

2015 07. 13.

Prof. dr hab. Elżbieta Żbikowska
Zakład Zoologii Bezkręgowców
Wydział Biologii i Ochrony Środowiska
Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu

Toruń, 10.07.2015

RECENZJA

dorobku naukowego dr Małgorzaty Karoliny Zbawickiej ze szczególnym uwzględnieniem prac:

1. Complete sequences of mitochondrial genomes from the Baltic mussel *Mytilus trossulus*.
2. Scottish *Mytilus trossulus* mussels retain ancestral mitochondrial DNA: Complete sequences of male and female mtDNA genomes.
3. Mitogenomics of recombinant mitochondrial genomes of Baltic Sea *Mytilus* mussels.
4. Identification and validation of novel SNP markers in European populations of marine *Mytilus* mussels.
5. New SNP markers reveal largely concordant clinal variation across the hybrid zone between *Mytilus* spp. in the Baltic Sea.

stanowiących osiągnięcie naukowe przedstawione w formie monotematycznego cyklu zatytułowanego : „**Wpływ hybrydyzacji i introgresji na strukturę genetyczną omułka *Mytilus trossulus***”.

Sylwetka naukowa dr Małgorzaty Karoliny Zbawickiej

Pani doktor Małgorzata Karolina Zbawicka ukończyła z wyróżnieniem studia wyższe na Wydziale Biologii, Geografii i Oceanologii Uniwersytetu Gdańskiego w 1992 roku uzyskując tytuł magistra biologii. W roku 1993 została zatrudniona na stanowisku asystenta w Centrum Biologii Morza PAN w Pracowni Genetyki. Warsztat badawczy Habilitantka miała okazję doskonalić podczas półrocznego stypendium Rządu Francuskiego w Centre de CNRS Genetique Moleculaire w Gif-sur-Yvette pod kierunkiem utytułowanego i zasłużonego dla nauki Profesora Jean Claude Mounolou, zapoznając się z metodami badań mitochondrialnego DNA.

Kierowanie grantem KBN w latach 1996-1997 pozwoliło Habilitantce na finansowanie badań nad polimorfizmem mitochondrialnego DNA omułków z polskiego wybrzeża Morza Bałtyckiego, a status wykonawcy w projekcie realizowanym w latach 1996-1999 umożliwił aktywne uczestnictwo w zgłębianiu problemu genetycznej różnorodności małży, co stało się kanwą dla późniejszych badań, których wyniki opublikowano w artykule zamieszczonym w *Marine Biology*: „Mitochondrial DNA lineages in the European populations of mussels (*Mytilus* spp.)” (20% wkład pracy Habilitantki). Uczestnictwo w

międzynarodowym projekcie badawczym w latach 1997-1998, z którym wiązał się miesięczny pobyt Habilitantki na Uniwersytecie w Helsinkach, służyło dalszemu doskonaleniu warsztatu badawczego w zakresie badania mechanizmów powstawania heteroplazmii u zwierząt. Prowadzone w ramach projektów badawczych prace, pozwoliły na scharakteryzowanie haplotypów mtDNA populacji *Mytilus trossulus* z polskiego wybrzeża Bałtyku, a wykorzystanie tkanek somatycznych małży jako źródło mtDNA umożliwiło identyfikację siedemnastu wariantów długości głównego rejonu niekodującego u osobników homo- i heteroplazmatycznych. Wyniki tych badań wskazujące na użyteczność wykorzystania wariantów mtDNA do rozróżniania populacji omułek zostały przedstawione w obronionej w 2000 roku rozprawie doktorskiej „Zróżnicowanie i transmisja mitochondrialnego DNA w populacjach omułka *Mytilus trossulus* z polskiego wybrzeża”, przygotowanej pod kierunkiem dr. hab. Romana Wenne.

Po uzyskaniu stopnia doktora nauk biologicznych Pani dr Małgorzata Karolina Zbawicka została adiunktem w macierzystej placówce i kontynuowała badania nad genetyczną różnorodnością małży z rodzaju *Mytilus*. Status wykonawcy w realizowanym w latach 2005-2008 projekcie umożliwił dr Zbawickiej uczestniczenie w pracach nad rekombinacją mitochondrialnego DNA u przedstawicieli bałtyckich populacji *M. trossulus*. Do Jej zadań należały: (i) określanie płci małży oraz (ii) amplifikacja i (iii) sekwencjonowanie wyizolowanego z ich komórek DNA. Za sukces całego zespołu prowadzącego badania należy uznać dostarczenie dowodów na powszechność zjawiska rekombinacji mtDNA w komórkach małży z rodzaju *Mytilus*.

W kontynuowanych badaniach nad cytoplazmatycznym dziedziczeniem u omułek dr Zbawicka zajmowała się identyfikacją gatunków w oparciu o trzy markery jądrowego DNA, postulowane w latach 90 XX wieku przez Inoue i współautorów jako diagnostyczne dla trzech gatunków z rodzaju *Mytilus*. Istotnym wkładem dr Zbawickiej było opracowanie nowej diagnostycznej metody analizy jednego z tych markerów (EFbis). Stała się ona użytecznym narzędziem w dalszej pracy nad omułkami, poświęconej między innymi molekularnej biogeografii morskich małży.

Obecnie Habilitantka kontynuuje badania nad rozprzestrzenieniem morskich małży wykorzystując nowe wykryte markery molekularne SNP, wykazujące wysoki potencjał w badaniu stref hybrydyzacji mięczaków z rodzaju *Mytilus*. W autoreferacie podaje między innymi, że na opublikowanie oczekują dane o: (i) obecności *M. trossulus* u wybrzeży Grenlandii, (ii) odkryciu nieznannej formy hybrydy trzech taksonów *Mytilus* (*M. galloprovincialis*, *M. platensis* i *M. chilensis*) na atlantyckim wybrzeżu Argentyny, (iii)

powstaniu południowo-afrykańskich populacji *M. galloprovincialis* w drodze introdukcji atlantyckiej, a nie jak sądzono śródziemnomorskiej formy tego gatunku.

Metodę tę, jak sugeruje Habilitantka można z powodzeniem wykorzystywać także w pracach aplikacyjnych, np. do ustalania pochodzenia małży w produktach spożywczych dostępnych w sklepach.

Podnoszenie kwalifikacji w zakresie molekularnych technik badawczych, współpraca naukowa w ramach licznych realizowanych ministerialnych projektów, uczestnictwo w programach międzynarodowych, także współpraca w ramach sieci UE Network of Excellence on Marine Genomics Europe (MGE), aktywny udział w konferencjach międzynarodowych i krajowych, a w ostatnim roku zaproszenie do recenzowania publikacji nadesłanych do Marine Ecology i Ecology and Evolution wskazują na wysoką aktywność naukową Pani dr Zbawickiej.

Ocena osiągnięcia naukowego przedstawionego w formie monotematycznego cyklu publikacji.

Pięć prac wskazanych przez Autorkę jako monotematyczny zbiór publikacji, stanowiących podstawę do ubiegania się o stopień doktora habilitowanego to zespołowe artykuły, w których pierwszym autorem jest Habilitantka. Wkład własny dr Zbawickiej w osiągnięcia naukowe zawarte w tych pracach zgodnie z Jej oświadczeniem polegał na współudziale „...w opracowaniu koncepcji i większości tekstu...” wszystkich wymienionych artykułów. Ponadto w trzech pierwszych pracach samodzielnie zebrała wszystkie próby malakologiczne i określiła płeć badanych osobników, przeprowadziła izolację, amplifikację (PCR), sekwencjonowanie i składanie surowych sekwencji DNA. W pracach [4] i [5] przeprowadziła amplifikację DNA i przy użyciu odpowiednich programów wyszukiwała SNP. We wszystkich pracach odpowiedzialna była za przeprowadzenie większości analiz porównawczych i statystycznych, których efekty zamieściła w postaci odpowiednich tabel i rysunków. Habilitantka określiła swój udział w powstaniu prezentowanych prac na blisko 70%. Wprawdzie w dołączonych oświadczeniach żaden ze współautorów nie precyzuje matematycznie stopnia swojego udziału w przygotowanie publikacji, to jednak na podstawie dołączonego szczegółowego opisu zaangażowania poszczególnych autorów oceniam, że wymagane kryterium dominacji wkładu Habilitantki w osiągnięcie zostało spełnione.

Osiągnięcie przedstawione do oceny dotyczy interesującego zjawiska hybrydyzacji i introgresji w populacjach *Mytilus trossulus*. Zjawisko swobodnego przepływu genów

pomiędzy (pod)gatunkami należącymi do rodzaju *Mytilus* umożliwia, po zastosowaniu odpowiednich narzędzi molekularnych, postawienie hipotez na temat historii rozprzestrzenienia omułków na kuli ziemskiej. Weryfikacja hipotez wymaga przede wszystkim znalezienia w genetycznym materiale badanych zwierząt sekwencji identyfikujących poszczególne populacje. Przedstawione do oceny osiągnięcie obejmuje badania nad poszukiwaniem takich sekwencji zarówno w mitochondrialnym jak i jądrowym DNA omułków.

Pierwsza z prac [1] przedstawia analizę pełnych sekwencji mtDNA męskiego (M) i żeńskiego (F) haplotypu występujących w Bałtyku *M. trossulus*. Ustalono, że haplotyp pochodzący z żeńskich komórek rozrodczych posiadał małą duplikację w obrębie domeny VD1 zlokalizowanej w CR. Drugi haplotyp – izolowany z plemników bałtyckiego omułka – był typowym genomem M charakterystycznym dla *M. edulis*. Z porównania obu genomów wynikało, że F był o 147 par zasad dłuższy niż M, a większość zaobserwowanych między nimi różnic była zlokalizowana we wspomnianym rejonie VD1. Na podstawie analizy badanych sekwencji DNA negatywnie zweryfikowano hipotezę o jądrowym pochodzeniu heteroplazmii wariantów mtDNA. Ponadto w konkluzji stwierdzono, że wysokie podobieństwo między męskim genomem (M) bałtyckiego *M. trossulus* i *M. edulis* wskazuje, że genom ten trafił do populacji omułków występujących w południowym Bałtyku wskutek introgresji z *M. edulis* zamieszkujących Morze Północne. Niewielkie różnice w sekwencji haplotypu F mtDNA z *M. edulis* i *M. trossulus* zamieszkujących Bałtyk wskazują, że introgresja w tym genomie miała miejsce stosunkowo niedawno (kilka tysięcy lat temu).

W kolejnej pracy wchodzącej w skład ocenianego osiągnięcia [2] analizowano pochodzenie omułków występujących u wybrzeży Wysp Brytyjskich. Kluczową kwestią, rozwiązana w wyniku przeprowadzonych badań, było dostarczenie molekularnych argumentów na mieszane pochodzenie *M. trossulus* występujących w Loch Etive (zachodnie wybrzeże Szkocji). W oparciu o diagnostykę sekwencji jądrowego DNA wykazano pośrednią wartość hybrydyzacji u szkockich małży w porównaniu do populacji północnoamerykańskich (brak hybrydyzacji) i bałtyckich (rozbudowana introgresja). Z kolei analiza zsekwencjonowanych całych genomów mitochondrialnych (jednego F i dwóch M) wykazała wysokie podobieństwo mtDNA izolowanych ze szkockich i północnoamerykańskich populacji *M. trossulus* oraz ich duże zróżnicowanie w porównaniu do genomów bałtyckich. Na podstawie uzyskanych wyników postulowano, że zasiedlenie szkockiego wybrzeża przez omułki nastąpiło pod koniec ostatniego zlodowacenia.

W kontynuowanych badaniach nad bałtyckimi populacjami *M. trossulus*, poświęconych szczegółowej analizie zjawiska hybrydyzacji i introgresji [3] zsekwencjonowano 11 kompletnych haplotypów mtDNA *M. trossulus*. Jeden z nich był bardzo podobny do natywnego genomu tego gatunku, uważanego wcześniej za całkowicie wyeliminowany z bałtyckich populacji. Autorka zidentyfikowała ten genom jako F o zrekombinowanej strukturze z licznymi i długimi powtórzeniami w rejonie CR. Analiza filogenetyczna wszystkich zsekwencjonowanych genomów wykazała, że rekombinacja w obrębie mtDNA jest ograniczona tylko do okolic głównego rejonu niekodującego. Z kolei porównując sekwencje kodujące dowiedziono, że wszystkie genomy dziedziczone w linii męskiej u badanych małży wykazują zwiększoną kumulację podstawień niesynonimicznych. Na podstawie analizy sekwencji F i M postulowano, że zjawisko rekombinacji w obrębie mtDNA poprzedza maskulinizację genomu F o ile posiada on w rejonie CR fragment podobny do M. Mechanizm nie jest jednak uniwersalny, ponieważ obserwowano także zmaskulinizowane genomy nie zawierające tego fragmentu.

Uzyskane wyniki badań nad mtDNA w istotny sposób poszerzają wiedzę o możliwych sposobach przepływu genów pomiędzy populacjami omułków, dostarczając jednocześnie przydatnych narzędzi do badania historii tych zdarzeń. Zadeklarowany przez Habilitantkę dominujący, a w moim przekonaniu nie podważony przez współautorów, udział w pracach wskazuje na dojrzałość dr Zbawickiej we wnioskowaniu i przeprowadzaniu dowodów naukowych w oparciu o uzyskane wyniki.

Podjęte badania nad jądrowymi markerami molekularnymi oparte na polimorfizmie pojedynczych nukleotydów (SNP) przedstawione w pracach [4] i [5] dostarczyły kolejnych wiarygodnych narzędzi służących do odróżniania taksonów zaliczanych do rodzaju *Mytilus* i ich hybryd. Autorka zidentyfikowała 37 potencjalnych SNP u trzech gatunków omułków: *M. trossulus*, *M. edulis* i *M. galloprovincialis*. Wśród tych markerów odkryła 8 nowych SNP zlokalizowanych w genach rodziny histonów, które proponuje jako diagnostyczne dla rodzaju *Mytilus* w Europie. Pięć z nich różnicowało genom *M. trossulus*, dwa *M. galloprovincialis* oraz jeden – *M. edulis*. Zastosowanie tych markerów Autorka postuluje jako cenne narzędzie w badaniach europejskich populacji omułków. Identyfikacja i walidacja uzyskanych markerów SNP została szczegółowo przedstawiona w pracy [4]. Zastosowanie markerów SNP do identyfikacji *Mytilus* spp. w strefie hybrydyzacji między Morzem Bałtyckim i Cieśninami Duńskimi pozwoliło przybliżyć złożoność molekularnych zjawisk w populacjach omułków tej strefy. Ponadto analiza uzyskanych wyników, przedstawionych w pracy [5]

wskazuje na ogromny potencjał wykorzystania markerów SNP w badaniu stref hybrydyzacji całego taksonu *Mytilus*.

Prace stanowiące oddane mi do oceny osiągnięcie naukowe Pani doktor Małgorzaty Karoliny Zbawickiej, na które składają się - (i) zbadanie kompletnej sekwencji reprezentatywnego zestawu 16 genomów mtDNA małży z rodzaju *Mytilus* z populacji ulegających hybrydyzacji i introgresji, (ii) raport o występowaniu pierwotnych genomów mtDNA *M. trossulus* w Europie, (iii) potwierdzenie sugestii, że ewolucyjna niestabilność mtDNA omułek występujących w Bałtyku ma związek z występującą w tym rejonie hybrydyzacją, (iv) poparta wynikami sugestia na temat przyczyny maskulinizacji genomu mitochondrialnego omułek, (v) stwierdzenie, w oparciu o analizę jądrowego tła, bliskiego pokrewieństwa bałtyckich populacji małży z *M. trossulus*, (vi) wykrycie nowych markerów SNP, użytecznych w badaniu stref hybrydyzacji omułek - stanowią zwarty dorobek naukowy zawierający nowe oryginalne dane na temat genetycznego zróżnicowania w obrębie rodzaju *Mytilus*, ze szczególnym uwzględnieniem bałtyckich populacji tych małży. W pracach przedstawiono efekty i możliwe mechanizmy przepływu genów mitochondrialnych pomiędzy różnymi populacjami, także weryfikując dotychczasowe hipotezy o drogach rozprzestrzenienia omułek. Wobec trudności w diagnozowaniu gatunków należących do rodzaju *Mytilus* w oparciu o dane morfologiczne, zaproponowane przez Autorkę molekularne narzędzie w postaci nowych SNP stanowi ważne i interesujące zastosowanie w taksonomii tych zwierząt. Zawartość ocenianych prac dowodzi, że Habilitantka jest badaczem stawiającym hipotezy naukowe, które weryfikuje na drodze zaplanowanych i przeprowadzonych badań laboratoryjnych, których wyniki umiejętnie analizuje wykorzystując odpowiednie programy statystyczne i bioinformatyczne.

Uważam, że przedstawione do oceny osiągnięcie naukowe doktor Małgorzaty Karoliny Zbawickiej „**Wpływ hybrydyzacji i introgresji na strukturę genetyczną omułka *Mytilus trossulus***” odpowiada kryteriom stawianym kandydatom do stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk biologicznych w dyscyplinie biologia.

Pozostały dorobek naukowy dr Karoliny Małgorzaty Zbawickiej

Od początku naukowej aktywności zainteresowania Pani dr Małgorzaty Karoliny Zbawickiej dotyczyły analizy mitochondrialnego DNA, a w szczególności występującego u omułek (*Mytilus* spp.) unikalnego w świecie zwierząt modelu dziedziczenia cytoplazmatycznego DNA.

Efektem współpracy z zespołem prof. Jean Claude Mounolou z Centre de CNRS Genetique Moleculaire, podczas półrocznego stażu w Gif-sur-Yvette we Francji było współautorstwo artykułu poświęconego badaniom mtDNA stawonogów - "Mitochondrial Genes Collectively Suggest the Paraphyly of Crustacea with Respect to Insecta" opublikowanego w Journal of Molecular Evolution. Wkład Habilitantki, wówczas młodego badacza, w powstanie pracy oceniono wysoko - na 20%. W okresie przed uzyskaniem stopnia doktora nauk biologicznych mgr Zbawicka brała aktywny udział w sześciu krajowych i międzynarodowych konferencjach naukowych. Ponadto wygłosiła referaty podczas sześciu krajowych konferencji tematycznych oraz jednej międzynarodowej. Na podkreślenie zasługuje fakt, że obradach tej ostatniej wystąpiła jako Invited Speaker.

Wyniki badań prowadzonych w ramach kierowanego przez Habilitantkę grantu KBN zwieńczone przygotowaniem i obroną rozprawy doktorskiej zostały opublikowane trzy lata po uzyskaniu stopnia doktora nauk biologicznych w dwóch artykułach poświęconych zróżnicowaniu i transmisji mtDNA w populacjach omułka *Mytilus trossulus* zasiedlających polskie wybrzeże - „Doubly uniparental transmission of mitochondrial DNA length variants in the mussel *Mytilus trossulus*” (w Marine Biology) i “Mitochondrial DNA variation in populations of the mussel *Mytilus trossulus* from the Southern Baltic” (w Hydrobiologii).

W okresie po uzyskaniu stopnia doktora nauk biologicznych Habilitantka brała udział jako wykonawca w realizacji krajowych i międzynarodowych projektów, co pozwoliło Jej kontynuować pracę nad genetyczną różnorodnością *Mytilus* spp. Pracując nad jądrowymi markerami używanymi w diagnostyce trzech gatunków omułków opracowała nową metodę analizy markera EFbis, przydatną w dalszej pracy identyfikacyjnej. Informacje na temat tej metody zamieszczono w publikacji „Introgression and mitochondrial DNA heteroplasmy in the Baltic populations of mussels *Mytilus trossulus* and *M. edulis*” (Marine Biology).

Efektem prowadzonych zespołowych prac na bogatym materiale malakologicznym (po 50 osobników z 11 stanowisk) było stwierdzenie szerokiej introgresji alleli *M. edulis* z Morza Północnego do Bałtyckich populacji omułków. Introgresja ta obejmowała zarówno mtDNA jak i dwa markery jądrowe. Z kolei introgresja w przeciwnym kierunku (z *M. trossulus* do *M. edulis* z Cieśnin Duńskich) dotyczyła tylko markera jądrowego.

Wykorzystanie molekularnej metody diagnostycznej pozwoliło prześledzić różnice genetyczne pomiędzy (i) atlantyckimi i śródziemnomorskimi, a także (ii) śródziemnomorskimi i czarnomorskimi populacjami *M. galloprovincialis*. Ponadto wykazano większą niż sądzono częstość występowania *M. trossulus* w populacjach północno-europejskich oraz obecność alleli tego gatunku w wodach Islandii, Morzu Barentsa i Morzu

Białym. Wyniki badań opublikowano w pracy „Distribution of *Mytilus taxa* in European coastal areas as inferred from molecular markers” (w Journal of Sea Research), w której udział Habilitantki oceniono na 15%. W kolejnej zespołowej pracy “Molecular population genetics of male and female mitochondrial genomes in subarctic *Mytilus trossulus*” (Marine Biology), z 20% udziałem dr Zbawickiej przedstawiono wyniki badań nad pochodzeniem Europejskich populacji *M. trossulus*, u których zachował się rodzimy mtDNA. Zastosowane przez zespół analizy wskazały Zachodni Atlantyk jako źródło tych małży, a wyniki datowania tego wydarzenia na prawdopodobieństwo inwazji omułków bez udziału człowieka.

W okresie po uzyskaniu stopnia doktora Habilitantka poza publikacjami stanowiącymi **osiągnięcie naukowe**, zaprezentowała wyniki swoich badań w 9 artykułach zamieszczonych w czasopismach znajdujących się w bazie Journal Citation Reports o łącznym IF = 23,437 oraz w 23 wystąpieniach podczas konferencji głównie o międzynarodowym zasięgu. Wymiernym efektem badań molekularnych prowadzonych z Pani dr Zbawickiej są także zdeponowane w GenBank sekwencje nukleotydowe, w większości pochodzące od przedstawicieli różnych populacji *M. trossulus*.

W uznaniu dla kompetencji Habilitantki w molekularnej diagnostyce *Mytilus* spp. Zaproszono Ją między innymi do uczestnictwa w europejskim programie BONUS plus, do realizacji projektu dotyczącego badania genetycznej bioróżnorodności organizmów żyjących w Morzu Bałtyckim. Dr Zbawicka odpowiedzialna była za część badań poświęconych rodzajowi *Mytilus*. W efekcie tej współpracy powstała publikacja „Genetic biodiversity in the Baltic Sea: species-specific patterns challenge management” (w Biodiversity and Conservation).

Całkowity dorobek naukowy doktor Zbawickiej obejmuje łącznie 15 artykułów, z czego prawie wszystkie (14) opublikowane zostały po uzyskaniu stopnia doktora. Wszystkie prace zamieszczono w czasopismach z bazy JCR, a ich sumaryczny *Impact Factor* zgodnie z rokiem wydania wynosił 38,646. Łączna liczba punktów ministerialnych jakie uzyskała Habilitantka za wymienione publikacje to 455, liczba cytowań wg bazy WoS 297 (bez autocytowań - 254), a indeks Hirscha (WoS) 10. W dorobku Habilitantki znajduje się także 36 wystąpień konferencyjnych (22 podczas konferencji zagranicznych i 14 - odbywających się w Polsce), a także zdeponowane w GenBank liczne sekwencje mtDNA i mRNA, izolowane głównie z *Mytilus trossulus*.

Po zapoznaniu się z całym dorobkiem naukowym doktor Małgorzaty Karoliny Zbawickiej uważam, że jest on dojrzały naukowo i merytorycznie poprawny. Został też znacznie powiększony po uzyskaniu stopnia doktora. Aktywność naukowa Habilitantki wnosi

cenny wkład w rozwój malakologii i molekularnej biogeografii tym samym spełnia wymagania stawiane kandydatom do stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk biologicznych w dyscyplinie biologia.

Ocena działalności dydaktycznej, popularyzatorskiej oraz organizacyjnej.

Pani doktor Małgorzata Karolina Zbawicka od 1993 roku jest zawodowo związana z Polską Akademią Nauk, dlatego nie posiada obowiązków dydaktycznych. Pomimo to w latach 2001-2002 prowadziła kursy biologii dla licealistów, uczestniczyła w Bałtyckim Festiwalu Nauki i w Gdańskim Pikniku Naukowym prezentując nowoczesny sprzęt laboratoryjny wykorzystywany w badaniach DNA. Była też autorką wykładu "Zastosowanie polimorfizmu pojedynczych nukleotydów (SNP) w genetyce populacji", który wygłosiła podczas kursu technik PCR w parku naukowo-technologicznym w Gdyni. W początkowym okresie pracy opiekowała się także laboratoryjną częścią dwóch prac magisterskich przygotowywanych na Wydziale Biologii i Oceanologii Uniwersytetu Gdańskiego.

O zdolnościach organizacyjnych Habilitantki świadczy skuteczność w pozyskiwaniu funduszy na prowadzone badania – w okresie zatrudnienia kierowała projektem ministerialnym, a w siedmiu innych otrzymała status wykonawcy.

Przedstawiony wyżej dorobek dydaktyczny, popularyzatorski i organizacyjny oceniam pozytywnie i uważam, że także w tym zakresie Pani doktor Małgorzata Karolina Zbawicka spełnia wymagania stawiane kandydatom do stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk biologicznych w dyscyplinie biologia.

Podsumowując oceny poszczególnych elementów dorobku dr Małgorzaty Karoliny Zbawickiej, ze szczególnym uwzględnieniem prac stanowiących podstawę wniosku habilitacyjnego „**Wpływ hybrydyzacji i introgresji na strukturę genetyczną omulka *Mytilus trossulus***” stwierdzam, że dorobek ten spełnia wszystkie wymogi określone w art. 16 Ustawy z dnia 14.03.2003 r. o stopniach i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. Nr 65 poz.595, ze zmianami Dz. U. z 2005 r. Nr 164, poz. 1365, Dz. U. z 2010 r. Nr 96, poz.620 i Nr 182, poz. 1228 oraz Dz. U. z 2011 r. Nr 84, poz.455) i wnoszę do Wysokiej Rady o dopuszczenie dr Małgorzaty Karoliny Zbawickiej do dalszych etapów postępowania habilitacyjnego.

Prof. dr hab. Elżbieta Żbikowska

