

Prof. dr hab. Adam Rostański
Instytut Biologii, Biotechnologii
i Ochrony Środowiska,
Wydział Nauk Przyrodniczych
Uniwersytet Śląski, Katowice
adam.rostanski@us.edu.pl

Recenzja osiągnięcia naukowego w postępowaniu w sprawie nadania stopnia naukowego doktora habilitowanego Panu doktorowi Marcinowi Górniakowi z Katedry Genetyki Ewolucyjnej i Biosystematyki Wydziału Biologii Uniwersytetu Gdańskiego.

Tytuł osiągnięcia: „Wykorzystanie niskokopijnych jądrowych markerów molekularnych w analizach filogenetycznych na różnych poziomach taksonomicznych w rodzinie Orchidaceae”

1. Podstawa prawna wykonania recenzji

- Pismo Przewodniczącej Rady Dyscypliny Nauki biologiczne Uniwersytetu Gdańskiego dr hab. Joanny N. Izdebskiej, prof. UG - z dnia 28 listopada 2023 r. o powołaniu recenzentów postępowania habilitacyjnego,
- Ustawa z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce.

Recenzja została wykonana na podstawie otrzymanej dokumentacji (w formie elektronicznej), dotyczącej postępowania habilitacyjnego pana dr Marcina Górniaka z Uniwersytetu Gdańskiego, wszczętego dnia 28 września 2023 roku, w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauki biologiczne.

2. Informacje o habilitancie

Dr Marcin Górniak zatrudniony jest zatrudniony jako adiunkt w Katedrze Genetyki Ewolucyjnej i Biosystematyki Wydziału Biologii Uniwersytetu Gdańskiego. W dniu 28.września 2023 roku złożył wniosek o przeprowadzenie postępowania w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne. Jako osiągnięcie naukowe, zgodnie z art. 219 ust. 1. pkt 2b ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce, będące podstawą ubiegania się o nadanie stopnia doktora habilitowanego – dr Marcin Górniak wskazał cykl 5 powiązanych tematycznie artykułów naukowych, zatytułowany „Wykorzystanie niskokopijnych jądrowych markerów molekularnych w analizach filogenetycznych na różnych poziomach taksonomicznych

w rodzinie Orchidaceae”. Habilitant przedstawił stosowną dokumentację, odpowiednią do oceny w postępowaniu o nadanie stopnia doktora habilitowanego.

3. Ocena osiągnięcia habilitacyjnego

Pan dr Marcin Górniak przedstawił osiągnięcie naukowe w sprawie nadania stopnia naukowego doktora habilitowanego jako cykl pięciu powiązanych tematycznie publikacji, które zostały przygotowane i opublikowane po uzyskaniu stopnia naukowego doktora.

W pracach tych przedstawiono zagadnienia rekonstrukcji filogenezy w rodzinie Orchidaceae, z wykorzystaniem niskokopijnych markerów jądrowych. Metoda ta, przy zastosowaniu właściwej analizy, uwzględniającej możliwe drogi ewolucji, jest odpowiednia do analizy zmienności na różnych poziomach taksonomicznych (m.in. rodziny oraz rodzaju) i posłużyła rozwiązaniu istotnych problemów taksonomicznych na każdym z tych poziomów. Habilitant wskazał na możliwość wykorzystania badanych markerów do detekcji zarówno hybrydyzacji młodych mieszańców, jak i hybrydyzacji ancestralnej. Co istotne, Autor wskazał także kierunki analizy danych molekularnych, które mają sprzeczne sygnały filogenetyczne. Wykazał, że pomimo konfliktu topologii drzew filogenetycznych, przy wsparciu istotnych cech morfologicznych oraz analizie matecznie przekazywanych markerów można opisać historię ewolucyjną badanych taksonów.

Ocena merytoryczna prac przedstawionych jako osiągnięcie naukowe.

1 - **Górniak, M***, Paun, O., Chase, M.W. 2010. Phylogenetic relationships within Orchidaceae based on a low-copy nuclear coding gene, *Xdh*: Congruence with organellar and nuclear ribosomal DNA results. *Mol. Phylogenet. Evol.* 56, 784–795. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2010.03.003>
IF₂₀₁₀: 3.889; punktacja MNiSW: 32

W prezentowanej pracy wykorzystano fragment niskokopijnego genu *Xdh* do rozwiązania problemów taksonomicznych na poziomie rodziny Orchidaceae. Ze względu na ograniczenia związane z markerem *nrITS* w badaniach zagadnień filogenezy na niższych poziomach taksonomicznych, autorzy podjęli się sprawdzenia, czy niskokopijne markery jądrowe można także wykorzystać do rozwiązania problemów taksonomicznych na poziomie rodzaju. Autorzy, używając metody parsymonii oraz analizy bayesowskiej, oszacowali relacje filogenetyczne w obrębie rodziny Orchidaceae, skupiając się na podrodzinach i plemionach. Sekwencje DNA fragmentu genu *Xdh* uzyskano dla 154 taksonów, w tym 126 rodzajów Orchidaceae oraz taksonów z grupy zewnętrznej. Nowatorski wybór markera *Xdh* okazał się bardzo trafny. Poziom zmienności omawianego markera przyczynił się do określenia relacji

filogenetycznych w obrębie rodziny Orchidaceae. Uzyskane wyniki wskazują, że stan monandryczny wyewoluował niezależnie u przodka Vanilloideae i Epidendroideae Orchidoideae. Wkład habilitanta w tworzenie publikacji obejmował: opracowanie koncepcji pracy, udział w projektowaniu nowych starterów do amplifikacji genu *Xdh* dla przedstawicieli rodziny Orchidaceae, izolację, amplifikację i sekwencjonowanie DNA, zdeponowanie sekwencji w bazie NCBI, przygotowanie matrycy do analizy, analizę filogenetyczną, analizę literatury, napisanie manuskryptu, sporządzenie rycin, wprowadzenie w tekście zmian zgodnych z sugestiami recenzentów i odpowiedzi na recenzje.– Habilitant wskazał swój udział w pracy na poziomie 80%.

2 - Szlachetko, D.L., Kolanowska, M., Muller, F., Vannini, J., Rojek, J., **Górniak, M***. 2017. First Guatemalan record of natural hybridisation between Neotropical species of the Lady's Slipper orchid (Orchidaceae, Cyripedioideae). PeerJ 5, e4162. <https://doi.org/10.7717/peerj.4162>
IF₂₀₁₇: 2.118; punktacja MNiSW: 35

Z podrodziny Cyripedioideae, obejmującej pięć rodzajów: *Selenipedium* RCHB.f., *Cyripedium* L., *Phragmipedium* ROLFE, *Mexipedium* V.A.ALBERT & M.W.CHASE i *Paphiopedilum* PFITZER., do prezentowanej pracy autorzy wybrali jeden z najliczniejszych w gatunki rodzaj – *Cyripedium*. W pracy wykorzystano informacje pochodzące zarówno z badań molekularnych, cytologii i morfologii (cechy makromorfologiczne i mikromorfologiczne). Aby dokonać prawidłowej detekcji hybrydyzacji wykorzystano fragment *nrITS*, niskokopijny marker *Xdh* i fragment plastydowego genu *matK*. Oszacowano zmienność tych markerów dla osobników z sympatrycznej populacji oraz dodatkowo zmienność *Cyripedium molle*, blisko spokrewniony z *C. irapeanum*. W pracy opisano nowy takson: *Cyripedium* × *fred-mulleri* SZLACH., KOLAN. & GÓRNIAK, *hybr. nova*. Przedstawiono tu relacje filogenetyczne uzyskane na podstawie analiz sekwencji DNA oraz wykorzystano zegar molekularny do określenia wieku rozejścia się poszczególnych linii filogenetycznych analizowanych gatunków w kontekście zmian geologicznych, które miały miejsce w eocenie i miocenie. Wkład autorski habilitanta w tworzenie publikacji obejmował: opracowanie koncepcji pracy, izolację, amplifikację i sekwencjonowanie DNA, przygotowanie matrycy do analizy, analizę filogenetyczną, analizę literatury, przedstawienie dyskusji do manuskryptu, sporządzenie części rycin oraz wprowadzenie w tekście zmian zgodnych z sugestiami recenzentów, a także odpowiedzi na recenzje. – Habilitant określił swój udział w pracy na poziomie 50%.

3 - Szlachetko, D. L., **Górniak, M***, Kowalkowska, A. K., Kolanowska, M., Jurczak-Kurek, A., and Morales, F. A. 2020. The natural history of the genus *Cypripedium* (Orchidaceae). Plant Biosyst. Int. J. Deal. Aspects Plant Biol. 155, 772–796. IF₂₀₂₁: 1,781; punktacja MEiN: 40

W pracy przedstawiono relacje filogenetyczne, jednego z najliczniejszych w gatunki rodzajów – obuwik *Cypripedium* L., opisane na podstawie analiz sekwencji DNA (*nrITS*) stosując dodatkowo fragment niskokopijnego genu *Aco* z genomu jądrowego. Uzyskane wyniki z matrycy *nrITS/Aco* (wsparty testem bootstrap) wskazały na polifiletyczny charakter podsekcji *Cypripedium*. Wykazano prawdopodobny konflikt pomiędzy regionami chloroplastowymi a jądrowymi, wskazując na możliwy proces hybrydyzacji w tej grupie. Wykorzystano także zegar molekularny do określenia wieku rozejścia się poszczególnych linii filogenetycznych analizowanych gatunków. Wkład autorski habilitanta w tworzenie publikacji obejmował: opracowanie koncepcji pracy, izolację, amplifikację i sekwencjonowanie DNA, zdeponowanie sekwencji w bazie NCBI, przygotowanie matryc do analizy, analizy filogenetyczne, wykonanie zdjęć mikromorfologicznych oraz w skaningowym mikroskopie elektronowym (SEM), analizę literatury, napisanie manuskryptu, sporządzenie rycin, wprowadzenie w tekście zmian zgodnych z sugestiami recenzentów, odpowiedzi na recenzje. – Habilitant określił swój udział w pracy na poziomie 60%.

4 - **Górniak, M***, Szlachetko, D.L., Kowalkowska, A.K., Bohdanowicz, J., Canh, C.X. 2014. Taxonomic placement of *Paphiopedilum canhii* (Cypripedioideae; Orchidaceae) based on cytological, molecular and micromorphological evidence. Mol. Phylogenet. Evol. 70, 429–441. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2013.08.016>; IF₂₀₁₄: 3,916; punktacja MNiSW: 30

W zaprezentowanej pracy przedstawiono relacje filogenetyczne w obrębie rodzaju *Paphiopedilum*, z wykorzystaniem danych cytologicznych, analiz filogenetycznych opartych na genach plastydowych i jądrowych (analiza niskokopijnych markerów jądrowych) oraz badania nadosiowego naskórka liści i struktury gynostemium uzyskane za pomocą mikroskopii skaningowej (SEM) i mikroskopii świetlnej (LM). Badania molekularne oparte wyłącznie o jądrową sekwencję *nrITS* w wielu przypadkach nie potwierdzają klasyfikacji opierającej się o cechy morfologiczne. Prezentowane wyniki ukazały nierozwiązane topologie lub topologie będące ze sobą w konflikcie. W pracy wykorzystano zegar molekularny do określenia wieku rozejścia się poszczególnych linii filogenetycznych analizowanych gatunków. Wyniki oparte zarówno o cechy molekularne, jak i morfologiczne sugerują, że *Paphiopedilum canhii* tworzy niezależną linię filogenetyczną w obrębie rodzaju *Paphiopedilum*, zasługującą na status podrodzajowy. Izolowana pozycja *P. canhii* na jądrowych drzewach filogenetycznych przedstawionych w tym artykule w połączeniu

z unikalnym zestawem cech morfologicznych, potwierdzają status odrębnego podrodzaju - *Megastaminodium* w obrębie rodzaju *Paphiopedilum*. Wkład autorski habilitanta w tworzenie publikacji obejmował: opracowanie koncepcji pracy, zaprojektowanie nowych starterów do amplifikacji genu *Xdh* dla przedstawicieli podrodziny Cypripedioideae, izolację, amplifikację i sekwencjonowanie DNA, zdeponowanie sekwencji w bazie NCBI, przygotowanie matryc do analizy, analizy filogenetyczne, wykonanie zdjęć mikromorfologicznych oraz w skaningowym mikroskopie elektronowym (SEM), analizę literatury, napisanie manuskryptu, sporządzenie części rycin, wprowadzenie w tekście zmian zgodnych z sugestiami recenzentów, odpowiedzi na recenzje. – Habilitant określił swój udział w pracy na poziomie 80%.

5 - Górnjak, M*., Szlachetko, D.L., Olędrzyńska, N., Naczka, A.M., Mieszkowska, A., Boss, L., Ziętara, M.S. Species phylogeny versus gene trees: A case study of an incongruent data matrix based on *Paphiopedilum* PFITZ. (Orchidaceae). Int. J. Mol. Sci. 2021, 22, 11393. <https://doi.org/10.3390/ijms222111393>; IF₂₀₂₁: 6,208; punktacja MEiN: 140

Autorzy przedstawili w pracy model wnioskowania o filogenezie gatunku pomimo niespójności różnych topologii drzew. Rekonstrukcja filogenezy rodzaju *Paphiopedilum* oparta na badaniach plastomu jest zgodna z analizą morfologiczną, choć nie potwierdzona przez analizę markerów jądrowych. Stwierdzono niezgodność topologii drzew różnych markerów jądrowych w podrodzaju *Paphiopedilum*. Analiza, oparta na sześciu genach jądrowych o małej liczbie kopii, okazała się zgodna z filogenezą plastomu i została potwierdzona przez analizę sieci filogenetycznej. W pracy zaprojektowano nowe startery do fragmentu niskokopijnego genu *PhyC*, którego analiza filogenetyczna potwierdziła podział podrodzaju *Paphiopedilum* na dwie linie ewolucyjne. Pomimo uzyskania zgodności topologii drzewa genu *PhyC* do drzewa plastydowego zastanawiające były przyczyny niezgodności topologii drzew pozostałych markerów jądrowych. W niniejszej pracy dokonano ponownej analizy badanych wcześniej markerów, potwierdzając konflikty topologii. Wykonano analizy filogenetyczne dla wszystkich markerów z użyciem metody bayesowskiej, w oparciu o teorię zegara molekularnego, stosując wtórne punkty kalibracyjne. Czas dywergencji podrodzaju *Paphiopedilum* okazał się zgodny z analizą drzewa plastydowego. Wkład autorski habilitanta w tworzenie publikacji obejmował: opracowanie koncepcji pracy, zaprojektowanie nowych starterów do amplifikacji genu *PhyC* dla przedstawicieli podrodziny Cypripedioideae, izolację, amplifikację i sekwencjonowanie DNA, zdeponowanie sekwencji w bazie NCBI, przygotowanie matryc do analizy, analizy filogenetyczne, analizę literatury, napisanie manuskryptu, sporządzenie rycin, wprowadzenie w tekście zmian zgodnych z sugestiami

recenzentów, odpowiedzi na recenzje.– Habilitant określił swój udział w pracy na poziomie 85%.

Przedstawione do oceny osiągnięcie naukowe pana Marcina Górniaka prezentuje znaczące wyniki badań, które dotyczą krytycznej analizy badań filogenetycznych, uzyskanych w oparciu o cechy molekularne, w konfrontacji z koncepcją morfologiczną. Autor wskazuje na prawdopodobne przyczyny istniejących niezgodności. Badania te wpisują się w jeden z głównych nurtów badawczych współczesnej biologii i systematyki molekularnej.

Publikacje, które wchodzi w skład osiągnięcia habilitacyjnego opisują badania wykorzystujące techniki NGS (next-generation sequencing). Umożliwiło to poznanie znacznej części materiału genetycznego poprzez zastosowanie techniki *RADseq* (restriction site-associated DNA sequencing) i co interesujące - w wielu przypadkach przywróciło zasadność koncepcji morfologicznych taksonów, które wcześniej zostały wyparte przez badania filogenetyczne (np. z wykorzystaniem *nrITS*). Autor zaznacza, że pomimo wielu zalet technik NGS, wykorzystanie kilku markerów jądrowych wraz z analizą cech morfologicznych pozwala na właściwe odtworzenie historii ewolucyjnej badanych taksonów bez konieczności wysokobudżetowych badań.

Badania taksonomiczne w rodzinie Orchidaceae z użyciem markerów molekularnych prowadzone były zarówno na poziomie niższych jednostek taksonomicznych (rodzaje, plemiona) jak i na poziomie rodziny. Ze względu na poziom zmienności markerów molekularnych, zastosowanych do rodzajów i plemion, wykorzystywano niekodujące markery chloroplastowe oraz fragment *ITS1-5*, *8S rDNA-ITS2*, z genomu jądrowego (*nrITS*), będący częścią powtarzalnej jednostki transkrypcyjnej rDNA.

Na poziomie rodziny skupiono się na genach kodujących białka z genomu plastydowego takich jak *rbcL*, *matK*, *psaB* oraz *ycf1*. Dodatkowo wykorzystano badania z udziałem jądrowej sekwencji kodującej fragment *18S rDNA* i mitochondrialny intron *nad1 b-c*. Ze względu na niewielką zmienność obu wspomnianych markerów, analizy filogenetyczne z ich udziałem nie rozwiązały relacji filogenetycznych wewnątrz poszczególnych podrodzin.

Dodatkowym problemem w określeniu pokrewieństwa w rodzinie Orchidaceae jest powszechna hybrydyzacja międzygatunkowa i międzyrodzajowa. Ze względu na mateczny typ dziedziczenia markerów chloroplastowych, które standardowo stosowane są w systematyce molekularnej, ukazują one filogenezę tylko jednego z rodzicielskich gatunków (chloroplast capture), utrudniając w ten sposób poznanie historii ewolucyjnej badanej grupy. Podobny problem dotyczy stosowania powtarzalnych jednostek transkrypcyjnych rDNA

(włączając w to *nrITS*), gdyż podlegają one procesom ewolucyjnym, które powodują homogenizację jednostek rDNA (concerted evolution).

Autor, za pomocą niskokopijnych markerów jądrowych kodujących białka, dokonał weryfikacji wyników otrzymanych na podstawie analizy sekwencji pochodzących z genomów przekazywanych jednorodzicielsko lub rDNA. Rekonstrukcja filogenezy Orchidaceae w oparciu o niskokopijne markery jądrowe rozwiązała wiele problemów taksonomicznych na każdym z badanych poziomów. Habilitant wykazał, że zmienność badanych markerów - przy zastosowaniu właściwej analizy uwzględniającej możliwe drogi ewolucji - jest odpowiednia do analiz zarówno na poziomie rodziny jak i rodzaju. Wskazać należy na możliwość wykorzystania tych markerów do detekcji zarówno hybrydyzacji młodych mieszańców, jak i hybrydyzacji ancestralnej.

Co ważne, habilitant wskazał na możliwość analizy danych molekularnych, które mają sprzeczne sygnały filogenetyczne, gdzie pomimo konfliktu topologii drzew filogenetycznych, przy wsparciu cech morfologicznych oraz analizie matecznie przekazywanych markerów, można wyjaśnić historię ewolucyjną problematycznych do wyróżnienia taksonów.

Zaprezentowany przez habilitanta cykl prac jest jednorodnym tematycznie zestawem publikacji, gdzie habilitant jest autorem korespondującym we wszystkich pracach, w trzech z nich jest autorem pierwszym. **Osiągnięcie to oceniam bardzo wysoko pod względem zawartości merytorycznej i wagi uzyskanych wyników.** Wszystkie artykuły opublikowano w czasopiśmie z listy JCR (kwartył Q1-Q3). Sumaryczny **Impact Factor** publikacji tworzących osiągnięcie z roku opublikowania wynosi **17,912 (21,619 IF 5-letni)**. Ogólna **liczba ich cytowań: 245** (Web of Science - 233 bez autocytowań), **274** (Scopus, 266 bez autocytowań). Wartość bibliometryczna publikacji składających się na osiągnięcie wynosi **97 punktów wg wykazu z 25.01.2017 r. i 180 punktów wg wykazu z 21.12.2021 r. (łącznie 277 punktów)**. Wszystkie 5 publikacji ma wysoką jakość naukową i jest dostępne społeczności naukowej, a sam habilitant jest uznanym specjalistą z zakresu taksonomii molekularnej storczykowatych.

Osiągnięcie naukowe dr Marcina Górniaka stanowi zatem istotny wkład w rozwój dyscypliny nauki biologiczne w rozumieniu Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce. Moim zdaniem więc **osiągnięcie naukowe dr Marcina Górskiego stanowi podstawę do nadania stopnia doktora habilitowanego nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne.**

4. Ocena pozostałego dorobku naukowego

Opis działalności naukowej

Pan Marcin Górniak ukończył Wydział Biologii, Geografii i Oceanologii Uniwersytetu Gdańskiego w 2001 r. wykonując pracę magisterską w międzykatedralnym zespole molekularno-taksonomicznym Katedry Taksonomii Roślin i Ochrony Przyrody i Katedry Biologii Molekularnej, pod kierunkiem prof. dr. hab. Grzegorza Węgrzyna, zatytułowaną „Konstrukcja molekularnego klucza do identyfikacji gatunków z rodzajów *Cetraria* ACH., *Platismatia* W. CULB. & C. CULB. i *Tuckermannopsis* GYEL.”.

W trakcie studiów doktoranckich habilitant wdrażał techniki molekularne w badaniach taksonomicznych, opiekując się pod względem treści „molekularnych” magistrantami i doktorantami Katedry Taksonomii Roślin i Ochrony Przyrody, Wydziału Biologii UG, gdzie powierzono mu zadanie stworzenia Laboratorium Taksonomii Molekularnej. Wprowadzano tam techniki biologii molekularnej wykorzystywane w pracach taksonomicznych.

Pracę doktorską wykonał w 2007 r. pod kierunkiem prof. dr hab. Dariusza L. Szlachetko, w Środowiskowym Studium Doktoranckim Uniwersytetu Gdańskiego. Tytuł rozprawy doktorskiej, to „Klasyfikacja rzędu Orchidales w świetle analiz wybranych fragmentów DNA”. W latach 2005 – 2013 pan Marcin Górniak pracował w Katedrze Taksonomii Roślin i Ochrony Przyrody, Wydziału Biologii UG. Od 2013 został zatrudniony jako adiunkt w Katedrze Ewolucji Molekularnej (obecnie Katedra Genetyki Ewolucyjnej i Biosystematyki) Wydziału Biologii UG.

W trakcie działalności naukowej habilitant odbył istotne staże naukowe. Początkowo w Katedrze Systematyki Roślin i Geografii Uniwersytetu Warszawskiego (poznanie procedur uzyskania sekwencji *ITS1-5.8S-ITS2* rDNA metodą Sangera). Następnie staż w University of Copenhagen (Dania) w ramach europejskiego programu stypendialnego „Improving Human Potential” (techniki molekularne i analiza danych sekwencyjnych oraz wykorzystanie sekwencji plastydowych w systematyce roślin). W latach 2005-2006 odbył trzy staże naukowe w Laboratorium Jodrella w Kew Gardens w Londynie, w ramach europejskiego programu BioMoBil (techniki izolacji DNA i długoterminowe przechowywanie materiału do celów badawczych - tzw. Bank DNA, techniki klonowania DNA i zapoznanie się z etapami pracy po uzyskaniu danych sekwencyjnych – tworzenie kontigów sekwencji, szeregowanie DNA, określenie modeli ewolucji DNA oraz metody konstrukcji drzew filogenetycznych). Następnie w ramach programu Synthesys (grant nr GB-TAF-4470) odbył kolejny staż w Laboratorium Jodrella w Londynie (filogeneza rodziny Orchidaceae w oparciu o sekwencje jądrowe i niskokopijny gen *Xdh*).

Odbył także naukowe kursy w Polsce, jak: – Kurs „Zastosowanie genetyki molekularnej w badaniach filogenetycznych i ekologicznych”, Muzeum i Instytut Zoologii PAN, Warszawa (2008); – Kurs w ramach XX Summer School „Advances in Molecular Biology” Instytut Genetyki Człowieka PAN, Poznań (2008); – Kurs „Sekwencjonowanie i analiza metylacji DNA”, Muzeum i Instytut Zoologii PAN, Warszawa (2008); – Kurs „Analiza filogenetyczna”, Polskie Towarzystwo Genetyczne, Gdańsk (2010); – Kurs w ramach 8th Poznań Summer School of Bioinformatics, Adam Mickiewicz University, Poznań, Poland (2010); – Kurs “Analizy molekularne DNA”, Uniwersytet Kazimierza Wielkiego, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Katedra Genetyki, Bydgoszcz (2010); – Szkolenie „Zastosowanie metod biologii molekularnej w kryminalistyce, analizie pokrewieństwa i badaniach genealogicznych” Centrum Edukacji Bio-Medycznej, Centrum Badań DNA, Poznań (2012); – Kurs „Real-Time PCR. Analiza ekspresji genów” SGGW, Katedra Genetyki i Ogólnej Hodowli Zwierząt, organizator ABO (2012); – Kurs w ramach 11-th Poznań Summer School of Bioinformatics “Modern approaches to RNA analyses”, Adam Mickiewicz University, Poznań, Poland (2015).

W 2011 roku dr Górniak w ramach własnego projektu badawczego MNiSW zorganizował ekspedycję naukową do Wietnamu (poszukiwanie rzadkich/nowych gatunków z rodzaju *Paphiopedilum*). Od roku 2022 habilitant pracuje w Pracownia Ewolucji Molekularnej i Bioinformatyki w Katedrze Genetyki Ewolucyjnej i Biosystematyki Wydziału Biologii UG. W efekcie odbytych staży naukowych i prowadzonych badań **habilitant opanował warsztat taksonoma molekularnego**.

Istotny jest wkład habilitanta w badania systematyki rodziny Orchidaceae oraz identyfikację molekularną roślin storczykowatych (uzyskanie danych sekwencyjnych i ich analiza w ujęciu filogenetycznym), co znalazło odzwierciedlenie w 10 artykułach naukowych oraz w dwóch monografiach, gdzie habilitant jest współautorem. Ważne jest też współautorstwo monografii taksonomicznej, dotyczącej storczyków afrykańskich „Orchidaceae of West-Central Africa” (Szlachetko i in. 2010). Ponadto habilitant jest współautorem opisanych sześciu nowych dla nauki rodzajów storczyków: *Ceratopetalorchis* SZLACH., GÓRNIAK & TUKAŁŁO, (2003); *Andinorchis* SZLACH., MYTNIK & GÓRNIAK, (2006); *Brassiopsis* SZLACH. & GÓRNIAK, (2006); *Christensonella* SZLACH., MYTNIK, GÓRNIAK & ŚMISZEK, (2006); *Irenea* SZLACH., MYTNIK, GÓRNIAK & ROMOWICZ, (2006), *Siederella* SZLACH., MYTNIK, GÓRNIAK & ROMOWICZ, (2006), które łącznie obejmują ponad 60 nowych kombinacji gatunków.

Ważnym etapem w pracy naukowej dr Górniaka było stworzenie zespołu taksonomiczno-molekularnego do realizacji projektu związanego z identyfikacją molekularną roślin (Barcoding DNA), gdzie rolą habilitanta oprócz nadzoru nad projektem było uzyskanie fragmentów genu *rbcL* i *matK* dla oznaczonych okazów i zdeponowanie ich w bazie BARCODE OF LIFE DATA SYSTEM (Bold Systems v4) w celu identyfikacji tych gatunków przez innych użytkowników. W bazie zdeponowano łącznie 462 sekwencje. Poza bazą BOLD, w ramach naukowej działalności podczas realizacji różnych projektów, habilitant zdeponował (jest autorem / współautorem) ponad 1200 rekordów sekwencji przedstawicieli rodziny Orchidaceae. Rekordy te znajdują się w bazie NCBI.

Pan dr Górniak jest beneficjentem licznych projektów (grantów) krajowych i zagranicznych. Jeszcze przed uzyskaniem stopnia doktora był kierownikiem (3) lub wykonawcą (1) trzech grantów krajowych i jednego zagranicznego. Po uzyskaniu stopnia doktora habilitant był beneficjentem 5 projektów (w tym jednego zagranicznego, w 4 habilitant był kierownikiem projektu).

Dane naukometryczne

Poza wskazanym wcześniej osiągnięciem habilitacyjnym (rozdz.3), Pan dr Marcin Górniak opublikował dotychczas 30 artykułów w czasopismach naukowych oraz 2 rozdziały w monografiach naukowych. Habilitant jest także autorem (współautorem) 3 monografii naukowych. Sumaryczny IF **Impact Factor** powyższych publikacji wynosi **82,80** (wg Bazy Wiedzy Uniwersytetu Gdańskiego - 2023), a **liczba cytowań** publikacji wnioskodawcy według **Scopus** – **274 (266 bez autocytowań)**, według **Web of Science** – **245 (233 bez autocytowań)**. Wyliczony **Indeks H** wg. różnych baz wynosi – **9** (Scopus) lub – **8** (WoS). **Sumaryczna liczba punktów** za publikacje wg punktacji MEiN jest wysoka i wynosi **1648** (wg Bazy Wiedzy Uniwersytetu Gdańskiego). Aktywność naukową habilitanta można uznać za bardzo wysoką i w pełni **odpowiadającą wymaganiom określonym w art. 219 ust. 1 pkt 2 Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce, dla osoby ubiegającej się o stopień doktora habilitowanego**

5. Ocena działalności dydaktycznej, popularyzatorskiej i organizacyjnej

Zajęcia dydaktyczne dr Marcin Górniak realizował od początku podjęcia pracy na etacie adiunkta prowadząc m.in. ćwiczenia, wykłady, pracownie, seminaria w ramach kilku różnych kierunków studiów I i II stopnia na Wydziale Biologii UG (kierunki: Biologia, Biologia medyczna, Genetyka i biologia eksperymentalna) oraz na innych wydziałach –

Wydziale Matematyki i Fizyki i Wydziale Prawa i Administracji. W ramach zajęć dydaktycznych habilitant opracowywał autorskie programy do ćwiczeń („*Wstęp do bioinformatyki*” i „*Drzewa życia*”) oraz materiały do zajęć online i instrukcje do ćwiczeń.

Ważnym elementem kariery dydaktycznej habilitanta jest udział w kształceniu kadry, który habilitant realizuje poprzez opiekę nad pracami dyplomowymi, oraz pełnienie funkcji promotora pomocniczego.

Opieka naukowa nad studentami obejmuje promotorstwo 11 prac licencjackich w latach 2015–2020 oraz promotorstwo 14 prac magisterskich w latach 2009–2022, na różnych kierunkach studiów (m.in. Biologia, Biologia medyczna, Bioinformatyka) na Wydziale Biologii Uniwersytetu Gdańskiego.

Interesujące są też zajęcia (wykłady i laboratoria) prowadzone na kierunku Kryminologia Wydziału Prawa i Administracji (m.in. *Badania śladów przestępstw metodami biologicznymi*) oraz *Zagadnienia taksonomii i filogenetyki molekularnej* dla kierunku Bioinformatyka na Wydziale Matematyki i Fizyki UG.

W ramach **działalności popularyzującej naukę** habilitant brał udział w realizacji programów popularyzatorskich i edukacyjnych realizowanych na Wydziale Biologii UG. M.in. w ramach działań promujących wiedzę biologiczną, jak: „Zaproś naukowca do szkoły” czy „Poznaj pracę Biologa” zrealizował autorskie warsztaty pt.: „Od liścia do drzewa filogenetycznego”. W ramach prezentacji tematyki badań prowadzonych w Katedrze Taksonomii Roślin i Ochrony Przyrody i w Katedrze Ewolucji Molekularnej habilitant przygotowywał i prowadził spotkania z młodzieżą i dorosłymi w trakcie „Bałtyckiego Festiwalu Nauki” (3 edycje), „Nocy Biologów” oraz „Dni otwartych” na Wydziale Biologii UG.

Działalność organizacyjna habilitanta związana jest z Wydziałem Biologii UG, gdzie pracował jako współorganizator Bałtyckiego Festiwalu Nauki oraz Letniej Szkoły Taksonomii. Ważną inicjatywą dr Górniaka i jego osobistym sukcesem organizacyjnym było przygotowanie i współtworzenie **Laboratorium Taksonomii Molekularnej** w Katedrze Taksonomii Roślin i Ochrony Przyrody WB-UG.

Habilitant jest obecnie reprezentantem grupy adiunktów w pracach organizujących działalność Wydziału Biologii jako członek Rady Wydziału Biologii (od 2021). Istotnym momentem w jego pracy organizacyjnej jest działalność na rzecz organizacji dydaktyki na Wydziale Biologii UG, gdzie jest członkiem Rady kierunku „Biologia medyczna” (od roku 2016 do dziś), wiceprzewodniczącym Rady kierunku „Genetyka i biologia eksperymentalna” (od 2023).

6. Konkluzja końcowa

W podsumowaniu oceny osiągnięcia habilitacyjnego oraz pozostałego dorobku naukowego pana dr Marcina Górniaka stwierdzam, że **osiągnięcie habilitacyjne i dorobek naukowy habilitanta stanowią znaczący wkład rozwój dyscypliny nauki biologiczne i spełniają w pełni warunki określone w art. 219 ust. 1 pkt 2 z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce.** Na tej podstawie wnioskuję o **dopuszczenie pana dr Marcina Górniaka do dalszych etapów postępowania habilitacyjnego**, w celu uzyskania stopnia doktora habilitowanego nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne.



Prof. dr hab. Adam Rostański