

dr hab. Bożena Nejman-Faleńczyk, prof. UG
Pracownia Biologii i Biotechnologii Bakteriofagów
Katedra Biologii Molekularnej
Wydział Biologii
Uniwersytet Gdański
ul. Wita Stwosza 59/a139
80-308 Gdańsk

Gdańsk, 07.05.2025 r.

Recenzja
osiągnięć Pana doktora Dawida Bielewicz w związku z postępowaniem w
sprawie nadania stopnia
doktora habilitowanego nauk ścisłych i przyrodniczych,
w dyscyplinie nauki biologiczne

Ocena formalna

Niniejszą recenzję przygotowałam na podstawie dostarczonych mi dokumentów w wersji elektronicznej. Wśród nich znalazły się również oświadczenia współautorów oraz wyjaśnienia Habilitanta odnośnie braku niektórych podpisów, które dopuszcza Uchwała nr 134/2020/2021 Senatu Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu z dnia 28 czerwca 2021 r., dotycząca sposobu postępowania w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego (art. 2 ust. 5). Po przeanalizowaniu otrzymanych przeze mnie materiałów stwierdzam, iż zawierają one informacje niezbędne do dokonania oceny osiągnięć, a złożone oświadczenia współautorów umożliwiają ocenę udziału i roli Habilitanta w powstaniu osiągnięcia.

Według mnie przedstawione dokumenty spełniają wymogi formalne określone w art. 220 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. – Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2024 r. poz. 1571 ze zm.).

Ocena merytoryczna

I. Ocena dorobku Habilitanta pod kątem uzyskania osiągnięć naukowych stanowiących znaczny wkład w rozwój dyscypliny nauki biologiczne

Jako wymagane przepisami Ustawy osiągnięcie habilitacyjne, Pan dr Dawid Bielewicz wskazał cykl powiązanych tematycznie artykułów naukowych pod wspólnym tytułem: „**Nowe mechanizmy regulacji biogenezy mikroRNA *Arabidopsis thaliana***”. Na cykl ten składają się 3 publikacje będące pracami oryginalnymi oraz 1 artykuł przeglądowy. Prace te zostały opublikowane w latach 2018-2023, w uznanych czasopismach międzynarodowych: *Plant and Cell Physiology*, *The Proceedings of the National Academy of Sciences*, *Frontiers in Plant Science* oraz *The Plant Cell*, których sumaryczny wskaźnik *Impact Factor* (zgodnie z rokiem opublikowania artykułu) jest wysoki i wynosi 30,8. W aktualnym wykazie czasopism, ogłoszonym w komunikacie Ministra Nauki z dnia 05 stycznia 2024 r., dwa z nich uzyskały po 200 pkt. W pierwszej z wymienionych prac, Pan dr Bielewicz jest jednocześnie pierwszym, jak i korespondującym autorem, w drugiej jest równorzędnie pierwszym autorem, w trzeciej równorzędnym autorem korespondującym, a w ostatniej z wymienionych zajmuje czwarte miejsce wśród autorów.

Ze względu na pomyłki edytorskie w Autoreferacie i prośbę dr Bielewicza o dokonanie korekty oraz złożone sprostowanie, w niniejszej recenzji (celem wyjaśnienia powstałych wątpliwości) umieszczam listę czterech artykułów, stanowiących powiązany tematycznie cykl, które zgodnie z informacją zawartą w przygotowanym przez Habilitanta Wykazie Osiągnięć, zostały poddane ocenie Komisji. Muszę przyznać, że wykryte w Autoreferacie błędy edytorskie i brak staranności w jego przygotowaniu, utrudniały momentami percepcję treści, aczkolwiek ostatecznie nie przeszkodziły mi w wykonaniu oceny i nie przesłoniły faktycznej wartości naukowej przedstawionego do oceny osiągnięcia.

Poniżej lista prac wchodzących w skład cyklu powiązanych tematycznie artykułów:

- [1] Bielewicz Dawid, Dolata Jakub, Bajczyk Mateusz, Szewc Łukasz, Gulanicz Tomasz, Bhat Susheel Sagar, Karlik Anna, Józwiak Monika, Jarmołowski Artur, Szweykowska-Kulińska Zofia. (2023). Hyponastic Leaves 1 Interacts with RNA Pol II to Ensure Proper Transcription of MicroRNA Genes. *Plant and Cell Physiology*. 64(6):571-582. doi: 10.1093/pcp/pcad032 – dalej opisywana jako **praca nr 1**

- [2] Bhat Susheel Sagar, Bielewicz Dawid, Gulanicz Tomasz, Bodi Zsuzsanna, Yu Xiang, Anderson Stephen J., Szewc Łukasz, Bajczyk Mateusz, Dolata Jakub, Grzelak Natalia, Smoliński Dariusz J., Gregory Brian D., Fray Rupert G., Jarmołowski Artur, Szweykowska-Kulińska Zofia. (2020). mRNA adenosine methylase (MTA) deposits m6A on pri-miRNAs to modulate miRNA biogenesis in *Arabidopsis thaliana*. *The Proceedings of the National Academy of Sciences*. 1;117(35):21785-21795. doi: 10.1073/pnas.2003733117 – dalej opisywana jako **praca nr 2**
- [3] Dolata Jakub, Taube Michał, Bajczyk Mateusz, Jarmołowski Artur, Szweykowska-Kulińska Zofia, Bielewicz Dawid. (2018). Regulation of Plant Microprocessor Function in Shaping microRNA Landscape. *Frontiers in Plant Science*. 5:9:753. doi: 10.3389/fpls.2018.00753 – dalej opisywana jako **praca nr 3**
- [4] Stępień, A., Dolata, J., Gulanicz, T., Bielewicz, D., Bajczyk, M., Smoliński, D. J., Szweykowska-Kulińska, Z., & Jarmołowski, A. (2022). Chromatin-associated microprocessor assembly is regulated by the U1 snRNP auxiliary protein PRP40. *Plant Cell*, 34(12), 4920-4935. <https://doi.org/10.1093/plcell/koac278> – dalej opisywana jako **praca nr 4**

Tematyka prac wchodzących w skład przedstawionego do oceny przez Habilitanta osiągnięcia dotyczy bardzo ważnego aspektu, a mianowicie poznania mechanizmów biogenezy cząsteczek mikroRNA (miRNA), które odgrywają kluczową rolę w regulacji ekspresji genów na poziomie potranskrypcyjnym. Badania prowadzono na modelowym organizmie roślinnym, którym jest rzodkiewnik pospolity (*Arabidopsis thaliana*).

Doniesienia wskazują, że biogeneza miRNA jest procesem wieloetapowym i skomplikowanym. Okazuje się, że wiele czynników jest zaangażowanych w szlak powstawania tych cząsteczek i przypuszcza się, że nie wszystkie zostały jeszcze poznane. Pełne zrozumienie i poznanie mechanizmu biogenezy cząsteczek miRNA jest niezwykle ważne nie tylko dla rozwoju biologii molekularnej, ale także medycyny, zwłaszcza onkologii i terapii genowej. Zaburzenia w biogenezie miRNA są powiązane z wieloma chorobami, w tym nowotworami, chorobami neurodegeneracyjnymi, kardiologicznymi czy autoimmunologicznymi. Nieprawidłowe działanie enzymów takich jak Dicer czy Drosha, bądź innych białek uczestniczących w tym procesie, może prowadzić do deregulacji ekspresji miRNA i w konsekwencji do rozwoju patologii. Pełne zrozumienie szlaków biogenezy miRNA może także umożliwić w przyszłości opracowanie terapii celowanych, np. przy użyciu inhibitorów miRNA. Ponadto, cząsteczki miRNA nabierają coraz większego znaczenia w badaniach wielu różnych schorzeń, mających na celu identyfikację markerów molekularnych związanych z ich patogenezą i rokowaniem. Znajomość procesu biogenezy miRNA i charakterystycznych dla

określonych schorzeń profili ich ekspresji w komórkach, mogą posłużyć do szybkiej i precyzyjnej diagnozy. W ubiegłym roku oficjalnie doceniono badania prowadzone w obszarze cząsteczek miRNA i fakt, że całkowicie zmieniły nasze rozumienie regulacji ekspresji genów. Ich odkrywcy, amerykańscy biolodzy, prof. Victor Ambros i prof. Gary Ruvkun zostali uhonorowani Nagrodą Nobla.

W tym świetle zakres podjętych przez dr Bielewicza badań w ramach przedstawionego do oceny osiągnięcia wydaje się być aktualny i istotny. Swoją pracę Habilitant rozpoczął od opublikowania w 2018 roku artykułu przeglądowego [**praca nr 3**], w którym wraz ze współpracownikami podsumował dostępną wówczas wiedzę na temat kompleksu Mikroprocesora, czyli zestawu białek odpowiedzialnych za przecięcie i uwalnianie dojrzałych cząsteczek miRNA z form prekursorowych. U *Arabidopsis thaliana* kompleks ten składa się z trzech głównych białek: enzymu III Dicer-Like 1 (DCL1) o właściwościach RNazy, białka z motywem palca cynkowego o nazwie Serrate (SE) i białka wiążącego dwuniciowe RNA o nazwie Hyponastic Leaves 1 (HYL1), znanym również jako DRB1. W artykule podkreślono znaczenie modyfikacji potranslacyjnych, takich jak np. fosforylacja, które mogą wpływać na funkcje podstawowych białek kompleksu np. HYL1 i przykładowo hamować ich wiązanie z RNA. Ponadto zwrócono uwagę na bardziej kompleksowe podejście do zrozumienia procesu biogenezy miRNA sugerując możliwość oddziaływania głównych białek kompleksu z innymi białkami.

Z kolei wyniki uzyskane przez Habilitanta i jego współpracowników w trzech pozostałych pracach eksperymentalnych z zaprezentowanego cyklu, dostarczyły kilku ważnych spostrzeżeń i wyników, kluczowych do pełnego zrozumienia mechanizmów regulacji procesu dojrzewania cząsteczek miRNA w komórkach roślinnych.

Jednym z ważniejszych odkryć było wykazanie nowej funkcji białka HYL1, które okazało się mieć znaczenie nie tylko na etapie tworzenia dojrzałych cząsteczek miRNA, (co było wiadome), ale także już na etapie transkrypcji genów *MIR*, co zostało udowodnione w **pracy nr 1**. Wyniki badań, w które bezpośrednio zaangażowany był dr Bielewicz wskazują, że w mutantach niezdolnych do produkcji białka HYL1 następuje spadek ekspresji transkryptów genu *GUS* znajdującego się pod kontrolą różnych promotorów genów *MIR*. Co istotne, nawet wprowadzenie mutacji w genie *DCL1* i zwiększenie aktywności tego białka celem przywrócenia naturalnego poziomu ekspresji miRNA w komórce, nie odwróciło obserwowanego efektu fenotypowego u roślin (słabsze wybarwienie), co z kolei potwierdziło wcześniejsze obserwacje, że białko HYL1 oprócz swej pierwotnej funkcji, pozytywnie reguluje także transkrypcję genów *MIR*. Co więcej, wskazano również, że ta regulacja może być

wynikiem bezpośredniego oddziaływania białka HYL1 z rejonem promotorowym genów *MIR*, w obrębie 200 pz powyżej miejsca inicjacji transkrypcji. Oprócz tego dowiedziono, że białko HYL1 oddziałuje z czynnikami transkrypcyjnymi m.in. KETCH1, CDC5 oraz z białkami z rodziny TOPLESS, a także współwystępuje i oddziałuje z polimerazą RNA II. Oddziaływanie HYL1 z polimerazą przebiega niezależnie od obecności innych białek kompleksu Mikroprocesora (takich jak DCL1 i SE), ale wszystko wskazuje na to, że jest zależne od modyfikacji potranslacyjnej białka HYL1 i efektywniej zachodzi w przypadku ufosforylowanej formy tego białka. W badaniach tych wykorzystano szereg zaawansowanych technicznie metod molekularnych oraz linii transgenicznych *Arabidopsis thaliana*, które dr Bielewicz oraz jego współpracownicy skonstruowali na potrzeby poszczególnych eksperymentów.

Kolejnym istotnym osiągnięciem w kontekście poznania mechanizmu regulacji biogenezy miRNA było wykazanie w **pracy nr 2**, iż proces ten może być również regulowany przez enzym odpowiedzialny za metylację reszt adeniny w mRNA, zwany metylazą adenozyiny (MTA, ang. mRNA adenosine methylase). Habilitant, wspólnie ze swoim doktorantem wykazali, że białko MTA metyluje pri-miRNA a brak tej metylacji prowadzi do akumulacji form prekursorowych w komórce, czemu towarzyszy obniżony poziom dojrzałych mikroRNA. W swoich badaniach Pan dr Bielewicz potwierdził, iż jest to efekt upośledzenia procesu dojrzewania miRNA w mutantach niezdolnych do produkcji białka MTA i że zmiany strukturalne w pri-miRNA, spowodowane brakiem metylacji, prowadzą do słabszego oddziaływania form prekursorowych z białkiem HYL1, a tym samym najprawdopodobniej z kompleksem Mikroprocesora. Dodatkowo dr Bielewicz nadzorował prace badawcze, które wykazały, że białko MTA oddziałuje z polimerazą RNA II oraz białkiem TGH (ang. Tough). Co istotne, w toku przeprowadzonych prac okazało się, że białko TGH nie jest wymagane na etapie metylacji, ale wspólnie z MTA należy do czynników niezbędnych do prawidłowego złożenia kompleksu Mikroprocesora. Ostatecznie wykazano także, że brak aktywnego białka MTA w komórkach osłabia odpowiedź roślin na auksyny i jest to efekt braku metylacji pri-miR393b oraz upośledzenia procesu biogenezy tej cząsteczki w wyniku czego zaobserwowano znacząco niższy poziom dojrzałej cząsteczki miR393b, która, jak wiadomo z wcześniejszych doniesień, odgrywa ważną rolę w odpowiedzi roślin na auksyny.

W ostatnim z omawianych osiągnięć [**praca nr 4**] udział Habilitanta było nieco mniejszy, aczkolwiek po wnikliwej analizie oceniam ten wkład również jako istotny. Badania, w które zaangażowany był dr Bielewicz wraz z zespołem wskazują, że białko PRP40 z *Arabidopsis thaliana* (AtPRP40), które podejrzewano o udział w kotranskrypcyjnym tworzeniu kompleksu mikroprocesora ze względu na bezpośrednią interakcję z białkiem SE, faktycznie

bierze udział w tym procesie, pośredniczy w oddziaływaniu białka SE z polimerazą RNA II i jest zaangażowane w transkrypcję form prekursorowych pri-miRNA. Wykazano, że w mutantach podwójnych *prp40ab* poziom prawie połowy poliadenylowanych pri-miRNA były zmienione (w tym, ekspresja ponad 70% z nich ulegała obniżeniu) przy czym poziom całkowitej frakcji transkryptów oraz poziom większości dojrzałych cząsteczek miRNA pozostały niezmienione, tak samo jak pozycje ich cięcia. Szukając wyjaśnienia tego efektu zaobserwowano w mutancie *prp40ab* akumulację polimerazy RNA II na 3' końcach genów *MIR*, co korelowało ze zmniejszoną liczbą poliadenylowanych transkryptów. Wyniki tych oraz dodatkowych analiz pozwoliły stwierdzić, że białko PRP40 z *Arabidopsis thaliana* ma znaczenie w procesie dojrzewania form prekursorowych miRNA i stanowi dodatkowy czynnik regulacyjny w wieloetapowym procesie biogenezy tych cząsteczek.

Podsumowując cykl tematycznie powiązanych artykułów stwierdzam, że uzyskane wyniki stanowią istotny wkład w rozwój dyscypliny nauki biologiczne, albowiem dostarczają nowej wiedzy na temat skomplikowanego mechanizmu powstawania dojrzałych, regulatorowych cząsteczek miRNA, które odgrywają kluczową rolę w procesach rozwoju embrionalnego, różnicowania komórek, tworzenia narządów i utrzymania homeostazy. Zaproponowano nowe funkcje dla znanych białek i wykazano ich przynależność do kompleksu Mikroprocesora. Tym samym uwypuklono złożoność całego procesu biogenezy miRNA w komórkach roślinnych oraz zapoczątkowano, nowe i ciekawe kierunki badań. Zabrakło mi jedynie krótkiego podsumowania wszystkich uzyskanych wyników w Autoreferacie i schematu obrazującego opisane powyżej odkrycia dr Bielewicza i jego współpracowników w temacie biogenezy cząsteczek miRNA. Niewątpliwie byłoby to cenne uzupełnienie przedstawionego do oceny cyklu tematycznie powiązanych artykułów naukowych [**prace 1-4**].

Jeśli chodzi o pozostałą aktywność naukową Pana dr Dawida Bielewicza, poza pracami wchodzącymi w skład głównego osiągnięcia naukowego, są to (zgodnie z informacjami podanymi w Wykazie Osiągnięć) 22 artykuły opublikowane w uznanych międzynarodowych czasopismach naukowych (w tym, również w tych bardzo prestiżowych, takich jak *Nucleic Acids Research* oraz *Trends in Plant Science*). Z prac tych, 9 artykułów powstało w latach 2011-2015, czyli przed uzyskaniem przez Habilitanta stopnia doktora, a 13 publikacji po tym kluczowym dla kariery naukowca wydarzeniu, czyli w latach 2016-2023. W wielu z tych prac, Pan Doktor jest wymieniony jako 2 lub 3 współautor, co niewątpliwie świadczy o jego dużym zaangażowaniu w przeprowadzone badania. Z kolei w bazie Web of Science, na dzień 05.05.2025 r., widnieje w sumie 29 artykułów (włączając 4 prace z cyklu), których Habilitant

jest współautorem i zostały one zacytowane łącznie 1003 razy, bez autocytowań (wg WoS na dzień 05.05.2025 r.), co przełożyło się na wysoki Indeks Hirscha równy 16 (wg WoS na dzień 05.05.2025 r.). Do istotnych osiągnięć Habilitanta należą także projekty badawcze. W czterech z nich, finansowanych przez Narodowe Centrum Nauki, w ramach konkursów Preludium, Etiuda, Sonata oraz Opus, dr Dawid Bielewicz sprawował funkcję kierownika, co świadczy o jego dużej samodzielności i dojrzałości naukowej oraz do gotowości kierowania własną grupą badawczą. W kolejnych trzech projektach pełnił rolę wykonawcy. W dorobku Habilitanta znalazło się także 10 komunikatów naukowych zaprezentowanych zarówno na krajowych, jak i międzynarodowych konferencjach, w tym również dwa wykłady wygłoszone na zaproszenie zagranicznych instytucji naukowych. Liczba ta nie jest być może bardzo wysoka, ale w moim odczuciu wystarczająca, albowiem prezentacje odbywały się dość regularnie przez cały okres dotychczasowej kariery naukowej Habilitanta. Pan Doktor pełnił także rolę recenzenta artykułów przesyłanych do międzynarodowych czasopism naukowych.

Analizując z kolei zakres prac i badań prowadzonych przez Habilitanta poza opisanym powyżej cyklem tematycznie powiązanych publikacji dostrzegłam, że po uzyskaniu stopnia doktora Pan Bielewicz zaznajomił się w szeregim nowych, zaawansowanych technicznie analiz badawczych, które pozwoliły mu uzyskać ciekawe wyniki. Jedną z nich jest analiza bibliotek małych RNA oraz bioinformatyczne i statystyczne opracowanie wyników sekwencjonowania nowej generacji (NGS), również sekwencjonowania RNA. Niewątpliwie jest bardzo pożądana umiejętność, albowiem te rewolucyjne i szybkie metody pozwalają na równoległe sekwencjonowanie wielu cząsteczek DNA/RNA i tym samym na badanie całych genomów, transkryptomów oraz epigenomów. W efekcie, możliwe jest uzyskanie dużej ilości cennych danych, które po odpowiednim opracowaniu, w tym również statystycznym, mają wartość publikacyjną. Swoją wiedzę w tym zakresie, Pan Doktor wykorzystał m.in. w pracy opublikowanej w prestiżowym czasopiśmie *Nucleic Acids Research*, w której wraz ze współpracownikami określił udział helikazy HEN2 (HUA ENHANCER 2) w procesie akumulacji transkryptów prekursorowych miRNA u *Arabidopsis thaliana* (<https://doi.org/10.1093/nar/gkaa373>). Badania zespołu dowiodły, że 44 z 53 transkryptów prekursorowych uległo akumulacji w mutantach w genie *hen2*. Dalsze analizy wskazały, że akumulacji ulegają również produkty uboczne dojrzewania, odpowiadające regionom 5' lub 3' dojrzałych sekwencji miRNA. Dane te potwierdzają wniosek, że kompleks NEXT (z ang. Nuclear EXosome Targeting), w skład którego wchodzi białko HEN2, przyczynia się do degradacji produktów ubocznych procesu dojrzewania miRNA i pomaga w eliminacji nadmiaru form prekursorowych. Co więcej, wykazano, że z kompleksem NEXT podczas

degradacji pri-miRNA oddziałuje białko SE, dotąd kojarzone głównie z kompleksem Mikroprocesora i etapem dojrzewania i przetwarzania cząsteczek miRNA. Jest to kolejne ważne odkrycie przybliżające nas do pełnego zrozumienia skomplikowanego mechanizmu biogenezy cząsteczek miRNA.

Kolejnych ciekawych wyników dostarczyło wykonanie przez Habilitanta analogicznej analizy w pracy opublikowanej w 2022 roku, w czasopiśmie *Frontiers in Plant Science* (<https://doi.org/10.3389/fpls.2022.950796>). Celem tej pracy było zbadanie odpowiedzi jęczmienia (*Hordeum vulgare*) na warunki nadmiaru azotu, w szczególności w obrębie korzeni, na podstawie zmian na poziomie transkryptomu. Wyniki badania wykazały, że czynnik transkrypcyjny HvMADS27 reguluje architekturę korzeni *Hordeum vulgare* w warunkach stresu spowodowanego nadmierną ilością azotu poprzez regulację poziomu kwasu abscysynowego (ABA). Jest to kolejne ważne odkrycie, albowiem dostarczyło ono nowych spostrzeżeń na temat reakcji korzeni *Hordeum vulgare* na nadmiar azotu i stanowi ono zachętę do dalszych badań nad mechanizmem reakcji zbóż na nadmierne nawożenie. Ponadto wyniki wykonanych badań, determinują geny docelowe dla dalszych prac na nowych odmianach roślin odpornych na nadmiar azotu i lepiej przystosowanych do panujących warunków.

Jak wynika z załączonego w materiałach Wykazu Osiągnięć, Pan dr Bielewicz brał także udział w pracach dotyczących badania poziomu ekspresji cząsteczek miRNA z wykorzystaniem techniki Northern blot oraz RT-qPCR, poziomu ekspresji białek z użyciem metody Western blot oraz w pracach polegających na konstruowaniu licznych transgenicznych linii *Arabidopsis thaliana*. Co prawda opisy udziału Habilitanta w poszczególnych opublikowanych artykułach są bardzo oszczędne w słowach, aczkolwiek wynikająca z nich informacja jest dość precyzyjna i na jej podstawie można określić zaangażowanie Pana Doktora w powstanie poszczególnych prac z Jego dorobku.

Oprócz opublikowanych artykułów naukowych, na uwagę zasługują także cztery, prowadzone przez Habilitanta w roli kierownika, projekty badawcze. Ich tematyka obejmuje analizę białek uczestniczących w procesie biogenezy cząsteczek miRNA (takich jak np. HYL1, DRB3 oraz DRB5), na modelu *Arabidopsis thaliana* i jest ściśle związana z przedstawionym do oceny cyklem powiązanych artykułów. Trzy z tych projektów zostały zakończone z sukcesem, albowiem wyniki przeprowadzonych badań zostały opublikowane w uznanych czasopismach naukowych. Ostatni wskazany projekt (Opus NCN; nr 2022/45/B/NZ1/01273) jest jeszcze w trakcie realizacji. Rezultatem ukończonego projektu finansowanego z konkursu Preludium NCN (nr 2011/03/N/NZ2/03147) są 3 publikacje naukowe. Podobnie, 3 artykuły są wynikiem realizacji prac badawczych przeprowadzonych w ramach projektu Sonata NCN (nr

2016/23/D/NZ1/00152). Z kolei 1 praca jest efektem projektu uzyskanego w konkursie Etiuda NCN (nr 2013/08/T/NZ2/00016). Świadczy to niewątpliwie o dobrej organizacji pracy przez Habilitanta, o umiejętności współpracy z ludźmi i sprawnym zarządzaniu i kierowaniu zaplanowanymi pracami badawczymi. Jest to również oznaka gotowości Habilitanta do rozpoczęcia pracy jako samodzielny pracownik naukowy.

W mojej ostatecznej ocenie pod uwagę wzięłam, osiągnięcia uzyskane zarówno w czterech pracach wchodzących w skład cyklu tematycznie powiązanych artykułów, jak również bogaty dorobek Habilitanta i Jego osiągnięcia naukowe uzyskane poza zgłoszonym do oceny głównym osiągnięciem.

Ostatecznie, po wnikliwych rozważaniach uznałam, że zgodnie z wymogiem zapisanym w art. 219 ust.1 pkt 2, Pan dr Dawid Bielewicz **posiada** w swoim dorobku osiągnięcia naukowe stanowiące znaczny wkład w rozwój dyscypliny nauki biologiczne.

II. Omówienie aktywności naukowej Habilitanta realizowanej w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej, w szczególności zagranicznej

Analizując aktywność naukową Habilitanta na innych uczelniach, najwyżej oceniam kilkumiesięczny staż naukowy, który dr Bielewicz odbył na Uniwersytecie w Bazylei dołączając do grupy dr Franck'a Vazquez'a (Department of Environmental Sciences), specjalizującego się w badaniach nad rolą cząsteczek miRNA i siRNA w rozwoju *Arabidopsis thaliana*. Współpraca ta zaowocowała artykułem naukowym opublikowanym w czasopiśmie *PloS One* (<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0095972>), w którym autorzy wykazali, że utrata funkcji miRNA miR393 prowadzi do szeregu nieoczekiwanych zmian w zależnym od auksyn szlaku przekazywania sygnału i zwiększa podstawowy poziom ekspresji genów *AUX/IAA* i podstawowy poziom akumulacji białek *AUX/IAA*. Tym samym, dowiedziono, że cząsteczka miR393 stanowi istotny element tego systemu sygnałowego. Dr Bielewicz był osobiście zaangażowany w badanie wpływu mutacji w genach *miR393 a i b* na fizjologiczne i molekularne zmiany u roślin.

Istotnymi rezultatami naukowymi zakończył się również pobyt Habilitanta w Szwecji, w Umea Plant Science Center (UPSC), w grupie dr Petera Kindgrena. Wyjazd został zrealizowany w ramach projektu „Mobilność” z programu Inicjatywa Doskonałości Uczelnia Badawcza UAM. Podczas pobytu, Habilitant wykonywał liczne analizy bioinformatyczne w projekcie dr Petera Kindgrena. W efekcie tych prac powstał manuskrypt, w którym autorzy wskazują, że enzym MTA może odgrywać istotną rolę w procesie aklimatyzacji do warunków chłodu u *Arabidopsis thaliana* i pełnić istotną rolę na etapie elongacji przez polimerazę RNA

II wybranych transkryptów, które odgrywają kluczową rolę w odpowiedzi roślin na stres wywołany niską temperaturą. Jest to niewątpliwie istotny krok ku poznaniu także innych funkcji białka MTA, które kojarzone jest głównie z procesem metylacji. Manuskrypt zawierający wyniki tych analiz jest aktualnie zdeponowany w bazie BioRxive (<https://doi.org/10.1101/2023.05.10.540235>), w oczekiwaniu na opublikowanie.

Niezwykłe obiecująco zapowiada się również współpraca Habilitanta z grupą dr Cecile Bousquet-Antonelli z Uniwersytetu w Perpignan (Francja). Współpraca rozpoczęła się w 2020 roku od 3-miesięcznego stażu w ramach projektu EMBO Scientific Exchange Grants i obecnie jest kontynuowana w zaprzyjaźnionym zespole prowadzonym przez dr Dominique'a Gagliardi z Uniwersytetu w Strasburgu, w ramach rocznego programu im. Mieczysława Bekkera Narodowej Agencji Wymiany Akademickiej (NAWA).

Oprócz powyższego, Habilitant odbył również 11-miesięczny staż podoktorski na Uniwersytecie w Bielefeld w Niemczech, w grupie prof. Dorothee Staiger, w latach 2015-2016.

Biorąc powyższe pod wnikliwą analizę, z przekonaniem stwierdzam, iż dr Dawid Bielewicz w swej dotychczasowej karierze realizował się naukowo nie tylko w macierzystej jednostce, którą jest Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, ale również na licznych uczelniach zagranicznych. Jednocześnie ze względu na fakt, iż wynikiem współpracy Habilitanta z wybitnymi naukowcami z zagranicznych grup badawczych są wspólne publikacje naukowe, oceniam aktywność Habilitanta realizowaną w wymienionych powyżej ośrodkach za **bardzo istotną**.

Wniosek końcowy

Podsumowując przedstawione mi do oceny osiągnięcia Pana dr Dawida Bielewicza stwierdzam, że:

- uzyskał on stopień doktora nauk biologicznych w 2015 roku,
- posiada w swoim dorobku osiągnięcia naukowe stanowiące znaczny wkład w rozwój dyscypliny nauki biologiczne, z których główne stanowi cykl czterech powiązanych tematycznie artykułów naukowych, opublikowanych w czasopiśmie naukowych ujętych w wykazie sporządzonym zgodnie z przepisami wydanymi na podstawie art. 267 ust. 2 pkt 2 lit. b, ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. – Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2024 r. poz. 1571 ze zm.),

- wykazał się istotną aktywnością naukową realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej i były to instytucje zagraniczne.

Biorąc powyższe pod uwagę uznaję, że przedstawione osiągnięcia Habilitanta spełniają kryteria określone w art. 219 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. – Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2024 r. poz. 1571 ze zm.), oceniam je **pozytywnie** i popieram wniosek o nadanie Panu dr Dawidowi Bielewiczowi stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne.

Z poważaniem,

Bożena Nejman-Faleńczyk