczal jest zatrudniony w Pracowni Biologii Ewolucyjnej na Wydziale Biologii, Uniwersytet im. A. Mickiewicza w Poznaniu. W swoich badaniach koncentruje się on m.in. na genomice ewolucyjnej naturalnych populacji



pasożytów, a także na badaniu struktury genetycznej populacji normicy rudej w Wielkiej Brytanii jak i określaniu roli doboru płciowego w czyszczeniu obciążenia mutacyjnego z genomu rozkruska hiacyntowego. W swoich badaniach stosuje on analizy genomowe jak i zaawansowane obliczenia bioinformatyczne. Na podstawie załączonych informacji należy uznać, że ma on ponadprzeciętne kwalifikacje i umiejętności w ww. analizach, co w erze genomiki ma ogromne znaczenie, gdyż pozwala dokonywać fundamentalnych odkryć naukowych i empirycznie testować różne hipotezy ewolucyjne.

2. Ocena osiągnięcia naukowego dr Mateusza Konczala pt. „Ewolucyjne czynniki kształtujące zmienność genetyczną u pasożytów oraz ich gospodarzy - genomika modelowych gatunków z rodzaju *Poecilia* i *Gyrodactylus*”

Jako podstawę do ubiegania się o nadanie stopnia naukowego doktora habilitowanego dr Mateusz Konczal przedstawił spójne i merytorycznie znaczące osiągnięcie naukowe, w którego skład wchodzi 6 prac opublikowanych w latach 2020-2024. Ukazały się one w bardzo dobrych czasopismach naukowych (100-140 pkt. MNiSW) w obiegu międzynarodowym, a ich łączny IF wynosi 39,8. Habilitant jest pierwszym autorem w trzech ww. pracach, korespondencyjnym w 4, a ostatnim w dwóch. Dokładnie określa on swój wkład w powstanie każdej z prac, m.in. uzyskał środki na analizy, brał on udział w planowaniu badań jak i panelu SNP, wykonywał analizy bioinformatyczne analizując genomy i identyfikując polimorfizmy oraz geny, na które działa dobór interpretował wyniki i pisał oraz redagował maszynopisy tych prac. Do jego wniosku dołączone zostały stosowne i jednoznacznie opisane oświadczenia wszystkich współautorów poniższych sześciu prac habilitanta wchodzących w skład osiągnięcia naukowego:

1. **Konczal M**, Przesmycka KJ, Mohammed RS, Phillips KP, Camara F, Chmielewski S, Hahn C, Guigo R, Cable J, Radwan J. 2020a. Gene duplications, divergence and recombination shape adaptive evolution of the fish ectoparasite *Gyrodactylus bullatarudis*. *Molecular Ecology*, 29(8), 1494-1507.
2. **Konczal M**, Przesmycka KJ, Mohammed RS, Hahn C, Cable J, Radwan J. 2021. Expansion of frozen hybrids in the guppy ectoparasite, *Gyrodactylus turnbulli*. *Molecular Ecology*, 30(4), 1005-1016.
3. Walsman JC, Janecka MJ, Clark DR, Kramp RD, Rovenolt F, Patrick R, Mohammed R, **Konczal M**, Cressler CE, Stephenson JF. 2022. Shoaling guppies evade predation but have deadlier parasites. *Nature Ecology & Evolution*, 1-10.
4. **Konczal M**, Ellison AR, Phillips KP, Radwan J, Mohammed RS, Cable J, Chadzinska M. 2020b. RNA - Seq analysis of the guppy immune response against *Gyrodactylus bullatarudis* infection. *Parasite Immunology*, 42(12), e12782.



5. Burda K, **Konczal M.** 2023. Validation of machine learning approach for direct mutation rate estimation. *Molecular Ecology Resources*. 23(8), 1757-1771.
6. Charlesworth D*, Qiu S, Bergero R, Gardner J, Keegan K, Yong L, Hastings A, Konczal M. 2024. Has recombination changed during the recent evolution of the guppy Y chromosome?. *Genetics*, 226(1), iyad198.

W publikacji 1 habilitant wraz z międzynarodowym zespołem sekwencjonował i anotował genom *Gyrodactylus bullatarudis*, co umożliwiło identyfikację genów ewoluujących pod wpływem doboru kierunkowego w linii prowadzącej do badanego gatunku oraz opisanie genów zróżnicowanych pomiędzy poszczególnymi populacjami gospodarzy aa także testowanie możliwej obecności gatunków kryptycznych. Habilitant zidentyfikował ponad 300 genów z utrwalonymi allelami w poszczególnych populacjach oraz wykrył niedawną hybrydyzację między dwoma zróżnicowanymi liniami tego pasożyta, która ma istotne znaczenie w ewolucji adaptacyjnej tego gatunku. Ciekawym spostrzeżeniem jest to, że jedna ze zidentyfikowanych rodzin genów wykazywała podobieństwo do genów ulegających ekspresji w cercariach schistosomy, więc niezbędnych do penetracji bariery skórnej gospodarza.

W drugiej publikacji habilitant badał genomy *Gyrodactylus turnbulli* (kolejny gatunek pasożyta gupików) i wykazał wysoką heterozygotyczność osobników w Tobago będącą zapewne wynikiem niedawnej hybrydyzacji. Bardzo szybkie rozprzestrzenianie się hybryd w populacjach z Tobago było spowodowane ich silną przewagą selekcyjną nad miejscowym genotypem i rekombinantami pochodzącymi z rozmnażania płciowego. Co ciekawe, wykryte w ww. pracach wzorce ewolucji są odmienne, gdyż u *G. bullatarudis*, rekombinacja spowodowała utrwalenie się korzystnych kombinacji alleli (artykuł 1), natomiast u *G. turnbulli*, rozmnażanie bezpłciowe doprowadziło do „zamrożenia” wysokiej heterozygotyczności w całym genomie (artykuł 2). **W publikacji 3** habilitant z zespołem wykazał kompromis ewolucyjny pomiędzy intensywnością infekcji a zdolnością do transmisji pasożytów oraz działanie doboru stabilizującego, maksymalizującego dostosowanie pasożytów z rodzaju *Gyrodactylus* dla pośrednich wartości zjadliwości i zdolności do transmisji. Ciekawym wynikiem było wykrycie, że utrzymywanie dystansu socjalnego gospodarzy może prowadzić do ewolucji mniejszej zjadliwości pasożytów

Publikacja 4 dotyczyła porównania profili ekspresji genów pomiędzy zainfekowanymi i niezainfekowanymi osobnikami gupików z zastosowaniem całych transkryptomów i



habilitant wykazał zróżnicowaną ekspresję w genach związanych z nieswoistością, jak i nabytą odpowiedzią immunologiczną. Wyniki tej pracy dostarczyły pokaźnej liczby genów potencjalnie zaangażowanych w odpowiedź immunologiczną u ryb kostnoszkieletowych, które mogą być wykorzystane w przyszłych badaniach.

Publikacja 5 jest potrzebną oraz doskonale przedyskutowaną walidacją metody uczenia maszynowego i pozwoliła ona wykazać, że tempo mutacji u gupika jest jednym z najniższych wśród kręgowców, tym niemniej jest ono podobne jak u innych ryb kostnoszkieletowych.

W publikacji 6 habilitant z zespołem zbadał tysiące markerów genetycznych umieszczonych na chromosomie płci oraz na autosomach u gupików i skonstruował mapy genetyczne oraz oszacował tempo rekombinacji wzdłuż chromosomów. Okazało się, że samce charakteryzują się brakiem rekombinacji w większości genomu, a rekombinacja zachodzi u nich tylko w końcach chromosomów dystalnych w stosunku do lokalizacji centromerów, podczas gdy samice charakteryzują się stałym tempem rekombinacji wzdłuż całych chromosomów.

Natomiast chromosom Y rekombinuje tylko na końcu przeciwnym do lokalizacji centromeru (tzw. region PAR1). Wykryte zostały także sporadyczne rekombinacje w pozostałej części chromosomu Y (tj. region PAR2).

Na podkreślenie zasługują duże walory poznawcze spójnego osiągnięcia habilitanta w kontekście biologii ewolucyjnej, w tym koewolucji pasożyta i gospodarza a także ważnego aspektu biologii i ekologii tryb, jakim jest życie w ławicy, które niestety sprzyja zakażeniom, ale chroni przed presją drapieżników.

W mojej opinii wskazane przez dr Mateusza Konczala osiągnięcie naukowe w postaci zbioru sześciu powiązanych tematycznie i merytorycznie spójnych publikacji naukowych w pełni spełnia wymogi Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce oraz stanowi podstawę do nadania stopnia doktora habilitowanego w dyscyplinie nauki biologiczne. Zgodnie z wymaganiami ww. Ustawy osiągnięcie dr Mateusza Konczala stanowi oryginalne rozwiązanie problemu naukowego i wnosi znaczny wkład w rozwój określonej dyscypliny naukowej.

3. Ocena istotnej działalności naukowej dr Mateusza Konczala (nie wchodzącej w skład osiągnięcia naukowego habilitanta) oraz dorobku popularyzatorskiego a także współpracy międzynarodowej.



Oprócz 6 prac wchodzących w skład osiągnięcia naukowego, habilitant był autorem interesujących prac, m.in. Markova i in. (2023) poświęconej historii demograficznej i jej wpływu na współczesne populacje nornicy rudej (*Myodes glareolus*) w Wielkiej Brytanii. Jej Autorzy wykazali, że peryferyjne populacje tego gatunku pochodzące z pierwszej fali migracji, znajdują się na skraju swojego potencjału adaptacyjnego i wymagać mogą dopływu zmienności adaptacyjnej, by być w stanie odpowiedzieć na zachodzące zmiany klimatyczne. Ma to kluczowe znaczenie w przewidywaniu odpowiedzi ewolucyjnej w kontekście przyszłych zmian klimatycznych i moim zdaniem **kreuje nową perspektywę w ochronie izolowanych i zróżnicowanych genetycznie populacji rzadkich gatunków**, przez co jest niezmiernie ważne pod względem praktycznym. Ciekawe z punktu widzenia biologii ewolucyjnej jest także wykazanie roli doboru płciowego w czyszczeniu obciążenia mutacyjnego (ang. purging) z genomu rozkruszka hiacyntowego (Parrett i in. 2022). Autorzy wykazali, że kierunkowy dobór płciowy może ułatwić czyszczenie genomu z obciążenia mutacyjnego.

W ww. projektach habilitant był odpowiedzialny za analizy bioinformatyczne transkryptomów oraz/lub genomów oraz pełnił rolę eksperta ws. genomiki. Jest on także współautorem ważnego artykułu przeglądowego na temat szacowania efektywnej wielkości populacji w różnych skalach czasowych (Nadachowska-Brzyska i in. 2022). Łącznie jest on autorem 19 artykułów naukowych w międzynarodowych czasopismach naukowych. Habilitant za rozprawę doktorską otrzymał wyróżnienie Prezesa Rady Ministrów oraz stypendium START Fundacji na Rzecz Nauki Polskiej. Brał on czynny udział w 11 konferencjach naukowych i jest członkiem „Society of Molecular Biology and Evolution”. Kierował on dwoma grantami NCN (Sonata 14 2018/31/D/NZ8/00091 i Fuga 5 2016/20/S/NZ8/00208) oraz był wykonawcą w kolejnych 4 grantach NCN. Podczas studiów doktoranckich habilitant odbył 5-miesięczny staż w Centrum Regulacji Genomowej w Barcelonie, Hiszpania. Natomiast w latach 2015-2016 był on w tym samym miejscu na podstoc-u (Centre for Genomic Regulation) prowadząc badania w grupie Fyodora Kondrashova. Był on także stypendystą Bekkera (2022-2023, 13 miesięczny staż) Narodowej Agencji Wymiany Akademickiej, podczas którego uczestniczył w badania prof. Debory Charlesworth nad ewolucją tempa rekombinacji u gupików (Charlesworth i in. 2024). Co więcej, kilkakrotnie organizował on i uczestniczył w wyjazdach badawczych do Trynidadu i Tobago, współpracując z dr. Ryanem Mohammedem z University of West Indies. Brał też



udział w międzynarodowych kursach i szkoleniach organizowanych np. w Szwecji (Uniwersytet w Uppsali) i Francji (École normale supérieure w Paryżu) oraz przebywał na krótkich wizytach studyjnych w Niemczech (Uniwersytet w Greifswaldzie) i Austrii (Institute of Science and Technology). Z powyższych danych jednoznacznie wynika, że habilitant współpracował z uznanymi na całym świecie naukowcami, co owocowało bardzo dobrymi publikacjami. Recenzował on 9 maszynopisów w międzynarodowych czasopismach naukowych. Habilitant podał swój sumaryczny Impact Factor według listy Journal Citation Reports zgodnie z rokiem składania wniosku – jest on duży i wynosi 136.3. Liczba cytowań publikacji, z oddzielnym uwzględnieniem autocytowań = łącznie 229; bez autocytowań: 219, Indeks Hirscha = 8 (Web of Science), suma punktów Ministerialnych = 2560.

Uważam, że dorobek naukowy dr Mateusza Konczala w pełni spełnia wymogi Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce i jest on wystarczający do uzyskania stopnia doktora habilitowanego. Habilitant prowadził swoje badania w kilku ośrodkach naukowych, w tym za granicą. **Dlatego też uważam, że spełniona jest przesłanka trzecia** („habilitant wykazuje się istotną aktywnością naukową albo artystyczną realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej”) **warunkująca nadanie stopnia doktora habilitowanego.**

4. Ocena działalności dydaktycznej i popularyzatorskiej habilitanta

Od 2016 habilitant opracował (samodzielnie albo wspólnie) sylabusy do 4 przedmiotów, m.in.: Conservation genetics oraz New technologies in evolutionary and conservation biology a także prowadził 7 różnych kursów, w tym np.: Genetyka ewolucyjna i populacyjna dla studentów kierunku bioinformatyka oraz Środowisko LINUX i języki skryptowe (dla studentów kierunku biologia i zdrowie człowieka). Ponadto, zorganizował on i poprowadził kurs z podstaw bioinformatyki dla doktorantów UAM, oraz poprowadził warsztaty pt. „Linux for genomics – tips and tricks” podczas „23rd European Meeting of PhD Students in Evolutionary Biology, EMPSEB23”. Wypromował on trzech licencjuszy i jednego magistranta oraz był promotorem pomocniczym w przewodzie doktorskim obronionym w 2022 roku (A. Laska). Z jego inicjatywy, w roku 2018 na Wydziale Biologii UAM odbyła się Międzynarodowa Letnia Szkoła Biologii Molekularnej i Teoretycznej (<https://molbioschool.org>), która zgromadziła około 200 uczestników z kilkunastu krajów.



Jest on odpowiedzialny za zasoby obliczeniowe Pracowni Biologii Ewolucyjnej i jej administrowanie jak też strony internetowej ww. jednostki.

Habilitant jest także popularyzatorem nauki:

Podczas Dnia Darwina w 2022 roku wygłosił popularnonaukowy wykład pt. „Czy czeka nas życie w planetarnym szpitalu – perspektywa ewolucyjna” (dostępny on-line) i udzielił wywiadu na ten temat, a w trakcie Dni Akademickich w 2024 roku wygłosił popularnonaukowy wykład pt. „Genom jako źródło informacji o historii ludzi i innych gatunków”. Jest on autorem popularnonaukowego tekstu opublikowanego w Forum Akademickim (2016) jak i w czasopiśmie Kosmos (artykuł pt. „Genomika adaptacji”). Habilitant udzielał wywiadów PAP na temat ewolucji w laboratorium oraz autorowi portalu totylkoteoria.pl na temat największych osiągnięć biologii.

5. Wnioski końcowe

Z pełnym przekonaniem uważam, że dr Mateusz Konczal w zakresie osiągnięcia naukowego, działalności naukowej w kilku różnych ośrodkach, w tym za granicą i współpracy międzynarodowej, działalności dydaktycznej i popularyzatorskiej w pełni spełnia wszystkie ustawowe wymagania stawiane kandydatom do stopnia doktora habilitowanego zgodnie z Ustawą z dnia 20 lipca 2018r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce. Z satysfakcją i uznaniem dla jego osiągnięć pozytywnie opiniuję wniosek dr Mateusza Konczala o nadanie mu stopnia doktora habilitowanego w dyscyplinie nauki biologiczne.

z poważaniem