



RECENZJA

osiągnięcia naukowego, pt.: „**Nowe mechanizmy regulacji biogenezy mikroRNA *Arabidopsis thaliana***” stanowiącego podstawę wniosku o nadanie stopnia doktora habilitowanego oraz istotnej aktywności naukową realizowanej w więcej niż jednej uczelni (instytucji naukowej) i dorobku naukowo-badawczego, organizacyjnego i dydaktycznego

Doświadczenie naukowe oraz przebieg pracy zawodowej

Pan dr Dawid Bielewicz ukończył studia na Uniwersytecie im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii. W 2007 roku obronił pracę licencjacką (specjalizacja biologia molekularna), w 2009 roku otrzymał tytuł magistra w zakresie biologii molekularnej. 2015 rok to czas obrony pracy doktorskiej, pt.: ‘Transkrypcyjna i potranskrypcyjna regulacja biogenezy mikroRNA u *Arabidopsis thaliana*’ na bazie, której otrzymał stopień doktora w dziedzinie biotechnologii; realizacja zadań w obrębie doktoratu została wykonana w zakresie Międzynarodowego Programu Doktoranckiego (FNP) w dwóch jednostkach: Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu i Uniwersytet w Bazylei. Kandydat zdobył doświadczenie naukowe i zawodowe zarówno w Polsce, jak i za granicą. Obecnie Kandydat pracuje na etacie adiunkta w Centrum Zaawansowanych Technologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, w Poznaniu. W latach 2016-2020, Kandydat pracował jako adiunkt na Wydziale Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, oraz w latach 2015-2016 odbył staż podoktorski na Uniwersytecie Bielefeld, Wydział Biologii, w Niemczech.

Podsumowując, rozwój naukowy oraz ścieżka zawodowa Pana dr Dawida Bielewicza są ściśle związane z ośrodkami akademickimi; Kandydat konsekwentnie realizował zadania w tematyce biologii molekularnej i funkcjonalnej roślin. Należy podkreślić, że Kandydat posiada doświadczenie zdobyte w renomowanych polskich instytucjach naukowych, a także rozwijał swoje kompetencje naukowe w zagranicznym ośrodku badawczym, co stanowi ważny i zarazem nieodzowny element doskonalenia zawodowego każdego pracownika nauki w zakresie budowania profesjonalnego warsztatu badawczego.

Ogólna ocena dorobku naukowego

Dorobek naukowy Kandydata rozpatrując opracowania naukowe przedstawione w załączonych dokumentach to 26 publikacji naukowych indeksowanych na liście *Journal Citation Reports* (JRC). Sumaryczny 'Impact Factor - IF' w dziedzinie i dyscyplinie, w której Kandydat prowadzi badania wynosi 85,28; indeks $h=16$ (Scopus); całkowita liczba cytowań wynosi 1109 (Scopus). Zwracając uwagę na wartości parametryczne osiągnięcia naukowego na przestrzeni 2013-2023 lat, dorobek naukowy Habilitanta jest bardzo dobry, nie tylko biorąc pod uwagę same wskaźniki, ale co należy zaznaczyć, udział publikacji naukowych, które ukazały się w prestiżowych czasopismach naukowych, a liczne cytowania wskazują, że poczynione odkrycia zostały bardzo pozytywnie przyjęte przez społeczność naukową.



Ocena osiągnięcia naukowego: „Nowe mechanizmy regulacji biogenezy mikroRNA *Arabidopsis thaliana*”

Zaprezentowane osiągnięcie naukowe Kandydata zawiera cztery publikacje, które ukazały się w prestiżowych czasopismach naukowych. W związku z nieścisłościami w załączonych dokumentach oraz biorąc pod uwagę zamieszczone dodatkowe informacje uzupełniające, do oceny dorobku Kandydata zostały wzięte następujące publikacje:

w tym:

- Plant Cell	(2022) IF ₂₀₂₃	= 11,6	MNiSW: 200
- Frontiers in Plant Science	(2018) IF ₂₀₂₃	= 5,6	MNiSW: 140
- PNAS	(2020) IF ₂₀₂₃	= 11,1	MNiSW: 200
- Plant and Cell Physiology	(2023) IF ₂₀₂₃	= 4,9	MNiSW: 140

Podsumowując: sumaryczny IF - 33,2 uwzględniając rok 2023; ilość punktów MNiSW – 680. Dorobek naukowy „osiągnięcia” pod względem wskaźników parametrycznych nie budzi zastrzeżeń.

Tematyka badawcza dr Dawida Bielewicza skupia się na szeroko pojętej biologii mikroRNA (miRNA), które odgrywają kluczową rolę w regulacji ekspresji genów w komórkach eukariotycznych, w tym roślinnych. Należy podkreślić, że miRNA, są odpowiedzialne za potranskrypcyjną regulację ekspresji genów, kształtując rozwój organów, merystemów oraz reakcję rośliny na bodźce środowiskowe. Na uwagę zasługuje fakt, że ich fundamentalne znaczenie w biologii zostało podkreślone przyznaniem Nagrody Nobla w 2024 dla Victora Ambrosa i Gary’ego Ruvkuna za odkrycie miRNA. W swoich pracach Kandydat skupił się przede wszystkim na mechanizmach związanych z dojrzewaniem miRNA, tj. jak powstają te krótkie fragmenty nukleotydowe z pierwotnych transkryptów syntetyzowanych przez polimerazę RNA II (Pol II), zwracając uwagę na wieloetapowe procesy realizowane przez białkowy kompleks mikroprocesora, będący głównym narzędziem w obróbce pierwotnych transkryptów - pri-miRNA.

Pierwsza praca wchodząca w zakres osiągnięcia naukowego Kandydata (biorąc pod uwagę korektę) ukazała się w bardzo prestiżowym czasopiśmie, *Plant Cell*, w 2022 roku, pt.: ‘*Chromatin-associated microprocessor assembly is regulated by the U1 snRNP auxiliary protein PRP40*’ autorstwa: Agata Stępień, Jakub Dolata, Tomasz Gulanicz, Dawid Bielewicz, Mateusz Bajczyk, Dariusz Smoliński, Zofia Szweykowska-Kulińska, Artur Jarmołowski. Zaprezentowane badania skierowane są na wyjaśnienie wczesnych etapów biogenezy miRNA, już podczas transkrypcji genów MIR. Autorzy, przede wszystkim, skupili swoją uwagę na białku AtPRP40, będącym elementem kompleksu U1 snRNP, w celu opisanie jego roli we wczesnych etapach biogenezy miRNA. Jako układ modelowy, w pracy zastosowano szeroki zestaw mutantów *Arabidopsis*, a przede wszystkim tzw. mutanty podwójne *prp40a* i *prp40b* (*prp40ab*), które pozbawione były genów dla dwóch izoform tego białka, A/B. Autorzy wykorzystali wiele technik analitycznych, począwszy od ‘proximity ligation assay’, poprzez wykorzystanie autorskiej platformy analitycznej mirEX 2.0 do analizy jakościowej i ilościowej pri-miRNA, ChIP-seq wraz z



analizami transkryptomicznymi, 'pull-down assay', czy wykorzystując reporterowe układy genetyczne do analiz sekwencji promotorowych z wybranych genów MIR. Otrzymane wyniki wskazały, że AtPRP40 może pełnić rolę łącznika między Pol II a kompleksem Mikroprocesora, umożliwiając rekrutację białek SE i DCL1 do syntetyzowanych pierwotnych transkryptów pri-miRNA. Autorzy wnioskują, że efektywne złożenie kompleksu stymulowane przez AtPRP40 zapewnia wydajną syntezę i dojrzewanie miRNA, a tym samym właściwy poziom miRNA w komórce roślinnej. Autorzy wskazali, że białko AtPRP40 może stanowić nowy, jeden z kluczowych elementów wiążących proces transkrypcji z dojrzewaniem miRNA w roślinach. Habilitant w przetrawionej publikacji jest jednym z wykonawców, znacząco kontrybuując w zakresie przygotowania bibliotek do analizy NGS małych RNA, włączając w to analizę bioinformatyczną otrzymanych danych; ponadto, uczestniczył w redagowaniu fragmentów manuskryptu, co wskazuje na znaczący udział Kandydata w realizacji projektu naukowego.

Kolejne zaprezentowane osiągnięcie, to wieloautorska praca przeglądowa: Jakub Dolata, Michał Taube, Mateusz Bajczyk, Artur Jarmolowski, Zofia Szweykowska-Kulinska i Dawid Bielewicz, zatytułowana: '*Regulation of Plant Microprocessor Function in Shaping microRNA Landscape*', która ukazała się w uznanym czasopiśmie naukowym, *Frontiers in Plant Science*, 2018r. Należy wskazać, że Habilitant jest osobą wiodącą w przygotowaniu opracowania, koordynując przygotowanie tekstu, na wszystkich etapach jego realizacji. Praca skupia się na tematyce procesowania miRNA za pośrednictwem kompleksu mikroprocesora, który jest odpowiedzialny za dojrzewanie prekursorów miRNA. Autorzy opisują budowę kompleksu w *Arabidopsis*, wskazując na poszczególne składowe jak: nukleaza Dicer-Like 1 (DCL1), białko Serrate (SE) i dwuniciowy RNA-binder Hyponastic Leaves 1 (HYL1), charakteryzując ich współdziałanie w jądrowych 'Dicing bodies'. Kolejna część pracy przedstawia ważny aspekt dystrybucji białek w komórce wskazując, że import HYL1 do jądra wymaga importyny KETCH1, a jego stabilność w cytozolu zależy od białka COP1 w sposób zależny od światła. MOS2, Elongator oraz NOT2a/b i podjednostki kompleksu uczestniczą w tworzeniu D-bodies i koordynują transkrypcję genów MIR wraz z ich dojrzewaniem. Najobszerniej omówiono modulację aktywności poprzez modyfikacje potranslacyjne, a przede wszystkim fosforylację, wskazując na takie kinazy jak MPK3 oraz kinazy SnRK2.2/2.3/2.6 modyfikujące białko HYL1, wskazano także na ukierunkowaną defosforylację, za pośrednictwem fosfatazy CPL1 oraz kompleks PP4/SMEK1. Na szczególną uwagę zasługuje fakt, iż Autorzy nie ograniczyli się do klasycznego przeglądu literatury, ale także przeprowadzili analizy *in silico*, opisując, że fosforylacja reszty seryny w pozycji S42 i S159 osłabia wiązanie oddziaływanie białka HYL1 z RNA, co może przekładać się na obniżoną aktywność w procesowaniu miRNA; analizy te stanowią ciekawą wartość dodaną w pracy, znacząco wykraczając poza typowe przygotowanie prac przeglądowych. W końcowej części pracy, Autorzy opisują mechanizm regulatorowy, który należą do tzw. negatywnego sprzężenia zwrotnego, utrzymując właściwy poziom kompleksu w komórce roślinnej, a tym samym roślina może dostosować globalny poziom miRNA do zmian środowiskowych, m.in. światła, stresu osmotycznego i sygnalizacji ABA. Podsumowując, Habilitant przedstawił spójny obraz, pokazujący mechanizmy regulacji kompleksu mikroprocesora, wskazując na wieloetapowy proces, który obejmuje kontrolę lokalizacji białek, zjawisko fosforylacji-



defosforylacji oraz sprzężenie zwrotne z udziałem specyficznym miRNA, co pozwala roślinom dostosowywać poziom miRNA, a tym samym jest kluczowe dla prawidłowego rozwoju i odpowiedzi na czynniki stresowe. Co ważne, Autorzy wskazują, że zaburzenie któregokolwiek z omówionych mechanizmów prowadzi do wad morfologicznych i obniża tolerancję rośliny na stres, jednocześnie akcentując zakresy badań, które mogą przyczynić się do poprawy wydajności i odporności upraw.

Kolejna zamieszczona publikacja, stanowiąca osiągnięcie naukowe Kandydata, to opracowanie, które zostało opublikowane na łamach bardzo prestiżowego czasopisma, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, pt.: '*mRNA adenosine methylase (MTA) deposits m6A on pri-miRNAs to modulate miRNA biogenesis in Arabidopsis thaliana*' autorstwa, Susheel Sagar Bhat, Dawid Bielewicz, Tomasz Gulanicz, Zsuzsanna Bodi, Xiang Yu, Stephen J. Anderson, Lukasz Szewc, Mateusz Bajczyk, Jakub Dolata, Natalia Grzelaka, Dariusz J. Smolinski, Brian D. Gregory, Rupert G. Fray, Artur Jarmolowski, Zofia Szweykowska-Kulinska. Publikacja prezentuje wyniki prac badawczych, których celem było opisanie funkcji metylacji adenozyiny w biogenezie miRNA. W pierwszym etapie badań, stosując techniki NGS, oraz mutant Arabidopsis pozbawiony białka MTA (metylaza adenozyiny mRNA) wykazano, że w roślinie pozbawionej białka MTA, notowany jest znaczący spadek dojrzałych cząsteczek miRNA w porównaniu do roślin typu dzikiego. To z kolei skłoniło Autorów do zadania pytania, co jest tego przyczyną. Odpowiedź na to pytanie przyniosła analiza z wykorzystaniem autorskiej platformy analitycznej mirEX2. Analiza pozwoliła na wskazanie szeregu par pri-miRNA/miRNA charakteryzujących się wyższym poziomem pri-miRNA i niższym poziomem miRNA, przy braku białka MTA, wskazując jednoznacznie na zaburzenie w dojrzewaniu pri-miRNA. Co ważne, analizy techniką m6A-IP-seq pokazały, że w mutancie mta, występuje obniżona metylacja transkryptów dla genów MIR. Kontynuując wątek funkcji białka MTA, Autorzy wykazali, że miRNA, które posiadają zmodyfikowaną zasadę m6A są wzbogacone w badane białko, wskazując, że metylacja miRNA jest powiązana bezpośrednio z fizycznym oddziaływaniem białka MTA z miRNA. Dalsze działania Autorów, w bardzo aktywnym wsparciu Kandydata, to konsekwentne prace w celu wyjaśnienia, jak metylacja może wpływać na dojrzewanie pri-miRNA. W celu wyjaśnienia tej kwestii, Autorzy wykonali analizy PIP-seq wykorzystując zaadoptowany układ analityczny, tj. rośliny typu dzikiego i mutanty mta, wykazując, że brak metylacji zmienia strukturę pri-miRNA w obrębie fragmentu dwuniciowego, rozluźniając interakcje między dwoma naciągami RNA. Co ważne, Autorzy wyizolowali kompleksu HYL1/RNA, i pokazali, że przy braku białka MTA a tym samym metylacji RNA, białko HYL1 słabiej wiąże się do pri-miRNA co może upośledzać dojrzewanie. W dalszej kolejności, prace badawcze realizowane przez grupę badawczą wskazały, że białko oddziałuje z polimerazą RNA II w jądrze komórkowym, co sugeruje, że proces modyfikacji pri-miRNA może zachodzić kotranskrypcyjnie. Dalsze analizy wykonane przez Habilitanta, to ciekawy zestaw eksperymentów, opracowany przez Autora, które wskazały, że metylacja pri-miR393b jest niezbędna do jego właściwej obróbki, czego wyrazem jest zaobserwowany i dobrze udokumentowany fenotyp roślin pozbawionych białka MTA, tj. zmniejszoną odpowiedź na auksynę. W celu potwierdzenia otrzymanych danych, w dalszym, kroku Autor opracował system eksperymentalny, na bazie przejściowej ekspresji w roślinach *Nicotiana benthamiana*, białka



MTA lub jego formy nieaktywnej w kontekście ekspresji pri-miR393b, wykazując, że metylacja jest niezbędna do dojrzewania pri-miR393b, a to warunkuje właściwą odpowiedź roślin na auksyny. Podsumowując, Habilitant działając w obrębie doskonale zorganizowanej grupy badawczej wykazał, że metylacja miRNA za pośrednictwem białka MTA jest kluczowa do zapewnienia właściwego przebiegu biogenezy pri-miRNA, czy to na wczesnym etapie transkrypcji jak i na etapie obróbki za pośrednictwem mikroprocesora. Należy podkreślić, że Kandydat posiada duży wkład w realizację większości zadań, poczynając od analiz bioinformatycznych, zaprojektował i wykonał eksperyment auksynowy, oraz posiada znaczący udział w przygotowaniu manuskryptu. Co ważne, nadzorował prace Susheela Sagara Bhata jako promotor pomocniczy, co podkreśla Jego wkład nie tylko w realizację zadania badawczego, ale także udział w kształceniu młodej kadry naukowej.

Czwarta praca jako została zamieszczona w osiągnięciu to opracowanie, pt.: *'Hyponastic Leaves 1 Interacts with RNA Pol II to ensure proper transcription of microRNA genes'* opublikowana w uznanym czasopiśmie *Plant and Cell Physiology* wydawanym przez prestiżową oficynę wydawniczą *Oxford University Press*, autorstwa: Dawid Bielewicz, Jakub Dolata, Mateusz Bajczyk, Lukasz Szewc, Tomasz Gulanicz, Susheel S Bhat, Anna Karlik, Monika Jozwiak, Artur Jarmolowski, Zofia Szweykowska-Kulinska. W zamieszczonej publikacji Habilitant skupił się na eksploracji funkcji białka HYL1 (DRB1), zwracając uwagę na aktywność wykraczającą poza znaną rolę, tj. udział w dojrzewaniu miRNA. Kandydat, działając we współpracy z innymi członkami zespołu przeprowadził bardzo szeroko zakrojone prace badawcze, wykorzystując bogaty zestaw narzędzi analitycznych. I tak, zastosował duży zestaw mutantów, jak na przykład mutanty hyl1-2 wraz z układami reporterowi GUS, co pozwoliło na wskazanie, że brak białka HYL1 obniża aktywność promotorów MIR393A/B w liniach z reporterem GUS i pokazuje, że HYL1 może działać jako pozytywny regulator transkrypcji genów MIR. Ponadto, analizy ChIP-seq i ChIP-qPCR potwierdziły wiązanie białko HYL1 do promotorów wielu genów MIR oraz szeregu genów kodujących białka sugerując, że HYL1 może działać jako czynnik wspomagający inicjację transkrypcji za pośrednictwem Pol II. Przeprowadzone, analizy proteomiczne ujawniły fizyczną interakcję HYL1 z licznymi czynnikami transkrypcyjnymi, w tym z represorami rodziny TOPLESS i białkiem CDC5, co rozszerza sieć potencjalnych oddziaływań regulacyjnych w zakresie transkrypcji i potwierdza udział badanego białko w tym procesie. Dodatkowo, analizy RNA-seq wykazały, że w mutantach hyl1 ekspresja 2,231 genów ulega zmianie, przy czym 654 geny, głównie związane z organizacją plastydów, ulegają represji. Zaangażowanie białka HYL1 w regulację transkrypcji potwierdzają także analizy kolokalizacyjne, w które wskazały, że białko HYL1 znajduje się w bliskim sąsiedztwie z polimerazą RNA II, włączając w to inicjację transkrypcji czy etap elongacji transkrypcji. Habilitant zbadał także, funkcję fosforylacji białko HYL1, rozpatrując takie miejsca jak reszty serynowe, S42 i S159. Wykorzystując mutanty S/A czy S/D, pokazano, że tzw. forma fosfo-mimetyczna ulega interakcji z Pol II, a tym samym może uczestniczyć w regulacji transkrypcji, zaś forma defosfo-mimetyczna nie ulega takowej interakcji, a tym samym może wspierać dojrzewanie pri-miRNA. Podsumowując, Autor zaproponował model działania białka HYL1, integrując procesy transkrypcyjne z biogenezą miRNA, umieszczając badane białko jako istotny regulator transkrypcji genów regulujących biologię



plastydów. Należy zaznaczyć, że Kandydat posiada kluczowy wkład w realizację projektu, w tym opracował koncepcję pracy, wykonał większości eksperymentów, przeprowadził interpretację wyników, przygotował rysunki oraz zrealizował cały proces pisania publikacji wraz z opracowaniem uwag dla recenzentów.

Podsumowując, osiągnięcie Pana dr Dawida Bielewicz to cztery prace naukowe, w tym trzy mają charakter prac prezentujących wyniki eksperymentalne, jedna to opracowanie przeglądowe. Realizowane prace badawcze przez Habilitanta charakteryzują się spójną tematyką badawczą, a Habilitant wniósł znaczący wkład w poznanie mechanizmów molekularnych rządzących biogenezą miRNA u roślin; w tym wykazał, że białko AtPRP40, składnik kompleksu U1 snRNP, odgrywa kluczową rolę w harmonizowaniu działania Pol II z mikroprocesorem, co jest niezbędne do precyzyjnego dostrojenia dojrzewania pri-miRNA. Co ważne, na bazie dobrze ugruntowanej wiedzy oraz czerpiąc z zasobów doskonale osadzonej w tematyce grupy badawczej, w pracy przeglądowej opracował model działania kompleksu mikroprocesora, nie tylko przedstawiając dane literaturowe, ale połączył je z analizami *in silico*. Następnie, w jednej z kluczowych prac wskazał, że metylotransferaza MTA modyfikuje pri-miRNA w formie m6A i modyfikacja ta jest kluczowa w dojrzewaniu miRNA. Ponadto, Habilitant badając białko HYL1 wskazał, że może ono pełnić dodatkową rolę w procesie transkrypcji wskazując, że fosfo-HYL1 wiąże Pol II i aktywuje promotory MIR, a defosfo-HYL1 jest składnikiem mikroprocesora, łącząc etap transkrypcji i dojrzewania miRNA. Biorąc pod uwagę warsztat badawczy Kandydata, należy wskazać, że obejmuje on szeroki wachlarz technik analitycznych, włączając w to takie techniki jak systemy reporterowe GUS, PLA, ChIP-seq, RNA-seq, m6A-IP-seq, PIP-seq, proteomikę, modelowanie strukturalne oraz wykorzystanie autorskiej platformy mirEX 2.0 do analiz miRNA. Habilitant łączy klasyczne podejście badawcze wykorzystujące techniki biologii molekularnej z nowoczesnym multi-omics, tworząc zintegrowane i dedykowane systemy analityczne.

Ocena istotnej aktywności naukową realizowanej w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej

Dr Dawid Bielewicz od początku kariery łączy badania prowadzone w macierzystym Uniwersytecie im. Adama Mickiewicza w Poznaniu z ośrodkami naukowymi w Polsce jak i za granicą. Już podczas studiów doktoranckich na UAM w Poznaniu w 2014 roku, w ramach projektu Etiuda, odbył 6 miesięczny staż na University of Basel, Botanical Institute. Podczas tego pobytu uczestniczył w badaniach grupy dr Franck'a Vazquez'a, a efekty tej współpracy zostały opublikowane w czasopiśmie PlosOne (2014), '*miR393 is required for production of proper auxin signalling outputs*', David Windels, Dawid Bielewicz, Miryam Ebner, Artur Jarmolowski, Zofia Szwejkowska-Kulinska, Franck Vazquez. Następnie w latach 2015-2016 odbył 11-miesięczny staż podoktorski na Uniwersytecie Bielefeld, Faculty of Biology w Niemczech realizując badania wraz z grupą prof. Dorothee Staiger. Ponadto w ramach projektu EMBO Scientific Exchange Grants w roku 2020, podczas 3 miesięcznego pobytu na University of Perpignan, The Plant Genome and Development Laboratories, współpracował z grupą badawczą dr Cecile Bousquet-Antonelli. Dr Dawid Bielewicz uczestniczył także w projekcie „Mobilność” w ramach programu Inicjatywa Doskonałości Uczelnia Badawcza realizowanego przez UAM. Dzięki temu w 2022 roku podczas



miesięcznego pobytu w Umea Plant Science Center uczestniczył w badaniach grupy dr Peter'a Kindgren'a, gdzie wykorzystał swoje kompetencje w zakresie analiz bioinformatycznych a manuskrypt zawierający wyniki tych analiz został zdeponowany w bazie BioRxive, '*MTA influences RNA Polymerase II transcription dynamics and regulates the cold response in Arabidopsis*', Susheel Sagar Bhat, Dawid Bielewicz, Peter Kindgren. W kolejnym roku także w ramach projektu "Mobilność", podczas miesięcznego pobytu współpracował z grupą badawczą prof. Andre Verdel'a w Institute for Advanced Biosciences in Grenoble. Obecnie, od lipca 2024 roku, w ramach stypendium z NAWA, Dr Dawid Bielewicz odbył 3-miesięczny staż na Uniwersytecie w Perpignan (grupa Cecile Bousquet-Antonelli) we Francji, a stypendium to kontynuowane jest w Instytucie Biologii Molekularnej Roślin (IBMP) w Strasburgu, gdzie uczestniczy w badaniach grupy Dominique'a Gagliardi. Doświadczenie bardzo dobre, wskazujące na bardzo wysoka aktywność Habilitanta.

Ocena dodatkowej aktywności naukowej, działalności organizacyjnej i dydaktycznej

Dr Dawid Bielewicz zgromadził znaczący dorobek uzupełniający, w formie ponad 20 publikacji naukowych, nieuwzględnionych w zgłoszonym osiągnięciu podstawowym. Dorobek ten obejmuje prace zarówno eksperymentalne, jak i przeglądowe, o szerokim zasięgu tematycznym dziedzinie biologii roślin (m. in.: *BMC Plant Biol*, *Front Plant Sci*, *PLoS One*, *Plant Biotechnol J.*, *EMBO Reports*, *Frontiers in Plant Science*, *Journal of Plant Physiology*, *Nucleic Acids Research*, *Gene*, *Trends Plant Sci.*, *BMC Genomics* i wiele innych), co świadczący o długofalowym, konsekwentnym rozwoju badawczym oraz o pozycji rozpoznawalnego eksperta w dziedzinie biologii roślin. Liczba i jakość publikacji, wkład w rozwój metod badawczych oraz aktywność redakcyjna w renomowanych periodykach naukowych jednoznacznie dowodzą, że Kandydat posiada ugruntowaną pozycję eksperta i cennego partnera w projektach badawczych o zasięgu międzynarodowym. Na szczególną uwagę zasługuje udział Habilitanta w wielu projektach badawczych w roli wykonawcy, a co najważniejsze kierownika projektów; i tak: trzech projektach naukowych (przyznanych przez NCN - Opus i Maestro) uczestniczył jako wykonawca; co najważniejsze realizował własne projekty badawcze, sprawując bezpośredni nadzór jako kierownik grantów NCN: Preludium, Etiuda, Sonata oraz obecnie realizuje grant Opus. Doskonały dorobek, wskazujący na ogromne zaangażowanie w budowanie własnej przestrzeni naukowej i samodzielności w kierunku zdobywania funduszy na prace badawcze.

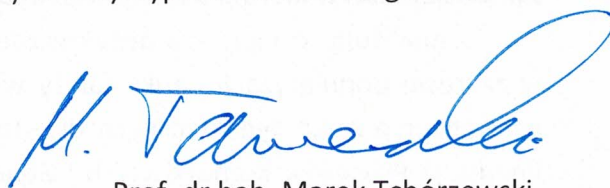
Analizując osiągnięcia dydaktyczne i organizacyjne dr. Dawida Bielewicza oraz aktywność w zakresie popularyzacji nauki należy wspomnieć, że od 2017 roku jest on zaangażowany w prowadzenie zajęć dydaktycznych dla studentów Wydziału Biologii UAM takich jak Biochemia, Regulacja Procesów Komórkowych i Genetyka Molekularna. Ponadto organizował w 2021 roku kurs dla doktorantów pt.: "Podstawy analizy danych sekwencjonowania NGS", a od roku akademickiego 2023/2024, był koordynatorem dwóch kursów na Wydziale Biologii UAM pt.: „Techniki analizy kwasów nukleinowych i białek” oraz „Wykorzystanie organizmów zmodyfikowanych genetycznie do celów produkcyjnych”. Warto nadmienić, że w roku akademickim 2022/2023 dr Dawid Bielewicz uczestniczył w pracach komisji zajmującej się opracowaniem nowego programu dla studentów biotechnologii, co zostało docenione nagrodą



zespołową Rektora UAM. Kandydat sprawuje także nadzór nad studentami studiów magisterskich, był promotorem 2 prac dyplomowych, a także promotorem pomocniczym pracy doktorskiej Susheel Sagar Bhat, której obrona odbyła się w 2020 roku. Ponadto jest obecnie opiekunem naukowym jednego doktoranta oraz w jego zespole pracuje jeden pracownik na pozycji 'postdoc' w ramach realizowanego grantu Opus. Należy także wskazać, że Habilitant jest aktywny na polu popularyzacji nauki, wprowadzając słuchaczy w tajniki podstawowych technik biologii molekularnej, na przykład był On autorem kursu dla uczniów szkół średnich w ramach corocznych "Dni Akademickich" organizowanych przez Wydział Biologii UAM oraz kursu przygotowawczego dla uczniów szkół średnich do ogólnopolskiej olimpiady biologicznej, a także prowadził wykłady i pokazy naukowe dla uczniów szkół średnich. Podsumowując: stwierdzam, że w zakresie dodatkowej działalności naukowej, organizacyjnej i dydaktycznej Pan dr Dawid Bielewicz posiada doskonały dorobek. Habilitant bardzo aktywnie uczestniczy w życiu naukowym, organizacyjnym i dydaktycznym macierzystej jednostki, a na szczególne wyróżnienie zasługuje fakt pozyskania licznych funduszy w formie grantów naukowych na prowadzenie prac badawczych.

Wniosek końcowy

Oceniając osiągnięcia naukowe stanowiące spójny tematycznie cykl czterech publikacji (uwzględniając korekty w zakresie kolejności oraz zamianę jednej publikacji), pt.: „Nowe mechanizmy regulacji biogenezy mikroRNA *Arabidopsis thaliana*” oraz biorąc pod uwagę aktywności naukową realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej, a także włączając w to opinię na temat dodatkowej aktywności naukowej, organizacyjnej i dydaktycznej Pana dr Dawida Bielewicza, stwierdzam że zrealizowane prace badawcze Habilitanta wnoszą istotny wkład w rozwój dziedziny naukowej z zakresu biologii roślin oraz jest On bardzo aktywny na polu współpracy międzynarodowej, działalności organizacyjnej i dydaktycznej. W związku z powyższym stwierdzam, że zgodnie z ustawą z dnia 20 lipca 2020 roku (Dz. U. z 2020 r. poz. 85 ze zm.) Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce, osiągnięcie Pana dr Dawida Bielewicza odpowiada wymaganiom określonym w art. 219 ust. 1 pkt 1, 2 i 3 ustawy z dnia 20 lipca 2020 roku (Dz. U. z 2024 r., poz. 1571). Popieram wniosek Pana dr Dawida Bielewicza z dnia 07.11.2024 o nadanie stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne.



Prof. dr hab. Marek Tchórzewski

Lublin 2025-05-26

