



MUZEUM I INSTYTUT ZOOLOGII
POLSKA AKADEMIA NAUK

ul. Wilcza 64
00-679 Warszawa

Tel.: 22 62 87 304
Tel./Fax: 22 62 96 302
E-mail: sekretariat@miiz.waw.pl

Warszawa, 09.10.2020

Ocena

Dorobku naukowego, dydaktycznego i organizacyjnego oraz osiągnięcia habilitacyjnego
Dr Krystyny Nadachowskiej-Brzyskiej
w związku z postępowaniem w sprawie nadania stopnia naukowego doktora habilitowanego
w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne

OCENA FORMALNA

Do wykonania oceny zostałem powołany decyzją Rady Dyscypliny Nauki Biologiczne Uniwersytetu Jagiellońskiego (pismo z dnia 31.07.2020, nr 446.5110.1.2020). Informacje które otrzymałem to: (i) wniosek o przeprowadzenie postępowania w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych; (ii) wykaz osiągnięć naukowych; (iii) autoreferat; (iv) kopie publikacji wchodzących w skład osiągnięcia habilitacyjnego, zatytułowanego „**Czynniki kształtujące ogólnogenomową zmienność u ptaków — historia demograficzna, dobór naturalny i aspekty metodologiczne**”; (v) oświadczenia dotyczące wkładu współautorów w powstanie poszczególnych publikacji stanowiących osiągnięcie habilitacyjne; (vi) dokumenty potwierdzające odbyte staże, urlopy macierzyńskie, kierowanie grantami i udział w grantach; (vii) płyta CD zawierająca całość powyższej dokumentacji plus pozostałe publikacje Habilitantki. W mojej ocenie dostarczone materiały spełniają wymogi formalne.

SYLWETKA HABILITANTKI

Należy podkreślić, że kariera naukowa Pani dr Krystyny Nadachowskiej-Brzyskiej jest od początku związana z najwybitniejszymi postaciami polskiej i europejskiej nauki, a także charakteryzuje się dynamizmem, świadczącym o wspaniałej samodyscyplinie, pasji i ogromnej wiedzy Habilitantki. Pani Nadachowska-Brzyska jest absolwentką Uniwersytetu Jagiellońskiego. Pracę magisterską wykonała pod kierunkiem prof. dr hab. Jacka Szymury – badacza, który dał podwaliny polskiej filogeografii i molekularnej genetyce populacyjnej. Pani Nadachowska-Brzyska miała więc okazję uczestniczyć w słynnych badaniach „kumaka mitochondrialnego”. Uzyskane przez nią wyniki stanowiły podstawę pracy magisterskiej „**Zmienność sekwencji mtDNA kumaka górskiego, *Bombina variegata*, w Karpatach Południowych**”, obronionej w 2006 roku, a także stanowiły istotną część pracy opublikowanej w 2011 roku w elitarnym *Molecular Ecology*. Następnie, Pani Nadachowska-Brzyska rozpoczęła studia doktoranckie na Wydziale Biologii i Nauk o Ziemi, w Instytucie Nauk o Środowisku Uniwersytetu Jagiellońskiego. W tym czasie kontynuowała badania nad

plazami pod kierunkiem kolejnego wybitnego genetyka ewolucyjnego — prof. dr hab. Jacka Radwana. Nawiązała także współpracę z prof. dr hab. Wiesławem Babikiem. W efekcie, jeszcze przed obroną rozprawy doktorskiej opublikowała trzy wybitne prace z zakresu genetyki molekularnej płazów, w tym jednoautorską, interesującą pracę przeglądową, w której posumowała ówczesne (2009 rok) osiągnięcia molekularne w herpetologii. W 2011 roku uzyskała stopień doktora nauk biologicznych, broniąc rozprawę „**Czynniki kształtujące zmienność różnych klas markerów molekularnych u traszki zwyczajnej (*Lissotriton vulgaris*)**”. Rozprawa została wyróżniona przez Radę Wydziału Biologii. Także w trakcie studiów doktoranckich Pani Nadachowska-Brzyska była wyróżniana stypendiami i nagrodami. Następnie Habilitantka odbyła staż podoktorski na Uniwersytecie w Uppsali, gdzie ponownie miała szczęście trafić pod skrzydła jednego z najwybitniejszych specjalistów w swej dziedzinie — profesora Hansa Ellegrena. Tutaj zmieniła obiekt zainteresowań i zajęła się genetyką ptaków, publikując lub będąc współautorem kilku wybitnych prac. Po ukończeniu stażu Pani Nadachowska-Brzyska została zatrudniona na Uniwersytecie w Uppsali w grupie badawczej profesora Ellegrena, co należy pożytywać jako ogromne wyróżnienie, ale przede wszystkim docenienie wiedzy, talentu i pracowitości Habilitantki przez światowej sławy genetyka populacyjnego i ewolucyjnego. Od 2019 roku dr Nadachowska-Brzyska realizuje grant w systemie SONATA Bis na Uniwersytecie Jagiellońskim.

OCENA DOROBKU NAUKOWEGO

Dorobek Habilitantki nie jest bogaty ilościowo. Zawiera łącznie 15 pozycji (w tym 12 po doktoracie), natomiast trzeba zaznaczyć, że są to prace w najlepszych czasopismach, poświęconych ekologii molekularnej, genetyce populacyjnej i ewolucyjnej. Zdecydowana większość prac jest opublikowana w *Molecular Ecology*. Znajdziemy jednak także pracę w elitarnym *Nature* czy *Molecular Biology and Evolution*. Można stwierdzić, że Pani Nadachowska-Brzyska ‘stawiała na jakość’ — skupiała się na obszernych zasobach danych i nowoczesnych metodykach, by publikować prace przełomowe. Potwierdzeniem jest bardzo wysoka liczba cytacji — Habilitantka wykazała w autoreferacie 780 cytacji (bez autocytacji). Indeks Hirscha ($H = 9$) należy uznać za przyzwoity. Biorąc pod uwagę okres aktywnej działalności naukowej Pani Nadachowskiej-Brzyskiej (ca. 10 lat od opublikowania pierwszych prac naukowych), w tym niemal trzy lata spędzone na urloпах macierzyńskich, zarówno liczbę publikacji, jak i wskaźniki naukometryczne należy ocenić jako wybitne.

Habilitantka bardzo rzadko uczestniczyła aktywnie w konferencjach naukowych. Przed doktoratem jest to pięć doniesień konferencyjnych (prawdopodobnie referaty), natomiast po doktoracie siedem, z tym że zdecydowana większość na seminariach na Uniwersytecie w Uppsali, co do których mam wątpliwości czy powinny być klasyfikowane jako konferencje. Niestety, w wykazie osiągnięć naukowych ten punkt jest opisany bardzo zdawkowo. Nie ma możliwości oceny liczby oryginalnych doniesień w postaci referatów, posterów czy wykładów plenarnych; podziału na konferencje krajowe i zagraniczne itd. Aktywność konferencyjną habilitantki należy ocenić jako słabą.

W dorobku Pani Nadachowskiej-Brzyskiej niestety próżno szukać publikacji popularnonaukowych.

OCENA OSIĄGNIĘCIA NAUKOWEGO

Osiągnięcie naukowe wskazane przez dr Nadachowską-Brzyską to cykl czterech publikacji, które ukazały się we wiodących czasopismach w dziedzinie biologii i genetyki populacji naturalnych, na przykład *Molecular Ecology* czy *Current Biology*. We wszystkich publikacjach Habilitantka jest pierwszy i korespondencyjnym autorem. Jej wiodący udział w przeprowadzeniu badań i opublikowaniu artykułów znajduje także potwierdzenie w oświadczeniach współautorów, według których udział dr Nadachowskiej-Brzyskiej wynosił 50–70%. Potwierdza to jej ważną rolę w powstaniu w/w prac. W publikacjach stanowiących osiągnięcie habilitacyjne Pani Nadachowska-Brzyska odpowiadała za większość etapów, od opracowania koncepcji badań po interpretację wyników i pisanie manuskryptu. W oświadczeniach Habilitantki pada stwierdzenie o 'przeprowadzeniu wszystkich głównych analiz'. Niestety, na podstawie tej informacji nie jest dla mnie jasne, na ile Habilitantka uczestniczyła w etapach laboratoryjnych. Czy 'główne analizy' dotyczą etapu statystycznej obróbki danych genetycznych, symulacji i modelowania, czy także 'pracy u podstaw', czyli przygotowaniu materiału biologicznego do sekwencjonowania nowej generacji? Z informacji zawartych w oryginalnych publikacjach wydaje się, że ten udział polegał głównie na analizie statystycznej wygenerowanych danych genetycznych.

W osiągnięciu habilitacyjnym Pani Nadachowskiej-Brzyskiej na uwagę zasługują trzy elementy: po pierwsze wszystkie prace powstały w oparciu o współpracę ze stałym zespołem badaczy z Uniwersytetu w Uppsali; po drugie w badaniach wykorzystano dane genomowe, wygenerowane na poziomie laboratoryjnym przez innych autorów (np. Jarvis et al. 2014; Zhang et al. 2014; Buri et al. 2015); po trzecie dane genomowe poddano nowoczesnym metodom modelowania (ABS, PSMC) na poziomie statystycznym.

Wszystkie prace stanowiące osiągnięcie habilitacyjne należy uznać za przełomowe w genetyce populacyjnej. Świadczy o tym liczba cytowań poszczególnych publikacji: Nadachowska-Brzyska et al. 2013 – 77; Nadachowska-Brzyska et al. 2015 – 66; Nadachowska-Brzyska et al. 2016 – 62; (źródło: Web of Science, dostęp: 01.10.2020). Habilitantka w pracach stanowiących jej osiągnięcie porusza głównie niezwykle istotny aspekt efektywnej wielkości populacji, i wpływ okresowych zmian tego parametru (fluktuacje demograficzne) na obserwowany obecnie poziom zmienności genetycznej w populacjach ptaków, jak i na przebieg procesów selekcyjnych.

W pierwszej pracy, wchodzącej w skład osiągnięcia (*Demographic divergence history of pied and collared flycatcher inferred from whole-genome re-sequencing data*, Nadachowska-Brzyska et al. 2013) zastosowano metodę re-sekwencjonowania do oszacowania genomowej zmienności genetycznej dwóch gatunków muchołówek. Wykorzystano dane genomowe małej liczby osobników w obrębie gatunku (dziesięć), natomiast przeanalizowano ponad 260 loci niekodujących w genomie każdego ptaka, co pozwoliło opracować niezwykle precyzyjne genotypy osobników. Na tej podstawie przeprowadzono analizę możliwych modeli demograficznych i historycznego przepływu

genów, wyjaśniających zaobserwowaną zmienność genetyczną w obu gatunkach. Należy podkreślić, że było to jedno z pierwszych zastosowań tak szczegółowych danych genomowych do wnioskowania o historii naturalnych populacji. Dzięki jednoczesnej analizie dwóch blisko spokrewnionych gatunków, możliwe stało się znaczne wzbogacenie wiedzy o specjacji ptaków.

W drugiej pracy (*Temporal dynamic of Avian populations during Pleistocene revealed by Whole-Genome sequences*, Nadachowska-Brzyska 2015) Habilitantka poddała podobnej analizie dostępne dane genomowe 38 gatunków ptaków. Dzięki wybraniu danych o bardzo wysokim pokryciu (> 24 razy), udało się opracować dla każdego gatunku konsensusowy genom diploidalny. Celem badań była identyfikacja ewentualnych zmian efektywnej wielkości populacji w szerokim zakresie czasowym (od 10 milionów do 10 tysięcy lat temu). Zaobserwowane trendy zestawiono z oscylacjami klimatu. Wykazano, że znaczne, historyczne zmiany efektywnej wielkości populacji dotyczą niemal wszystkich badanych gatunków ptaków, a najbardziej jednorodny wzorzec uzyskano dla początku ostatniego zlodowacenia (LGP). Ciekawe wnioski wyciągnięto na podstawie danych dla gatunków uważanych z zagrożone – okazało się, że w niektórych przypadkach (np. koronnik szary) spadek efektywnej wielkości tych populacji następował już od bardzo dawna, znacznie poprzedzając obserwowane obecnie zmniejszanie się liczebności. Jest to niezwykle ważna wskazówka z punktu widzenia szacowania wielkości populacji gatunków zagrożonych, co jest istotne dla skuteczności działań konserwatorskich, a także z punktu widzenia dyskusji na temat znaczenia procesów genetycznych dla przetrwania/ekstynkcji.

W dwóch następnych pracach wykorzystano ten sam zestaw danych z re-sekwencjonowania: dane genomowe 200 osobników z czterech gatunków muchołówek, pochodzących z kilku populacji na terenie Europy i jednej z Afryki Północnej. W pierwszej z tych prac (*PSMC analysis of effective population size in molecular ecology and its application to black-and-white Ficedula flycatchers*, Nadachowska-Brzyska et al. 2016) ponownie zastosowano metodę PSMC do identyfikacji zmian zachodzących w efektywnej wielkości populacji muchołówek w szerokim zakresie czasowym, a także, a może nawet przede wszystkim, opracowano klarowne kryteria prawidłowego wnioskowania na podstawie PSMC, szczególnie pod kątem jakości danych genomowych. Analiza genomów czterech gatunków muchołówek pozwoliła stwierdzić, że wzorzec historycznych zmian efektywnej wielkości populacji może się różnić nie tylko między gatunkami, ale także między blisko spokrewnionymi gatunkami, a nawet między populacjami w obrębie tego samego gatunku (np. u muchołówki żałobnej w Europie Północnej i na Półwyspie Iberyjskim). Praca jest więc rozwinięciem i uszczegółowieniem wyników poprzedniej publikacji (Nadachowska-Brzyska et al. 2015), pokazując jednocześnie, że prawidłowość wnioskowania PSMC może być zaburzona w przypadku istnienia u badanych gatunków wyraźnie zaznaczonej genetycznej struktury populacji. Publikacja wnosi nie tylko nową wiedzę o historii demograficznej konkretnej grupy ptaków, lecz jest niezwykle cennym źródłem uwag i wskazówek metodycznych dla badaczy wykorzystujących PSMC.

W drugiej pracy wykorzystującej dane genomowe z tego samego zestawu osobników, należących do czterech gatunków mucholówek (*Footprints of adaptive evolution revealed by whole Z chromosomes haplotypes in flycatchers*, Nadachowska-Brzyska et al. 2019) skupiono się na sekwencji chromosomu Z i znaczeniu procesów selekcyjnych w kształtowaniu zmienności genetycznej tej części genomu. Zastosowano ciekawe podejście do detekcji niedawnych korzystnych mutacji i doboru pozytywnego — by uniknąć trudności związanych z fazowaniem haplotypów, do analiz wybrano osobniki hemizygotyczne, których przykładem są np. samice ptaków pod względem chromosomów płci. W takich przypadkach można uzyskać pełny, wiarygodny haplotyp i zidentyfikować wzorzec selekcji, która rozpoczęła się względnie niedawno w skali ewolucyjnej. Oprócz identyfikacji fragmentów chromosomu Z podlegających silnej selekcji, a więc będących potencjalnym regionem umiejscowienia genów ważnych adaptacyjnie, wykazano, że metody rekonstrukcji haplotypów oparte na 'fazowaniu statystycznym' mogą istotnie zaburzać detekcję historycznych procesów ewolucyjnych. Ponownie, opublikowane wyniki nie tylko pogłębiły wiedzę o ewolucji fragmentów genomu związanych z determinacją płci, ale również dostarczyły ważnych wskazówek dla badaczy, wykorzystujących sekwencje heterochromosomów do wnioskowania o procesach ewolucyjnych i genetyce populacji.

Podsumowując osiągnięcie habilitacyjne dr Krystyny Nadachowskiej-Brzyskiej należy stwierdzić, że jest to cykl prac stanowiących niezwykle istotny wkład w rozwój genetyki populacyjnej, szczególnie pod kątem wnioskowania o efektywnej wielkości populacji, a także bardzo ważne źródło informacji metodycznych dla szerokiego grona badaczy, wykorzystujących dane genomowe.

OCENA POZOSTAŁEJ AKTYWNOŚCI

Pani Nadachowska-Brzyska była do tej pory kierownikiem dwóch grantów: **'Polimorfizm genów MHC II u traszek zwyczajnej i karpackiej'** (przyznany jeszcze przed uzyskaniem stopnia doktora) oraz **'Genomika gradacji – ewolucja neutralna i adaptacyjna u kornika drukarza'** (rozpoczęty w 2019 roku, w trakcie realizacji). Efektem pierwszego z projektów była publikacja w *Molecular Ecology* (Nadachowska-Brzyska et al. 2011), która spotkała się z szerokim zainteresowaniem środowiska naukowego, czego dowodem jest artykuł towarzyszący w tym samym numerze *Molecular Ecology* (Wegner and Eizaguirre 2011), a także duża liczba cytacji (56, źródło: Web of Science, dostęp: 01.10.2020). Poza tym Habilitantka była wykonawcą w grantie dr hab. Łukasza Kajtocha (**'Wpływ muraw kserotermicznych na genetyczną strukturę populacji ryjkowca *Centricnemus leucogrammus* – implikacje konserwatorskie'**), którego wyniki zostały opublikowane w *Molecular Biology Reports* (Kajtoch et al. 2012); projekcie finansowanym przez Alexander von Humboldt Foundation (**'Developing molecular tools for conservation of amphibians'**) i grantie ERC Advanced Grant (**'Next generation molecular ecology'**).

Zaangażowanie dydaktyczne dr Nadachowskiej-Brzyskiej oceniam względnie dobrze, szczególnie, że Habilitantka po doktoracie nie była zatrudniona na stanowisku związanym bezpośrednio z dydaktyką. Niemniej, w czasie stażu podoktorskiego na Uniwersytecie w Uppsali prowadziła wykłady i ćwiczenia na kursach genetyki molekularnej, ewolucyjnej i

populacyjnej. Była koordynatorem kursu z genetyki specjacji, a co najważniejsze podnosiła swoje kwalifikacje jako nauczyciel akademicki, uczestnicząc w specjalistycznych szkoleniach na Uniwersytecie w Uppsali. Informacje o seminariach o charakterze popularyzatorskim są niestety tak zdawkowe (zresztą jak cała część autoreferatu poświęcona osiągnięciom dydaktycznym i organizacyjnym), że trudno je obiektywnie ocenić. Pani Nadachowska-Brzyska była promotorem pomocniczym jednej rozprawy doktorskiej. Nie była natomiast promotorem żadnej pracy magisterskiej ani licencjackiej. W dorobku organizacyjnym znajduje się przewodniczenie komitetowi organizacyjnemu Międzynarodowych Warsztatów Biologii Ewolucyjnej (Ochotnica Górna, 2010). Mam nadzieję, że w następnych latach aktywność dydaktyczna, popularnonaukowa i organizacyjna Habilitantki ulegnie znacznej intensyfikacji.

Pani Nadachowska-Brzyska była w latach 2016–2017 redaktorem *Ecology and Evolution*. Wykonywała także recenzje dla wielu uznanych czasopism naukowych. Niestety, ponieważ te informacje są zdawkowe, nie wiadomo ile recenzji wykonała, natomiast tytuły czasopism bez wątpienia robią wrażenie.

Po szczegółowym zapoznaniu się z przedstawioną do wglądu dokumentacją oraz osiągnięciem habilitacyjnym Pani dr Katarzyny Nadachowskiej-Brzyskiej stwierdzam, że zarówno publikacje stanowiące dział habilitacyjny, jak i pozostały dorobek naukowy, dydaktyczny i organizacyjny spełniają wymogi stawiane kandydatom do stopnia doktora habilitowanego, w szczególności spełniają warunki określone w Ustawie z dnia 14 marca 2003 r. o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (tekst. jedn. Dz. U. z 2017 r. poz. 1789 ze zm.), a także rozporządzeniem Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 1 września 2011 r. w sprawie kryteriów oceny osiągnięć osoby ubiegającej się o nadanie stopnia doktora habilitowanego (Dz. U. z 2011 r., nr 196 poz. 1165) i rozporządzenia Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 19 stycznia 2018 r., w sprawie szczegółowego trybu i warunków przeprowadzenia czynności w przewodzie doktorskim, w postępowaniu habilitacyjnym oraz w postępowaniu o nadanie tytułu profesora (Dz. U. z 2018 r., poz. 261), w związku z art. 179 ust. 1 i 3 Ustawy z dnia 3 lipca 2018 r. Przepisy wprowadzające – Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. 2018 poz. 1669 ze zm.).

W związku z tym przedstawiam Radzie Dyscypliny Nauki biologiczne Uniwersytetu Jagiellońskiego w Krakowie pozytywną opinię w sprawie wniosku o nadanie Pani dr Krystynie Nadachowskiej-Brzyskiej stopnia naukowego doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne.

Zastępca Dyrektora ds. Naukowych



dr hab. Robert Rutkowski