



Poznań, 06.02.2024 r.

dr hab. Krzysztof Zawierucha
Zakład Taksonomii i Ekologii Zwierząt
Wydział Biologii UAM
Uniwersytetu Poznańskiego 6
61-614 Poznań

**Recenzja cyklu prac, dorobku naukowego, dydaktycznego i organizacyjnego
dr Moniki Mioduchowskiej w związku z wnioskiem o nadanie stopnia doktora habilitowanego**

Doktor Monika Mioduchowska ukończyła studia magisterskie na Wydziale Biologii Uniwersytetu Gdańskiego gdzie uzyskała także stopień doktora w dziedzinie nauk biologicznych. W badaniach realizowanych w ramach pracy magisterskiej jak i rozprawy doktorskiej dr Mioduchowska zajmowała się strukturą genetyczną organizmów morskich. W pracy magisterskiej obiektem badań był halibut grenlandzki *Reinhardtius hippoglossoides* (Walbaum, 1792), z kolei w pracy doktorskiej była to skójką gruboskorupowa *Unio crassus* Philipson, 1788. Kariera naukowa dr Mioduchowskiej związana jest z jej Alma Mater z przerwą na staż podoktorski realizowany na Wydziale Biologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Łódzkiego. Obecnie zatrudniona jest jako adiunkt w Katedrze Genetyki Ewolucyjnej i Biosystematyki na Wydziale Biologii Uniwersytetu Gdańskiego. Zainteresowania badawcze, aktywność naukowa oraz dydaktyczna habilitantki związane są z genetyką oraz ekologią molekularną.

Osiągnięciem habilitacyjnym dr Moniki Mioduchowskiej są wyniki badań przedstawione w cyklu siedmiu artykułów naukowych opublikowanych w czasopismach o zasięgu międzynarodowym. Wszystkie czasopisma charakteryzują się w pełni zadowalającym współczynnikiem wpływu oraz posiadają punkty MEiN. Pięć prac cyklu opublikowano w czasopismach z Q1. Tematem przewodnim cyklu jest molekularna identyfikacja bakterii endosymbiotycznych, ze szczególnym uwzględnieniem bakterii z rodzaju *Wolbachia*, związanych z bezkręgowcami słodkowodnymi należącymi do trzech gromad w obrębie trzech typów: Crustacea (Arthropoda), Bivalvia (Mollusca) i Eutardigrada (Tardigrada).

CYKL PRAC

Artykuły wchodzące w skład cyklu to:

1. **Mioduchowska M.**, Czyż M.J., Gołdyn B., Kur J., Sell J. 2018a. Instances of erroneous DNA barcoding of metazoan invertebrates: are universal *cox1* gene primers too “universal”? PLoS ONE, 13(6): e0199609, DOI: 10.1371/journal.pone.0199609
2. **Mioduchowska M.**, Czyż M.J., Gołdyn B., Kilikowska A., Namiotko T., Pinceel T., Łaciak M., Sell J. 2018b. Detection of bacterial endosymbionts in freshwater crustaceans: the applicability of non-degenerate primers to amplify the bacterial 16S rRNA gene. PeerJ, 6: e6039, DOI: 10.7717/peerj.6039
3. **Mioduchowska M.**, Zajac K., Zajac T., Sell J. 2020a. Wolbachia and Cardinium infection found in threatened unionid species: a new concern for conservation of freshwater mussels? Conservation Genetics, 21: 381–386, DOI: 10.1007/s10592-020-01255-9
4. **Mioduchowska M.**, Zajac K., Bartoszek K., Madanecki P., Kur J., Zajac T. 2020b. 16SrRNA-based metagenomic analysis of the gut microbial community associated with the DUI species *Unio crassus* (Bivalvia: Unionidae). Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research, 58(2): 615–623, DOI: 10.1111/JZS.12377
5. Kaczmarek Ł., Roszkowska M., Poprawa I., Janelt K., Kmita H., Gawlak M., Fiałkowska E., **Mioduchowska M.** 2020. Integrative description of bisexual *Paramacrobrotus experimentalis* sp. nov. (Macrobrotidae) from republic of Madagascar (Africa) with microbiome analysis. Molecular Phylogenetics and Evolution, 145: 106730, DOI:10.1016/j.ympev.2019.106730
6. **Mioduchowska M.**, Nitkiewicz B., Roszkowska M., Kačarević U., Madanecki P., Pinceel T., Namiotko T., Gołdyn B., Kaczmarek Ł. 2021. Taxonomic classification of the bacterial endosymbiont *Wolbachia* based on next-generation sequencing: is there molecular evidence for its presence in tardigrades? Genome, 64(10): 951–958, DOI: 10.1139/gen-2020-0036
7. **Mioduchowska M.**, Konecka E., Gołdyn B., Pinceel T., Brendonck L., Lukić D., Kaczmarek Ł., Namiotko T., Zajac K., Zajac T., Jastrzębski J.P., Bartoszek K. 2023. Playing peekaboo with a master manipulator: metagenetic detection and phylogenetic analysis of *Wolbachia* supergroups in freshwater invertebrates. International Journal of Molecular Sciences, 24, 9400, DOI: org/10.3390/ijms24119400

W pięciu artykułach z cyklu dr Monika Mioduchowska jest autorem głównym oraz korespondencyjnym. Z opisu wkładu habilitantki w pracę wynika, że miała Ona wkład wiodący w sześciu pracach. W większości prac odpowiadała za koncepcję badań, pozyskanie funduszy na badania, analizy laboratoryjne, analizy bioinformatyczne, przygotowanie odpowiednich rycin oraz pisanie tekstu. Artykuły są wieloautorskie, liczące od czterech do dwunastu współautorów. Prace o

charakterze wieloautorskim są powszechnym zjawiskiem we współczesnym świecie naukowym. Wskazuje to na umiejętność współpracy głównego autora w większych zespołach badawczych.

Prace zostały opublikowane w latach 2018-2023 i na dzień dzisiejszy ich łączna liczba cytowań wg Scopus (bez autocytoowań habilitantki, 14.02.2024r.) wynosi 82. Jest to dowód na spore zainteresowanie społeczności naukowej badaniami prowadzonym przez dr Mioduchowską. Mimo, że nie jestem wielbicielem oceny czasopism przez pryzmat impact factor, sumaryczny IF czasopism wchodzących w skład cyklu (IF = 21,507) jest na dobrym poziomie w porównaniu z innymi czasopismami o podobnej tematyce. Czasopisma wchodzące w cykl uważam za wartościowe, zdecydowanie trafiają do szerokiego grona odbiorców, a publikowane tam treści niejednokrotnie są na wysokim poziomie merytorycznym (np. *Molecular Phylogenetics and Evolution*).

Osiągnięcie naukowe zostało przedstawione w tematycznie powiązanych ze sobą artykułach. Badania dotyczą słabo poznanego i niezwykle ważnego tematu jakim są endosymbionty bezkręgowców. Obrany przez habilitantkę kierunek badań ma spory potencjał odkrywczy oraz dużą wartość na współczesnym „rynku naukowym”. Bez wątplenia prowadzone przez dr Mioduchowską badania mają implikacje w badaniach ewolucyjnych oraz bioróżnorodności.

Mioduchowska i in. (2018a) prezentuje identyfikację sekwencji pierwszej podjednostki oksydazy cytochromowej (cox1; marker molekularny COI) u bezkręgowców wodnych zdeponowanych w GenBank. W pracy zidentyfikowano wcześniej błędnie opisane sekwencje bezkręgowców, które w rzeczywistości były zanieczyszczeniem lub też symbiontem bakteryjnym. W badaniach wykazano, że stopień kontaminacji zależy od danej grupy systematycznej, tj. najmniej błędnych sekwencji stwierdzono w typach Mollusca i Arthropoda – mniej niż 1%, w przypadku brzochożęskówo *Gastrotricha* błędne sekwencje stanowiły aż 6,9%. Za przyczyny błędnie amplifikowanych sekwencji autorzy uznali poziom konserwatywności i specyficzności starterów Folmera i in. (1994), czy też annealing do matrycowej cząsteczki DNA.

Zgadzam się z autorką, że deponowanie błędnie opisanych sekwencji w bazach wpływa następnie na błędy dotyczące metabarcodingu środowiskowego i szacowania bioróżnorodności. Warto jednak podkreślić, że COI to nie jedyny marker wykorzystywany do delimitacji gatunków. Na przykładzie gatunku niesporczaka *Kopakaius nicolae* (oraz wielu innych) wiemy, że ITS-2 działa świetnie jako marker wykorzystywany do oznaczania gatunków w Tardigrada. Finalnie, każdy badacz powinien zachować zdrowy rozsądek w interpretacji danych pobieranych z dostępnych baz. Artykuł jest bez wątplenia dobry i porusza bardzo istotny temat, ważny dla każdego taksonoma wykorzystującego podejście molekularne w swoich badaniach. Jednak nie skupia się on na różnorodności endosymbiontów takich jak *Wolbachia*, w wybranych grupach bezkręgowców a raczej porządkuje dostępne barcodes i zwraca uwagę na czujność podczas wykorzystywania zdeponowanych już sekwencji. Mam delikatnie mieszane uczucia nad zasadnością włączenia artykułu w cykl prac. Dorobek oraz prace habilitantki są na tyle dobre, że cykl miałby dalej dużą wartość naukową bez tej jednej pracy.

W drugiej pracy wchodzącej w skład cyklu, **Mioduchowska i in. (2018b)** zaprojektowała i opisała, *in silico*, niezdegradowane startery (WOLBSL 5'-GCTAGTTGGTGGAGTAATAGCC-3' i WOLBSR 5'-GACTACCAGGGTATCTAATCCTG-3') do amplifikacji fragmentu genu 16S rRNA bakterii (endo)symbiotycznych. Działanie zostało przetestowane na przedstawicielu należącym do gromady małżoraczków Ostracoda, jak i na gatunkach zaliczanych do tzw. dużych skrzelonogów Branchiopoda. Przy użyciu zaprojektowanych starterów dokonano wykrycia szeregu (endo)symbiontów w tym rodzaju *Wolbachia*. Jest to kluczowa praca w dalszych krokach badawczych podejmowanych przez habilitantkę.

Trzeci artykuł cyklu ma ciekawe implikacje dotyczące ochrony gatunkowej. **Mioduchowska i in. (2020a)** koncentruje się na identyfikacji bakterii endosymbiotycznych z rodzajów *Wolbachia* i *Cardinium* związanych z zagrożonym wyginięciem słodkowodnym małżem, skójką gruboskorupową *Unio crassus* Philipsson, 1788. Bazą do powstania tej pracy były artykuły Mioduchowska i in. (2016) oraz Burzyński i in (2017). Celem pracy były i) kompleksowy wgląd w profil mikrobiomu na drodze sekwencjonowania nowej generacji regionu hiperzmiennego V3–V4 bakteryjnego fragmentu 16S rRNA; ii) molekularne potwierdzenie infekcji potencjalnymi bakteriami endosymbiotycznymi i analiza ich dystrybucji u samców oraz samic. W wyniku analizy mikrobiomu *U. crassus*, autorzy zidentyfikowali endosymbiotyczne bakterie z rodzaju *Cardinium* oraz sekwencje należące do bakterii z rzędu Rickettsiales. Niemniej jednak nie stwierdzono OTU sklasyfikowanego do niższego poziomu taksonomicznego, tj. do rodzaju *Wolbachia* (która należy do rzędu Rickettsiales). Finalnie habilitantka wykorzystwała specyficzne startery do amplifikacji fragmentu genów 16S rRNA u bakterii z rodzaju *Cardinium* oraz *Wolbachia* (Simões i in., 2011; Singh i in., 2013; Mains i in., 2016) stwierdzając endosymbionty u samic *U. crassus*. Autorzy podkreślają, że poznanie relacji endosymbiont-gospodarz oraz ich wpływu na biologię i ekologię jest ważne w zarządzaniu zagrożonym gatunkiem małża.

Mioduchowska i in. (2020b) przedstawili profil mikrobiomu wątrobotrzustki małża *U. crassus* na tle linii ewolucyjnych gospodarza, jego płci, oraz występowania populacji w różnych warunkach siedliskowych. Zidentyfikowano wspólny mikrobiom dla wszystkich badanych osobników, łącznie 69 OTU. W przypadku bakterii (endo)symbiotycznych, stwierdzono obecność bakterii umożliwiających trawienie celulozy: *Bacillus* sp., *Flavobacterium* sp., *Pseudomonas* sp. i *Stenotrophomonas* sp. Dokonano pionierskiego odkrycia endosymbiotycznej bakterii z rodzaju *Candidatus xiphinematobacter*, znanej z indukcji partenogenezy u swoich gospodarzy. Endosymbiont wystąpił tylko w jednej z badanych populacji, u obu płci. Zarówno obecność endosymbionta *C. xiphinematobacter* jak i bakterii celulozolitycznych może być efektem transferu horyzontalnego (wraz z pokarmem).

Autorzy stwierdzili, że praca umożliwia poznanie czynników pozwalających małżom zasiedlanie ekstremalnych ekosystemów, a także nabycie rzadkich w świecie zwierząt zdolności ksylotroficznych. Bez wątplenia praca jest interesująca a podejście do prowadzenia badań z włączeniem dwóch płci oraz populacji występujących w różnych warunkach siedliskowych jest

bardzo wartościowe. Nie do końca jednak zgodzę się, że małże zasiedlają ekstremalne ekosystemy i mają zdolności ksylotroficzne. Zdaję sobie sprawę, że postrzeganie ekosystemów ekstremalnych opiera się właściwie na perspektywie gdzie „punkt widzenia zależy od punktu siedzenia”. Jednak nie uważam, żeby *U. crassus* zasiedlał ekosystem ekstremalny. Stwierdzenie występowania bakterii umożliwiających trawienie celulozy nie musi być związane z faktycznym żywieniem się drewnem. Mogą mieć na to wpływ także inne czynniki, przykładowo filtrowanie bakterii, które faktycznie tę celulozę w wodzie rozkładają.

W piątej pracy cyklu **Kaczmarek i in. (2020)** opisano nowy dla wiedzy gatunek niesporczaka z Madagaskaru – *Paramacrobotus experimentalis* Kaczmarek, Mioduchowska, Poprawa & Roszkowska, 2020. Praca to bardzo dobry przykład integratywnego opisu nowego gatunku, który łączy w sobie podejście klasyczne (obserwacje mikroskopowe) oraz molekularne (barcoding) wraz z analizą strukturalną oraz badaniem mikrobiomu. W publikacji tej, dr Mioduchowska w oparciu o sekwencjonowanie NGS bakteryjnego fragmentu genu 16S rRNA, opisała profil mikrobiomowy dwóch „populacji” *P. experimentalis*, które były utrzymywane przez dwa lata w hodowli laboratoryjnej. Dodatkowo porównała mikrobiom medium do hodowli oraz mikrobiom niesporczaków. Dzięki wykorzystaniu takiego podejścia potwierdzono, że mikrobiom Tardigrada znacznie różni się od zgrupowania bakteryjnego zasiedlającego medium z pokarmem. Zidentyfikowano OTU sklasyfikowane do potencjalnych bakterii endosymbiotycznych należących do rzędu Rickettsiales, co jest zgodne z wcześniejszymi pracami dotyczącymi mikrobiomu Tardigrada. Stwierdzono także obecność endosymbiotycznego rodzaju *Polynucleobacter* opisanego wcześniej w literaturze jako obligatoryjny endosymbiont słodkowodnych orzęsków Ciliata. Tutaj pragnę zwrócić uwagę, że jest to faktycznie interesujące odkrycie. W przyszłości warto przyjrzeć się medium (innymi słowy zrobić dobry screening) w którym znajdowały się niesporczaki zarówno pod mikroskopem jak i z zastosowaniem sekwencjonowania w celu oznaczenia eukariontów. Osobiście nie wykluczałbym obecności przedstawicieli Ciliata w pokarmie oraz medium w którym przebywały hodowane niesporczaki. Przez dużą liczbę odczytów najliczniejszych bakterii w medium, obecność endosymbionta orzęsków, mogła po prostu nie zostać wykryta. Niesporczaki regularnie wyjadające orzęski mogły być jedynie tymczasowym hostem dla tej bakterii.

W szóstej pracy cyklu, **Mioduchowska i in. (2021)** przy użyciu bazy Greengenes zidentyfikowali bakterie z rodzaju *Wolbachia* u gatunków słodkowodnych oraz lądowych Tardigrada. Zastosowanie bazy Greengenes pozwoliło na zidentyfikowanie OTU *Wolbachia* w badanych mikrobiomach dorosłych osobników Tardigrada, tj.: *Paramacrobotus* sp. i *M. polypiformis*. Natomiast bakterie należące do rzędu Rickettsiales zostały stwierdzone w jajach partenogenetycznego gatunku *P. fairbanksi* oraz u rozdzielnopłciowych dorosłych osobników *M. polypiformis* i u dwóch taksonów *Paramacrobotus* sp. Moim zdaniem najbardziej interesującym elementem pracy jest wykazanie różnej „czułości” między powszechnie wykorzystywaną bazą Silva a wykorzystaną przez autorów bazą Greengenes.

Do powstania siódmej pracy cyklu **Mioduchowska i in. (2023)** wykorzystali otrzymane we wcześniejszych pracach sekwencje bakterii zidentyfikowanych w wybranych grupach bezkręgowców. Za najistotniejsze osiągnięcie w tej pracy uważam opracowania nowych narzędzi bioinformatycznych, tj. napisanego w języku Python nowego skryptu, który umożliwił identyfikację bakterii z rodzaju *Wolbachia* z analizowanych sekwencji ampliconów V3-V4 16S rRNA. Dodatkowe odkrycia to identyfikacja nowej dla nauki supergrupy *Wolbachia*, zidentyfikowanej u Crustacea i Bivalvia. W pracy potwierdzono także obecność *Wolbachia* m.in. u niesporczaka *P. experimentalis* u którego w Publikacji 5, zidentyfikowano bakterie należące do rzędu *Rickettsiales*, przy zastosowaniu metagenomiki i amplifikacji fragmentu genu 16S rRNA, przy użyciu powszechnie stosowanych starterów. Odkryte infekcje bakteriami należącymi do rodzaju *Wolbachia* oraz rzędu *Rickettsiales* u kilku gatunków Tardigrada mogą zapoczątkować nowe kierunki badań nad niesporczakami, w tym nad koewolucją gospodarz-endosymbiont – z czym całkowicie się zgadzam.

Uwagi do autoreferatu

Od dobrych kilku lat zajmuje się Tardigrada, dlatego też czuję, że powinienem zwrócić uwagę na fakt, że badani przedstawiciele niesporczaków nie są gatunkami typowo słodkowodnymi. Faktycznie niesporczaki zasiedlające mszaki potrzebują filmu wody aby być aktywne, jednak nie są to gatunki obligatoryjnie związane ze zbiornikami słodkowodnymi. Typowe gatunki słodkowodne należą m.in. do rodzajów *Dactylobiotus*, *Thulinus* czy *Pseudobiotus*. Gatunków z rodzajów *Macrobiotus* czy *Paramacrobiotus* nie powinno się określać jako słodkowodne. Jest to uchybienie, które w mojej ocenie w żaden sposób nie wpływa na całość prezentowanego cyklu i oceny osiągnięć naukowych dr Mioduchowskiej, jednak warto mieć tę różnicę na uwadze w przyszłych badaniach.

Podczas czytania obszernego autoreferatu znalazłem kilka drobnostek gramatycznych jak np. „mogą być niezbędna w procesie embriogenezy”, brak kursywy czy drobne nieścisłości. Nie do końca mogę się zgodzić ze stwierdzeniem o „marginalnym aspekcie ekologicznym” w pracy Vecchi i in. (2016). Autorzy przedstawili badania pionierskie i raczej na ówczesnym etapie zrobili bardzo dużo bo zdecydowali się sekwencjonować zarówno substrat zasiedlony przez zwierzęta jak i zwierzęta. Nie do końca jestem też przekonany, że praca Krantz i in. (1999) faktycznie wskazuje na związek pomiędzy niesporczakami i fitopatogenami – sugerowałbym ostrożność. Opierając się o tekst tej pracy możemy raczej stwierdzić, że wyniki badań jedynie sugerują istnienie takiego związku. Jako recenzent czuję, że należy o tych drobnostkach wspomnieć, jednak nie uważam, że są one w jakimkolwiek stopniu istotne w ocenie osiągnięcia oraz dorobku naukowego.

AKTYWNOŚĆ NAUKOWA

Dorobek publikacyjny dr Mioduchowskiej w trakcie składania osiągnięcia to 29 artykułów, 201 cytowań (wyłączając autocytowania) i H = 9 (wg Scopus). Na dzień 06.02.2024 r. dorobek ten

uległ zmianie i wynosi już 34 artykuły oraz 248 cytowań (wyłączając autocytowania), indeks *H* pozostaje bez zmian (wg Scopus). Poza siedmioma pracami będącymi opisem osiągnięcia naukowego, dr Monika Mioduchowska opublikowała do momentu składania osiągnięcia habilitacyjnego 22 artykuły z czego w dwóch była pierwszą autorką. Dwanaście artykułów dotyczy zoogeografii oraz taksonomii Tardigrada. Pozostałe prace dotyczą mięczaków oraz skorupiaków. Warto podkreślić, że w pracach o charakterze taksonomicznym do klasycznych opisów gatunków dołączone zostały podstawowe „*barcodes*” oraz drzewa filogenetyczne wskazujące rzeczywistą przynależność taksonu do konkretnych grup filogenetycznych. Zdecydowanie jest to niezwykle wartościowa część prac tardigradologicznych.

Zarówno przed jak i po uzyskaniu stopnia doktora *curriculum vitae* dr Mioduchowskiej obfituje w liczne doniesienia konferencyjne. Łącznie było ich 62. Są to zarówno prezentacje jak i plakaty na konferencjach krajowych oraz międzynarodowych, zarówno w Polsce jak i za granicą.

Doktor Monika Mioduchowska bez wątpienia aktywnie aplikuje o środki ze źródeł zewnętrznych i może pochwalić się pewnymi sukcesami. Obecnie jest kierowniczką projektu finansowanego przez Narodowe Centrum Nauki w ramach konkursu *Sonata 17*, kierowała także projektem *Miniatura 1* finansowanym przez NCN oraz projektem finansowanym przez *European Molecular Biology Organization (EMBO)*. Wszystkie trzy projekty dotyczą bakterii endosymbiontycznych u Tardigrada, Crustacea i Mollusca. Wśród projektów realizowanych w trakcie kariery habilitantki znajduje się także długa lista tych finansowanych ze źródeł wewnętrznych. W tym przypadku jednostką finansującą jest Uniwersytet Gdański. Jest to 17 projektów, w tym 11 kierowanych w latach 2007-2022 przez doktor Mioduchowską, które dotyczyły szerokiego spektrum zagadnień, od zgrupowań meiobentosu badanego w ramach projektów studenckich do badania metapopulacji zadychry pospolitej, już przez Panią doktor. Listę projektów w realizacji oraz tych zakończonych uważam za przyzwoitą.

W trakcie swojej dotychczasowej kariery dr Monika Mioduchowska odbyła dwa staże podoktorskie. Jeden został zrealizowany w jednostce macierzystej z kolei drugi na Wydziale Biologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Łódzkiego. Warto wspomnieć o wyjeździe naukowym do Laboratory of Aquatic Ecology, Evolution and Conservation, KU Leuven w Belgii. Wyjazd realizowany był w ramach projektu EMBO i dotyczył badań skorupiaków.

Jako część aktywności naukowej traktuję także aktywność recenzencką. Bez wątpienia jest to spory wysiłek intelektualny. Tutaj dr Mioduchowska może pochwalić się długą listą czasopism dla których oceniała manuskrypty, są tam czasopisma dobre jak np. *Limnology* a także bardzo dobre jak np. *Molecular Ecology*. Nie mam większych zastrzeżeń co do aktywności naukowej dr Mioduchowskiej, oceniam ją bardzo pozytywnie. Jedyne na co zwróciłbym uwagę w przyszłości to większy nacisk na wyjazdy zagraniczne i przesunięcie swoich endosymbiotycznych figur na naukowej szachownicy w stronę współpracy międzynarodowej.



DZIAŁALNOŚĆ DYDAKTYCZNA

Działalność dydaktyczna, organizacyjna oraz popularyzatorska wygląda bardzo dobrze. W karierze dydaktycznej znajdują się autorskie wykłady z przedmiotu Ekologia Molekularna, promotorstwo w czterech pracach licencjackich oraz magisterskich a także rola promotora pomocniczego w obronionej przez dr Pushpalatę Kayasthę pracy doktorskiej pt. „The genus *Paramacrobiotus* (Tardigrada): integrative taxonomy, biogeography and effects of stress factors on the selected species”. Role wymienione powyżej wskazują na spore doświadczenie i samodzielność zarówno w prowadzeniu zajęć dydaktycznych jak i kierowaniem studentów. Ponadto dr Mioduchowska w trakcie swojej kariery akademickiej aktywnie angażowała się w życie Koła Naukowego na Uniwersytecie Gdańskim będąc zarówno opiekunem jak i przewodniczącą kół naukowych. Na uwagę zasługuje także poświęcenie sporej ilości czasu, dla mnie osobiście ważnej, popularyzacji nauki. Doktor Mioduchowska angażowała się w Bałtycki Festiwal Naukowy, Uniwersalną Strefę Nauki w Galerii Bałtyckiej, Noce Biologów czy pikniki naukowe.

PODSUMOWANIE

Doktor Monika Mioduchowska jest w pełni samodzielnym badaczem. Publikuje wyniki swoich badań w prestiżowych czasopismach naukowych, jest widoczna na arenie międzynarodowej, publikowane prace są cytowane, pozyskuje środki ze źródeł zewnętrznych, jest aktywna jako recenzent, organizator i dydaktyk.

Biorąc pod uwagę powyższe stawiam wniosek o uznanie osiągnięcia naukowego, dorobku naukowego i dydaktycznego dr Moniki Mioduchowskiej za odpowiadające wymogom art. 219 ust. 1 pkt. 2 Ustawy Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce z dnia 20 lipca 2018 roku. Wnoszę zatem do Rady Dyscypliny Nauki Biologiczne Uniwersytetu Gdańskiego o nadanie Pani dr Monice Mioduchowskiej stopnia naukowego doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauki biologiczne.

Z wyrazami szacunku,

dr hab. Krzysztof Zawierucha