

**Prof. dr hab. Jarosław Burczyk**  
Uniwersytet Kazimierza Wielkiego  
Wydział Nauk Biologicznych  
Katedra Genetyki  
ul. Chodkiewicza 30, 85-064 Bydgoszcz

Recenzja rozprawy doktorskiej pana **mgr. Sebastiana Chmielewskiego**

p.t. „Genomika doboru płciowego rozkruszka hiacyntowego, *Rhizoglyphus robini*”  
(tytuł w j. ang.: „The genomics of sexual selection in the bulb mite, *Rhizoglyphus robini*”)

wykonanej w Pracowni Biologii Ewolucyjnej, Instytut Biologii Środowiska,  
Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

pod opieką promotora prof. dr. hab. Jacka Radwana  
oraz promotora pomocniczego dr. Mateusza Konczala

Oceniana rozprawa doktorska przedstawia wyniki badań, których celem było poznanie podstaw mechanizmów doboru płciowego u rozkruszka hiacyntowego (*Rhizoglyphus robini*) w oparciu o analizy genomowe przeprowadzone u tego gatunku. Rozprawa została skomponowana w postaci trzech zasadniczych rozdziałów, gdzie każdy rozdział jest wieloautorskim opracowaniem w postaci manuskryptu artykułu naukowego napisanego w języku angielskim o strukturze typowej dla prac badawczych. Każda z prac stanowi rozwiązanie specyficznego problemu badawczego. Tym niemniej, prace te są powiązane ze sobą tematycznie.

Praca przedstawiona jako rozdział I to:

**Chmielewski, S.,** Konczal, M., Parrett, J. M., Rombauts, S., Dudek, K., Radwan, J., & Babik, W. (2024). Sex-specific recombination landscape in a species with holocentric chromosomes. Under review in *Genetics*. Praca ta dostępna jest obecnie w publicznym repozytorium preprintów: bioRxiv (<https://doi.org/10.1101/2024.04.15.589577>)

Praca z rozdziału II to:

**Chmielewski, S.,** Parrett, J.M., Konczal, M. & Radwan, J. (2024). The impact of sex ratio manipulation on genome-wide genetic diversity during experimental evolution. Unpublished manuscript.

Praca stanowiąca rozdział III to manuskrypt:

**Chmielewski, S.,** Konczal, M., Parrett, J.M. & Radwan, J. (2024). Supergene polymorphism and its role in male morph differentiation in the bulb mite, *Rhizoglyphus robini*. Unpublished manuscript.

Poza wymienionymi trzema rozdziałami, integralną częścią rozprawy jest streszczenie, w języku polskim i angielskim, wprowadzenie (ang.) przedstawiające kontekst przeprowadzonych badań oraz cele dysertacji, a także wnioski i perspektywy na przyszłość (ang.). Literatura cytowana we wprowadzeniu i rozdziałach została zestawiona łącznie i przedstawiona w końcowej części rozprawy. Rozprawa w przekazana do recenzji formie, łącznie ze spisem literatury (268 pozycji, na 25 stronach), liczy łącznie 123 strony. Do rozprawy dołączono oświadczenia doktoranta oraz współautorów dotyczące udziału oraz zakresu prac związanych z przygotowaniem poszczególnych rozdziałów. Oświadczenia doktoranta zostały potwierdzone podpisem promotora, prof. Jacka Radwana.

Jedynie w przypadku rozdziału I dowiadujemy się, że badania realizowano w ramach grantu NCN (2017/27/B/NZ8/00077), którego kierownikiem był Prof. Jacek Radwan. Można się domyślać, że udział doktoranta w opracowaniu projektu (ogólnej koncepcji badań) w chwili jego złożenia był prawdopodobnie niewielki (brak informacji na ten temat), jednak zakładam, że miał On znaczący udział w dopracowaniu szczegółów koncepcyjnych i metodycznych prac zwieńczonych napisaniem tego rozdziału. Poza wspomnianym projektem, badania zostały sfinansowane w ramach dwóch grantów przyznanych bezpośrednio doktorantowi. Sumaryczny udział doktoranta w opracowaniu trzech rozdziałów został oceniony przez niego na 80, 70 i 80 procent, co zostało pośrednio potwierdzone zarówno we wskazanych przez doktoranta zadaniach, jak i zadaniach deklarowanych przez współautorów. Odnotowałem jedynie brak deklaracji ze strony Stephane Rombauts i Katarzyny Dudek, dwojga współautorów rozdziału I. Tak wysoki udział w przeprowadzonych badaniach i opracowaniu publikacji, w mojej opinii upoważnia Doktoranta do przedstawienia wspomnianego wyżej cyklu manuskryptów jako rozprawy doktorskiej.

Po stwierdzeniu, iż w mojej opinii przedstawiona do oceny rozprawa spełnia wymogi formalne stawiane rozprawom doktorskim, chciałbym odnieść się do treści merytorycznych zawartych w rozprawie.

Na wstępie wypada stwierdzić, że badania nad biologią rozkruszka hiacyntowego prowadzone są przez prof. Radwana i jego zespół od lat 90-tych. XX wieku. Badania ujęte w niniejszej rozprawie należy zatem rozpatrywać jako chęć pogłębienia tej wiedzy, wykorzystując w tym celu najnowsze dostępne metody i narzędzia z zakresu genomiki, co jeszcze kilka lat temu było niemożliwe. Recenzowana rozprawa stanowi wręcz odpowiedź na wiele nurtujących pytań pojawiających się w wyniku prowadzonych wcześniej badań.

Trzeba również wspomnieć, że recenzowana rozprawa doktorska, nie jest jedynym przykładem zaangażowania Doktoranta w badania nad wspomnianym gatunkiem, bowiem jest również współautorem kilku innych publikacji poruszających tematykę doboru płciowego. Wymaga to od Doktoranta umiejętności wyodrębnienia tej części wiedzy, która może być podstawą do opracowania klarownie skomponowanej i spójnej rozprawy doktorskiej, w kontekście wiedzy, którą uzyskano we wcześniejszych badaniach. W mojej opinii, udało się to znakomicie.

Podstawowe cele rozprawy doktorskiej Doktorant sformułował we wprowadzeniu w sposób następujący:

- 1) Opracowanie genomu referencyjnego badanego gatunku w skali chromosomowej.
- 2) Czy komponenty doboru płciowego inne niż obecność orzęza prowadzą do efektywnego usuwania szkodliwych mutacji z populacji.
- 3) Zmapowanie regionów genomu powiązanego z ekspresją posiadania specyficznego orzęza, oraz zweryfikowanie, czy fenotyp samców determinowany jest przez wiele genów rozmieszczonych w różnych częściach genomu, (zgodnie z *genic capture hypothesis*) lub alternatywnie, czy zdeterminowana jest przez relatywnie niewielką liczbę genów o silnych efektach.

Te trzy tak zdefiniowane cele w sposób dość jednoznaczny zostały ściśle powiązane z trzema rozdziałami, stanowiącymi rozprawę doktorską. Tym niemniej, wnikliwe zapoznanie się z trzema rozdziałami pokazuje, że wspomniane powyżej cele nie koniecznie w pełni korespondują z celami sformułowanymi w trzech rozdziałach (manuskryptach artykułów).

### *Rozdział I.*

Rozdział I, zgodnie z tytułem, dokonuje analizy rozkładu częstości rekombinacji z uwzględnieniem specyfiki płci. Celem było zbadanie, czy częstość rekombinacji i jej rozkład wzdłuż chromosomów są jednakowe dla obu płci. W literaturze istnieje pogląd, że podwyższona u samic częstość rekombinacji w częściach centralnych chromosomów posiadających wyraźnie zlokalizowane centromery (w odróżnieniu od chromosomów holocentrycznych) może świadczyć o istnieniu mechanizmów zapobiegających zjawisku odchylenia mejotycznego. Z pewnością, omawiane badania wypełniają pewną lukę w naszej wiedzy, bowiem niewiele jest przykładów badań rozkładu częstości rekombinacji u gatunków z chromosomami holocentrycznymi, szczególnie z uwzględnieniem różnic między płciami.

Opracowanie genomu referencyjnego w tej pracy jest niejako produktem pośrednim (środkiem do celu), a nie celem samym w sobie. O asemblacji genomu referencyjnego nawet nie wspomniano w abstrakcie pracy. Tu zatem widzę pewien dysonans pomiędzy głównymi celami sformułowanymi w rozdziale I, a celami określonymi we wstępie do rozprawy. Nie umniejsza to walorów pracy, jednak pokazuje u Doktoranta pewną trudność w autoocenie własnych osiągnięć i skoncentrowaniu się na zasadniczym temacie rozprawy (opracowanie genomu referencyjnego w kontekście tytułu rozprawy ma znaczenie raczej techniczne). Tu niemniej należy przyznać, że opracowanie genomu referencyjnego badanego gatunku jest wartością samą w sobie o znaczeniu poznawczym, i co ważne, umożliwiającym wykorzystanie tego zasobu w kolejnych badaniach (prace 2 i 3 byłyby niemożliwe do przeprowadzenia bez dysponowania genomem referencyjnym).

Za najważniejsze osiągnięcia pracy uważam opracowanie map genetycznych dla obu płci, wykazanie różnic i podobieństw w rozkładzie częstości rekombinacji u osobników męskich i żeńskich; zidentyfikowanie regionu chromosomu 7 o nietypowo niskiej częstości rekombinacji; odniesienie się do koncepcji odchylenia mejotycznego i próba wyjaśnienia tego zjawiska; wykazanie związku rozkładu częstości rekombinacji z lokalnymi właściwościami genomu; wreszcie opracowanie genomu referencyjnego.

Do strony metodycznej pracy nie mam uwag krytycznych. Wręcz jestem pod wrażeniem dużej swobody i rozmachu w stosowaniu różnego rodzaju narzędzi bioinformatycznych. O dużym zaangażowaniu Doktoranta w wykonanie badań świadczy to, że utworzył on, i nadal prowadzi, repozytorium GitHub zawierające skrypty niezbędne do przeprowadzenia analiz wykonanych w niniejszej pracy (uwaga ta dotyczy również rozdziału II), co dodatkowo potwierdza Jego wiodącą rolę w opracowaniu wyników badań.

Poniżej chciałbym przedstawić kilka sugestii, które mogą być pomocne w udoskonaleniu omawianego manuskryptu, i pytań, które nurtowały mnie podczas czytania rozprawy.

- Skąd wiadomo, że rozkruszek hiacyntowy ma holocentryczne chromosomy (źródło)? Czy każdy z tych chromosomów jest holocentryczny? Na jakiej podstawie ocenia się, że organizm posiada chromosomy holocentryczne?
- *Recombination landscape* – termin ten wymaga precyzyjnego zdefiniowania, pojawia się w tytule rozdziału oraz kilkanaście razy w treści pracy.
- Na stronie 18 przedostatnie zdanie wstępu brzmi ‘*heterochiasmy and sex specific recombination patterns*’ wydaje się, że oba pojęcia to synonimy.
- Na stronie 19, podano, że system determinacji płci u badanego gatunku to XX/X0, warto byłoby podać źródło.
- W jaki sposób mapa rekombinacji może nas przybliżyć do identyfikacji regionów genomu determinującego morf samców?
- Odnotowałem kilka stylistycznych problemów, np. wstawianie inicjału imienia autora podczas odwoływania się do konkretnych pozycji literaturowych (np. str. 20)
- Rycina Figure 2A; Czy możliwe jest zbadanie istotności różnicy pomiędzy rozkładem samców i samic? I czy analizy te nie powinny być przeprowadzone jedynie dla autosomów?
- Czy nie należałoby zbadać, jak właściwości genomów są skorelowane z częstością rekombinacji osobno dla samców i samic? To mogłoby wskazać na dodatkowe różnice/podobieństwa w rozkładzie częstości rekombinacji między płciami.
- Czy badano jaki był rozkład polimorfizmów SNP na chromosomach? Czy rozkład polimorfizmów może mieć wpływ na ocenę rozkładu częstości rekombinacji?
- Czy zbadano charakterystyki zmienności SNP w zależności od ich lokalizacji? (geny, obszary niekodujące itd.)
- Czy podjęto próby oceny wielkości genomu za pomocą analizy spektrum *k*-merów (np. program Genomescope)?
- Czy próbowano zidentyfikować telomery i centromery w uzyskanej asemblacji?
- Ciekawym jest spostrzeżenie, że chromosom 1 może być efektem fuzji chromosomów. Czy wiadomo ile chromosomów obserwuje się u gatunków blisko i dalej spokrewnionych?
- Czy rozmieszczenie elementów repetytywnych było podobne na różnych chromosomach?
- W dyskusji na stronie 27 pojawiło się stwierdzenie: “*Our results demonstrated that the recombination landscapes for females and males are similar, supporting the role of meiotic drive in evolution of sex specific recombination landscapes.*” Zdanie to budzi moją wątpliwość, bo jeśli rekombinacja jest taka sama, to jak wyniki uzyskane w pracy potwierdzają rolę meiotic drive w ewolucji specyficznej płciowo rekombinacji? To raczej

różnice wskazywałyby na meiotic drive. Odnoszę wrażenie, że mamy tu pewien skrót myślowy. Czy rzeczywiście krajobraz rekombinacji jest taki sam dla samców i samic?

- Podobnie dalej (niejako powtórzenie), strona 32, akapit 1, Trochę dziwne wydaje się stwierdzenie, że (w tłumaczeniu) „*krajobraz rekombinacji jest podobny u samców i samic w większości genomu, co potwierdza hipotezę, że tempo rekombinacji u samic jest ukształtowane tak, aby przeciwdziałać związanemu z centromerem odchyleniu mejotycznemu u gatunków z monocentrycznymi chromosomami.*” Powiedziałbym raczej, że podobieństwo krajobrazu rekombinacji u osobników męskich i żeńskich stwierdzone tu dla gatunku z chromosomami holocentrycznymi sugeruje, że różnice międzypłciowe w krajobrazie rekombinacji u gatunków z chromosomami monocentrycznymi są powiązane ze zjawiskiem odchylenia mejotycznego. Jest to wnioskowanie o charakterze pośrednim.
- Strona 28, akapit 2 od dołu; o ile jestem w stanie zrozumieć dlaczego mniejsza efektywna wielkość populacji powoduje, że chromosom X może mieć niższy poziom zmienności genetycznej od autosomów, to nie wiem dlaczego niższa  $N_e$  ma mieć wpływ na większą gęstość elementów repetytywnych. Być może Autorzy mieli na myśli to, że ogólnie (biorąc pod uwagę osobniki męskie i żeńskie) częstość rekombinacji chromosomu X jest mniejsza od autosomów, bo rekombinacja zachodzi jedynie u osobników żeńskich, a częstość rekombinacji może mieć wpływ na eliminację elementów repetytywnych.
- Mam kłopoty z pogodzeniem dwóch stwierdzeń: *marked sex-based differences in recombination rates* (strona 29, ostatni akapit), i w kolejnym zdaniu *fairly similar recombination landscapes in both sexes*. Wydaje się to niespójne, albo podkreśla potrzebę precyzyjnego sformułowania pojęcia *recombination landscape*.
- Strona 29 *meiotic driver*’ pewnie chodziło o *meiotic drive*.
- Nie jest jasne, czy stwierdzenie *majority of taxa studied so far*’ na str. 29, 6-ta linia od dołu dotyczy wszystkich organizmów, czy jedynie tych posiadających holocentryczne chromosomy.
- Jestem pod wrażeniem wnikliwej dyskusji dotyczącej zjawiska heterochiazmii (!!).
- Strona 29, stwierdzenie w dyskusji, że dłuższe chromosomy miały mniejszą częstość rekombinacji jest pewnym uproszczeniem, dość niefortunnym, bo o wyniku decyduje nietypowy chromosom 1, o czym wspomniano w części wyników. Unikałbym takich uogólnień. Próba odnalezienia związku pomiędzy długością fizyczną chromosomów, a częstością rekombinacji jest trudna, gdy większość chromosomów nie różni się pod względem długości a jeden z chromosomów (chr. 1) jest bardzo duży i nietypowy.
- Zabrakło mi zestawienia porównawczego pierwotnej i ostatecznej wersji genomu po asemblacji. Czy genom referencyjny jest/będzie zdeponowany w ogólnodostępnej bazie typu NCBI? Wersja oparta na contigach jest w NCBI.
- Strona 25, czy wartość  $N_{50} = 32.53$  odnosi się do contigów czy scaffoldów? Bo wcześniejsze  $N_{50} = 1.59$  Mbp odnosiło się do contigów. Warto byłoby podać inne statystyki genomu typu  $L_{50}$ ,  $N_{90}$ ,  $L_{90}$ . Podano, że 397 contigów rozmieszczono w ramach prawie 90% genomu. Jaka była ostateczna liczba contigów? Czy udało się wykonać asemblację

genomu mitochondrialnego? Czy Doktorant widzi możliwość opracowania w najbliższej przyszłości pan-genomu dla badanego gatunku roztocza?

## *Rozdział II*

Kolejny rozdział prezentuje wyniki eksperymentu polegającego na manipulacji proporcją płci przez wiele pokoleń (symulacja specyficznej intensywności doboru płciowego), w celu zbadania, czy takie manipulacje mogą mieć wpływ na zmiany różnorodności genetycznej. Generalnie, nie wykazano wielkich zmian (należy zwrócić uwagę na systematyczną utratę zmienności w trakcie eksperymentu), jednak odnotowano specyficzne haplotypy, które reagowały na selekcję tylko w ramach jednego z wariantów eksperymentu. Nie odnotowano dowodów na istnienie doboru oczyszczającego lub stabilizującego. Efektywna wielkość populacji utrzymywała się na stosunkowo wysokim poziomie, biorąc pod uwagę specyfikę eksperymentu. Wyniki doprowadziły do głównej konkluzji, że manipulacja stosunkiem płci u badanego gatunku jest słabą presją selekcyjną wywołującą umiarkowaną odpowiedź, raczej na poziomie poligenicznym.

Poniżej przedstawiam kilka uwag i pytań do tego rozdziału

- We wstępie brakuje mi jasno sformułowanej informacji, jaki gatunek wybrano jako modelowy i dlaczego. Pojawiają się informacje o wynikach badań dla rozkruska hiacyntowego, ale wydają się one dość anegdotyczne.
- W pracy 1 wykorzystano dane o 27363 genach, a w pracy 2 tylko 13389, z czego wynika ta różnica?
- Na stronie 57 doszło zapewne do pomyłki; zapis ( $<53$  and  $>215X$ ) powinien być zastąpiony przez ( $>53$  and  $<215X$ ) lub ( $53 < X < 215$ ).

Niestety, w rozdziale tym nie znajdujemy jasnej i jednoznacznej odpowiedzi, w jakim stopniu osiągnięto cel badawczy sformułowany we wstępie rozprawy.

## *Rozdział III*

W mojej opinii jest to chyba najciekawszy rozdział, gdzie Doktorant mógł zaprezentować w pełni swoją wiedzę i umiejętności prowadzenia badań. Zastosowano tu różnorodne podejścia metodyczne, różne zestawy osobników oraz szeroki wachlarz analiz bioinformatycznych, które pozwoliły na weryfikację hipotez i pełną realizację zakładanego celu badawczego. Trzeci cel rozprawy doktorskiej sformułowany we wstępie rozprawy jest tym razem w pełni zgodny z celem określonym w rozdziale III, którym jest wskazanie i charakterystyka regionu genomu decydującego o dymorfizmie alternatywnych fenotypów obserwowanych u samców. Udało się zidentyfikować obszar genomu o długości ok 3,5 Mbp zlokalizowany na chromosomie 7. Pełna charakterystyka tego regionu pozwoliła na sklasyfikowanie go, jako tzw. supergen, z charakterystycznymi cechami, takimi jak ograniczony poziom rekombinacji, istotne zróżnicowanie między alternatywnymi morfami osobników męskich, duże zagęszczenie liczby transpozonów, znaczna liczba genów. Tym niemniej, wykazano, że niezależnie od roli tego regionu w determinacji fenotypu osobników męskich, ekspresja specyficznego fenotypu męskiego jest warunkowo zależna od innych genów zlokalizowanych w różnych częściach genomu.

Poniżej również przedstawiam kilka uwag i pytań do tego rozdziału.

- W abstrakcie pojawia się skrót, SST, który powinien być wyjaśniony.
- Czy analizowano proporcję *fighters to scramblers* w każdym z 16 pokoleń?
- Należy docenić sprytne wykorzystanie danych pochodzących od osobników indywidualnych z pracy opisaną w rozdziale I.
- Rozdział 2.3.3. nie podano nazwy narzędzi, za pomocą którego wykonano mapę Marey'a.
- Rozdział 2.4. brakuje tu szczegółów, w jaki sposób wykonano obliczenia, być może były to skrypty w R.
- Strona 85, podawanie poziomu istotności  $p=0$  wydaje się niepoprawne, natomiast poprawne byłoby np.  $p<0.001$ .
- Strona 85, pierwszy akapit; '*coverage .. around 1*' wymaga wyjaśnienia, że mowa tu o wartościach coverage wyrażonych jako średnie wartości standaryzowane, co swoją drogą opisano w podrozdziale opisującym metody, ale moim zdaniem warto to podkreślić w tym miejscu, by czytelnik nie był zmieszany tak niskim poziomem coverage (jeśli uznałby ten wynik za wartość niestandardową).
- Figure 6, należy wyjaśnić akronim MDR.
- Na stronie 92 doprecyzowałbym zwrot '*...and in contrast resembled other fighter lines*' zmodyfikowałby na '*...and in contrast resembled genetically other fighter lines*'.
- Uwagę zwraca samokrytyka autorów rozdziału III, wskazująca na pewne (nieliczne) potencjalne wady zastosowanego podejścia badawczego (np. wybór specyficznego genomu referencyjnego pochodzącego od osobników z linii *fighter*).
- Supplementary table 1: Zapewne chodzi o chromosom 7, a nie chromosom 2, jak wskazano w tabeli.

W dyskusji wspomniano krótko o potencjalnym znaczeniu polimorfizmów strukturalnych (zabrakło mi tu jednak polimorfizmów typu presence/absence), które potencjalnie mogą być powiązane z morfem u badanych roztoczy.

Intrygującym, wartym dalszych badań wynikiem jest pozycja linii IN7 oraz IN9. Zmuszony jestem jednak zwrócić uwagę, że te dwie wyróżniające się linie mają niespójną nomenklaturę. Na stronie 84 są to linie IN2 oraz IN8; natomiast na rycinie 1 oraz 2, a także w dyskusji (strona 92) są to linie IN7 i IN9. Proponuję zweryfikować tę nomenklaturę.

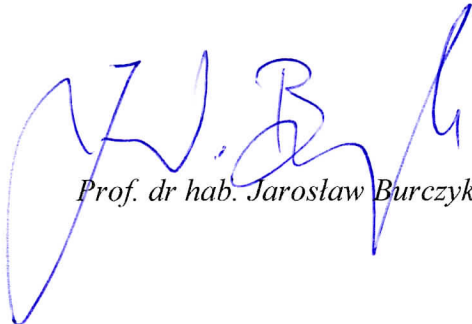
Rozdział podsumowujący rozprawę '*Conclusions and future prospects*' niestety rozczarowuje. Czytelnik, zgodnie z nazwą rozdziału, oczekuje tu informacji i podsumowania na temat najważniejszych osiągnięć wyników przeprowadzonych badań, i jak te wyniki uzupełniają naszą wiedzę z zakresu doboru płciowego. Rozdział ten jest niestety bardzo lakoniczny. Podsumowaniu poświęcono jeden akapit (11 linii), drugi akapit pasuje raczej do wstępu niż do podsumowania, a trzeci to lista możliwych i oczekiwanych dalszych badań. Tu z satysfakcją odnotowałem zaakcentowanie potrzeby badań zmienności strukturalnej genomów, co zapewne w najbliższej przyszłości będzie możliwe. W podsumowaniu zabrakło mi odniesienia się do celów rozprawy określonych we wstępie. Nie poddano ocenie, w jakim stopniu wspomniane cele zostały osiągnięte.

## Wniosek końcowy

Rola recenzenta w ocenie rozprawy doktorskiej opartej na cyklu wieloautorskich publikacji (bądź jak w tym wypadku rozdziałów/manuskryptów przygotowywanych artykułów) jest dość niewdzięczna. Są to utwory, które zostały wnikliwie i drobiazgowo przygotowane, przeanalizowane i poprawione przez wszystkich współautorów. Przyznam, że poza wspomnianymi wcześniej uwagami nie znajduję w rozprawie zasadniczych uchybień. Przedstawione uwagi i komentarze nie podważają jednak mojej ogólnej, bardzo pozytywnej oceny rozprawy i jej wartości poznawczych, szczególnie w odniesieniu do trzech zasadniczych rozdziałów rozprawy. Oceniana przeze mnie rozprawa doktorska pana mgr. Sebastiana Chmielewskiego stanowi istotny i oryginalny wkład w poznanie genomowych podstaw zjawiska doboru płciowego. Świadczy jednocześnie o znacznej wiedzy Autora z zakresu nauk biologicznych, w tym w szczególności biologii ewolucyjnej, oraz Jego umiejętnościach samodzielnego prowadzenia badań naukowych. Rozprawa przedstawia oryginalne rozwiązania szeregu problemów badawczych powiązanych ze zjawiskiem doboru płciowego. W mojej opinii recenzowana rozprawa spełnia wszystkie wymogi stawiane rozprawom doktorskim określone w art. 187 Ustawy prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (z dnia 20.07.2018, Dz. U. 2018 poz. 1668, z późn. zmianami) oraz umożliwia dopuszczenie kandydata do dalszych etapów postępowania w sprawie nadania stopnia doktora.

Biorąc pod uwagę wysoki poziom merytoryczny przeprowadzonych badań, znaczenie otrzymanych wyników dla rozwoju biologii ewolucyjnej oraz umiejętność przedstawienia ich w kontekście aktualnej wiedzy, wnioskuję o stosowne wyróżnienie recenzowanej rozprawy doktorskiej mgr. Sebastiana Chmielewskiego.

Bydgoszcz, dnia 05.11.2024



*Prof. dr hab. Jarosław Burczyk*