



INSTYTUT GENETYKI ROŚLIN POLSKIEJ AKADEMII NAUK

ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

Tel.: centrala 616550200, sekretariat 616550255, e-mail: office@igr.poznan.pl www.igr.poznan.pl

Dr hab. Grzegorz Koczyk
Instytut Genetyki Roślin
Polskiej Akademii Nauk
Zakład Biometrii i Bioinformatyki
ul. Strzeszyńska 34, 60-479, Poznań

Poznań, 02.10.2019

RECENZJA

w postępowaniu habilitacyjnym

dr Michała Książkiewicza

opracowana na podstawie informacji Centralnej Komisji do Spraw Stopni i Tytułów
z dnia 2 września 2019 roku (nr ewidencyjny BCK-III-L 10431/2019)

1. Podstawa formalna i prawna recenzji

Podstawą formalną recenzji jest pismo prof. dr hab. Bogdana Wolko, Dyrektora Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, informujące o powołaniu przez Centralną Komisję do Spraw Stopni i Tytułów na recenzenta w postępowaniu habilitacyjnym Pana dr Michała Książkiewicza oraz zlecające mi wykonanie przedmiotowej recenzji, z dnia 11 września 2019 roku.

Wraz z w/w pismem otrzymałem, dokumentację opracowaną przez Pana dr Michała Książkiewicza, przedłożoną Centralnej Komisji do Spraw Stopni i Tytułów z prośbą o wszczęcie postępowania habilitacyjnego (w wersji papierowej i elektronicznej).

Podstawą prawną recenzji są:

- Ustawa z dnia 3 lipca 2018 r. określająca przepisy wprowadzające ustawę – Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. 2018 poz. 1669),
- w zakresie określonym przez powyższą: Ustawa z dnia 14 marca 2003 r. o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. RP nr 65 poz. 595) wraz z późniejszymi zmianami (obwieszczenie Marszałka Sejmu Rzeczypospolitej Polskiej z dnia 15 września 2017 r. w sprawie ogłoszenia jednolitego tekstu Ustawy o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach naukowych i tytule naukowym w zakresie sztuki, Dz. U. 2017 poz. 1789),
- Rozporządzenie Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 30 września 2016 r. w sprawie szczegółowego trybu i warunków przeprowadzenia czynności w przewodach doktorskich, w postępowaniu habilitacyjnym oraz w postępowaniu o nadanie tytułu profesora (Dz. U. z 2016 r., poz. 1586),



INSTYTUT GENETYKI ROŚLIN POLSKIEJ AKADEMII NAUK

ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

Tel.: centrala 616550200, sekretariat 616550255, e-mail: office@igr.poznan.pl www.igr.poznan.pl

- Rozporządzenie Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 1 września 2011 roku w sprawie kryteriów oceny osiągnięć osoby ubiegającej się o nadanie stopnia doktora habilitowanego, Dziennik Ustaw Nr 196, Poz. 1165.

W recenzji oceniono cykl sześciu publikacji określony przez Kandydata jako „**Identyfikacja regionów bogatych w geny w genomie łubinu wąskolistnego wykazujących wysoki stopień kolinearności w obrębie rodziny roślin bobowatych oraz określenie wpływu duplikacji całych genomów na proces ewolucji wybranych genów zlokalizowanych w tych regionach**” stanowiący osiągnięcie habilitacyjne. Zanalizowano również przedstawiony przez kandydata opis osiągnięć ("wykaz opublikowanych prac naukowych lub twórczych prac zawodowych oraz informacja o osiągnięciach dydaktycznych, współpracy naukowej i popularyzacji nauki"). Przy sporządzaniu recenzji wykorzystano również dostępne publicznie bazy danych oraz dołączone do wniosku przez Habilitanta materiały elektroniczne.

2. Sylwetka Kandydata

Dr Michał Książkiewicz karierę naukową rozpoczął pracą magisterską na kierunku biotechnologia (Wydział Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza) pt. „Analiza komputerowa obrazu tkanki kalusowej *Salsola pestifer* (A. Nelson) z pustyni Kyzyl-Kum rosnącej in vitro w warunkach stresu solnego”. Pracę powyższą zrealizował w Zakładzie Botaniki Ogólnej Wydziału Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, a magisterium obronił w roku 2004. W latach 2004-2010 realizował pracę doktorską pod kierunkiem prof. dr hab. Bogdana Wolko w Pracowni Genomiki Strukturalnej (Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk). Rozprawę doktorską pt. „Struktura i organizacja regionów genomu warunkujących odporność na grzyby patogeniczne u łubinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.)” obronił 14 grudnia 2010. Praca doktorska została wyróżniona przez Radę Naukową Instytutu Genetyki Roślin PAN. W chwili obecnej, Habilitant pozostaje zatrudniony w Instytucie Genetyki Roślin (Zespół Struktury i Funkcji Genów, Zakład Genomiki) na stanowisku adiunkta.

3. Ocena przedstawionego osiągnięcia habilitacyjnego

Główne osiągnięcie habilitacyjne stanowi cykl sześciu prac wieloautorskich o łącznym współczynniku wpływu (*impact factor*) - 22,526 (w oparciu o średnie 5-letnie wg Web of Science; stan z dnia 30.09.2019) oraz zbiorczej punktacji Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego (w oparciu o wartości referencyjne dla poszczególnych lat wg Polskiej Bibliografii Naukowej; stan z dnia 30.09.2019) równej 200 punktów. Łączna liczba cytowań wzmiankowanych prac wzrasta (47 cytowań według Web of Science), co wskazuje na dobrą rozpoznawalność prac Kandydata.

We wszystkich pracach składowych osiągnięcia habilitant jest autorem korespondencyjnym. Jednocześnie, w trzech pracach jest pierwszym autorem, w jednej autorem o równorzędnym wkładzie,



INSTYTUT GENETYKI ROŚLIN POLSKIEJ AKADEMII NAUK

ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

Tel.: centrala 616550200, sekretariat 616550255, e-mail: office@igr.poznan.pl www.igr.poznan.pl

a dwu pozostałych drugim autorem. Udział poszczególnych autorów udokumentowano wyczerpująco w formie oświadczeń. We wszystkich pracach udział własny Kandydata był kluczowy dla powstawania pracy na wszystkich etapach. Pewne zastrzeżenia budzi fakt publikacji większości prac cyklu we współpracy z promotorem pracy doktorskiej (prof. Bogdan Wolko), szczegółowa analiza oświadczeń wskazuje na rolę pomocniczą jako kierownika wieloletnich grantów i konsultanta. Drugie, niewielkie zastrzeżenie budzi oświadczenie współautorki pierwszej z prac (Karolina Wójcik), które nie specyfikuje szczegółowego wkładu merytorycznego. Taki wkład jest jednak opisany w sekcji Author Contributions wzmiankowanego artykułu.

W pierwszej z omawianych prac (Książkiewicz i in. 2013) Habilitant tworzy podstawy dalszych analiz poprzez eksplorację biblioteki BAC (Kasprzak i in. 2006) za pomocą markera PhtjM2, sprzężonego z cechą odporności łubinu wąskolistnego na infekcję grzybową. Jakkolwiek przeprowadzone prace (identyfikacja 143 klonów BAC o pozytywnej sygnaturze hybrydyzacyjnej, sekwencjonowanie końców BAC oraz pełne sekwencjonowanie i adnotacja 5 klonów BAC) nie doprowadziły do bezsprzecznej identyfikacji genów powiązanych z markerem odporności, pozwoliły jednak scharakteryzować dwa bogate w geny obszary w gatunku o niskim pokryciu w dostępnych bazach sekwencji. Szkielet prowadzonych prac eksperymentalnych (selekcja klonów BAC pochodzących z odmiany Sonnet łubinu wąskolistnego z wykorzystaniem technik fingerprintingu i sekwencjonowania końców, hybrydyzacja fluorescencyjna *in situ*, sekwencjonowanie wybranych klonów) jest zasadniczo wspólny dla wszystkich prac cyklu. Nie sposób nie dostrzec również, że pierwsza z prac stanowi w pewnym zakresie tematyczną kontynuację zagadnień opisanych w doktoracie (poszukiwanie determinant odporności na antraknozę u łubinu wąskolistnego). Jednak zwłaszcza w zakresie analiz porównawczych na gruncie ewolucyjnym, w tej oraz kolejnych pracach dr Książkiewicza można dostrzec wyraźny rozwój własnego warsztatu badawczego Kandydata. W szczególności, wyniki analiz syntenii posłużyły za punkt wyjścia pozostałych prac dotyczących całogenomowych duplikacji w ewolucji rolniczo istotnych gatunków z rodziny bobowatych; a wszystkie uzyskane dane sekwencyjne deponowano w publicznie dostępnych bazach danych.

W drugiej z prac osiągnięcia (Książkiewicz i in. 2015, Plant Molecular Biology Reporter), uzyskanie danych sekwencyjnych pozwoliło Kandydatowi na wykonanie szeregu analiz mikrosyntenii pomiędzy klonami BAC, a dostępnymi genomami 5 modelowych przedstawicieli rodziny bobowatych (soji, lucerny, fasoli, lotosu oraz nikli indyjskiej). Zidentyfikowane rejony bogate w geny scharakteryzowano tym samym, jako przypuszczalne pozostałości ancestralnych duplikacji całogenomowych leżących u podstaw dywersyfikacji bobowatych.

W trzeciej z prac cyklu (Przysiecka i in. 2015, Frontiers in Plant Science) Kandydat skoncentrował się na analizie przedstawicieli konkretnej rodziny genowej (homologów izomeryzy chalconowej). Oprócz analiz molekularnych i adnotacji sekwencji w wymienionej pracy Habilitant poszerzył swój warsztat o nowoczesne metody rekonstrukcji filogenetycznych (73 sekwencje



INSTYTUT GENETYKI ROŚLIN POLSKIEJ AKADEMII NAUK

ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

Tel.: centrala 616550200, sekretariat 616550255, e-mail: office@igr.poznan.pl www.igr.poznan.pl

homologów izomeraz chalkonowych), wykazując iż duplikacje zidentyfikowanych homologów izomeraz chalkonowych w rodzaju *Lupinus* miały wyłącznie charakter liniowo specyficzny (z zastrzeżeniem stosunkowo niewielkiej dostępności innych sekwencji przedstawicieli plemienia *Genistoideae*, ograniczonej do trzech łubinów - wąskolistnego, białego i żółtego, w formie sekwencji szkieletowej oraz danych transkryptomicznych). Obecność podwójnych kopii genów izomerazy chalkonowej (*CHI2*), podobnych do izomerazy (*CHI-Like*, *CHIL*) oraz *FAPa2* została przez kandydata wyjaśniona jako efekt prawdopodobnych duplikacji następujących po oddzieleniu plemienia *Genistoideae* od pozostałych strączkowych, jednak wspólnych dla linii ewolucyjnej przodka analizowanych gatunków łubinu. Co ciekawe, w dwu pozostałych kładach (*FAPb*, *FAPa1*) łubiny reprezentują pojedyncze kopie genów, a topologia i skład gatunkowy kładów mogą sugerować jednoczesną kontrakcję tych podrodzin w ewolucji bobowatych. Przypuszczalny brak przedstawicieli kładu *CHII*, również wskazywał na możliwość liniowo specyficznych delecji w ewolucji różnych przedstawicieli foldu izomerazy chalkonowej. W pracy, położono istotny nacisk na analizę danych transkryptomicznych, co pozwoliło zidentyfikować geny *CHIL* łubinu wąskolistnego jako prawdopodobnie funkcjonalne (ekspresja i struktura genów) oraz postawić hipotezę wyjściową o ich prawdopodobnej subfunkcjonalizacji.

Również trzy kolejne publikacje koncentrują się na ewolucji wydzielonych rodzin genowych w obrębie bobowatych. Publikacje dotyczą odpowiednio: szlaku indukcji kwitnienia (ewolucja rodziny genów kodujących białka wiążące fosfatydyloetanolaminę; rodziny której członkiem jest kluczowy gen wczesnego kwitnienia *FT*, *flowering locus T*), ewolucji biosyntezy flawonoidów (syntazy izoflawonowe), oraz szlaku tworzenia kwasów tłuszczowych (podjednostki karboksylazy Ac-CoA). W każdej z kolejnych publikacji Kandydat konsekwentnie rozbudowuje warsztat analiz bioinformatycznych stopniowo uwzględniając modelowanie presji selekcyjnych, dane transkryptomiczne oraz rosnącą dostępność referencyjnych sekwencji roślinnych.

W publikacji dotyczącej rodziny PEBP (Książkiewicz i in. 2016) Kandydat kontynuuje badania porównawcze bobowatych koncentrując się na roli duplikacji (zarówno indywidualnych jak i całogenomowych) oraz selekcji w kształtowaniu genów szlaku kwitnienia. Połączone analizy syntenii oraz przybliżone datowanie oparte na współczynniku substytucji Ka/Ks pozwoliły na wysunięcie hipotezy co do wczesnej dywersyfikacji funkcjonalnej poszczególnych podrodzin (w znacznej części wskazując na duplikacje pierwotne w ewolucji okrytonasiennych, bądź całogenomowe duplikacje na wczesnym etapie ewolucji bobowatych). Na podstawie analizy filogenetycznej 122 sekwencji roślinnych PEBP, Habilitant udowadnia tezę o istotnej roli selekcji puryfikującej w utrzymaniu podwójnych kopii *FTc* u łubinu wąskolistnego, zwracając jednocześnie uwagę na fakt powiązania jedynie pierwszej z kopii (*LanFTc1*) z wczesnym kwitnieniem. Co istotne, ściśle synteniczne otoczenie kopii wskazuje na jej pierwotne pochodzenie w obrębie dywergentnych bobowatych. Na uwagę zasługuje powiązanie tematyczne z wcześniejszą, wysoko cytowaną publikacją współautorstwa



INSTYTUT GENETYKI ROŚLIN POLSKIEJ AKADEMII NAUK

ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

Tel.: centrala 616550200, sekretariat 616550255, e-mail: office@igr.poznan.pl www.igr.poznan.pl

Habilitanta (Nelson i in. 2016, New Phytologist), wkład w obie publikacje można traktować jako istotne potwierdzenie zdolności habilitanta do współpracy w interdyscyplinarnych badaniach na poziomie międzynarodowym.

W piątej pracy cyklu (Narożna i in. 2017, Plant Science), habilitant powraca do tematyki genetycznych podstaw syntezy flawonoidów analizując powstanie i różnicowanie syntaz izoflawonowych. Na podstawie sekwencji uzyskanych w trakcie prac oraz sekwencji 12 genomów referencyjnych i 22 szkicowych transkryptomów, Habilitant wykazuje rolę liniowo specyficznych duplikacji całego genomu oraz selekcji (zarówno pozytywnej jak i puryfikującej) w kształtowaniu repertuaru IFS łubinu. Do istotnych nowości w warsztacie habilitanta zaliczyłbym tutaj bardzo szerokie wykorzystanie szkicowych danych transkryptomicznych oraz relatywnie nowatorską ocenę ekspresji *in silico* (łączącą analizę danych RNAseq oraz pochodzących z mikromacierzy), która pozwoliła na wysnucie tezy o subfunkcjonalizacji dodatkowych kopii kodujących białka IFS u modelowych gatunków *Glycine max* i *Lotus japonicus*. Dodatkowe rezultaty dotyczące wpływu selekcji puryfikującej potwierdzają wcześniejsze doniesienia literaturowe w zakresie ewolucji szlaków biosyntezy roślinnych metabolitów wtórnych (większa konserwacja enzymów o aktywności kluczowej dla realizacji wczesnych kroków biosyntezy).

W ostatniej publikacji cyklu (Szczepaniak i in. 2018) Kandydat analizuje historię ewolucyjną, strukturę i kopijność poszczególnych genów odpowiedzialnych za aktywność enzymatyczną karboksylacji acetylo-koenzymu A podczas biosyntezy kwasy tłuszczowych (ACC, *acetyl-CoA carboxylase*). Habilitant odnosi się przy tym do sekwencji zarówno głównego genu kodującego enzym cytozolowy (ACC) jak i genów odpowiadającym podjednostkom plastydowym, zarówno kodowanym w genomie jądrowym (*accA*, *accB*, *accC*), jak i w genomie plastydowym (*accD*). Wnioski końcowe pracy, oparte w istotnej mierze na danych transkryptomicznych potwierdzają istnienie śladów subfunkcjonalizacji w kierunku organospecyficznej ekspresji zduplikowanych genów. Interesujące wzorce ewolucyjne zaobserwowano w szczególności w dywergentnej podgrupie homologów *accA* zawierającym geny obecne w genomach modelowych roślin z rodzaju *Arachis* (*A. duranensis*, *A. ipaensis*), nikli indyjskiej oraz lotosa japońskiego. W powyższym kładzie zaobserwowano równoległą specjalizację kopii genów (odmienne organospecyficzne profile ekspresji). Interesujące są również odnotowane ślady działania selekcji pozytywnej u łubinu (kład *accB2*) oraz orzecha ziemnego (kład *accC*). Na uwagę zasługuje przeprowadzenie modelowania wpływu selekcji z wykorzystaniem podejścia branch-site umożliwiającego wykrywanie śladów selekcji pozytywnej również w obrębie poszczególnych kolumn dopasowania sekwencji kodujących.

W analizie powyższych prac, podkreśliłem jedynie najbardziej interesujące z punktu widzenia genomiki ewolucyjnej roślin użytkowych wnioski. Moja wysoka ocena osiągnięcia opiera się jednak w istotnej mierze na całokształcie rezultatów obejmujących zarówno zlokalizowanie kluczowych rejonów bogatych w geny, ocenę wpływu duplikacji na ewolucję genów u bobowatych oraz



INSTYTUT GENETYKI ROŚLIN POLSKIEJ AKADEMII NAUK

ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

Tel.: centrala 616550200, sekretariat 616550255, e-mail: office@igr.poznan.pl www.igr.poznan.pl

konsekwentne tworzenie warsztatu badawczego obejmującego również analizy na poziomie transkryptomu i przybliżone modelowanie wpływu selekcji na różnicowanie kopii genów.

Jako całość, osiągnięcie zaprezentowane przez Kandydata oceniam jako spójny tematycznie, istotny wkład w dziedzinę genomiki bobowatych. Należy podkreślić że opracowane przez Kandydata wyniki dotyczące łubinu, przynajmniej w części wyprzedzały szeroką dostępność referencyjnych sekwencji szkieletowego transkryptomu (Kamphuis i in. 2015) oraz genomu łubinu wąskolistnego (Hane i in. 2017). Poza wzmiankowanymi już powyżej technikami bioinformatycznej i filogenetycznej analizy sekwencji, Kandydat wykazuje się również znajomością technik mapowania genetycznego, fizycznego (konstrukcja i adnotacja sekwencji) oraz zaawansowanych technik molekularnych (mapowanie polimorfizmów z wykorzystaniem technik hybrydizacyjnych, opracowanie i weryfikacja markerów molekularnych). Jego udział w poszczególnych pracach waha się pomiędzy 30 a 80%, należy jednak zwrócić uwagę że stosunkowo niski udział w niektórych pracach wieloautorskich wynika raczej z mankamentów samej miary procentowej, która nie ocenia właściwie wkładu merytorycznego poszczególnych wykonawców w zadania o: różnym czasie trwania, zbiorze wymaganych technik molekularnych lub obliczeniowych i istotnym stopniu złożoności.

Podsumowując, przedstawione przez dr Książkiewicza **osiągnięcie habilitacyjne oceniam jako spełniające kryteria stawiane w Ustawie, zawierające samodzielny i istotnie nowy poznawczo komponent będący wynikiem własnych badań Kandydata w zakresie genomiki ewolucyjnej roślin uprawnych.**

4. Ocena pozostałych osiągnięć naukowo-badawczych oraz istotnej aktywności naukowej

Ze względu na naturę recenzji, dotyczącej aktywności Habilitanta jako naukowca po doktoracie, dalsze akapity opierają się na analizie aktywności dr Książkiewicza po uzyskaniu stopnia doktora (lata 2011+).

Główne, poruszane już po ukończeniu doktoratu, zagadnienia badawcze dotyczą również rolniczo istotnych przedstawicieli bobowatych i obejmują: wysycanie mapy genetycznej łubinu wąskolistnego (Leśniewska i in. 2011, Naganowska i in. 2011, Wyrwa i in. 2016), konstrukcji konsensusowej mapy genetycznej oraz identyfikacji loci cech ilościowych w łubinie białym (Książkiewicz i in. 2017), identyfikację determinant wczesnego kwitnienia w łubinach wąskolistnym i białym (temat częściowo powiązany z osiągnięciem ze względu na rolę genu FT; Nelson i in. 2017, Rychel i in. 2019). Ponadto, na początku ewaluowanego okresu Habilitant kontynuował badania rozpoczęte w trakcie trwania doktoratu dotyczące identyfikacji rejonu zawierającego gen SymRK u łubinu wąskolistnego (Książkiewicz i in. 2009, Mahe i in. 2011).

W ramach pozostałej aktywności naukowej Habilitant opublikował po ukończeniu doktoratu 5 prac w pismach z listy filadelfijskiej, o łącznym współczynniku wpływu 19,932 (WoS; 30.09.2019)



INSTYTUT GENETYKI ROŚLIN POLSKIEJ AKADEMII NAUK

ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

Tel.: centrala 616550200, sekretariat 616550255, e-mail: office@igr.poznan.pl www.igr.poznan.pl

oraz sumarycznej punktacji ministerialnej 200 punktów (wg wykazu Polskiej Biblioteki Naukowej na lata ubiegłe oraz obowiązującego ministerialnego wykazu czasopism naukowych z dnia 31 lipca 2019r.). Wykazał również dodatkową aktywność publikacyjną jako współautor monografii (3 rozdziały) i artykułu w periodyku spoza listy filadelfijskiej (Zieleziński i in. 2012, BioTechnologia). Te publikacje składają się na dodatkową punktację ministerialną w wysokości 28 punktów. W połączeniu z osiągnięciem habilitacyjnym w/w zbiór przekłada się na spójny tematycznie, istotny wzrost dodatkowej aktywności naukowej w okresie po habilitacji. Pod względem naukometrycznym całkowity dorobek Habilitanta jest również dobry (indeks Hirscha: 8, całkowita liczba cytowań: 174, w tym 129 cytowań bez samocytowań; stan na 30.09.2019). Na uwagę zasługuje wspomniana już rosnąca cytowalność prac Kandydata w latach 2015-2019.

Kandydat jest członkiem 4 towarzystw naukowych (2 polskich, 2 międzynarodowych), aktywnym recenzentem prac naukowych (8 recenzji w periodykach z listy filadelfijskiej). Regularnie uczestniczy w konferencjach międzynarodowych i krajowych, osobiście prezentował referaty na 8 konferencjach i był współautorem dalszych 10 referatów. W sumie jest współautorem 42 doniesień konferencyjnych, z których 23 dotyczyły konferencji o zasięgu międzynarodowym. Dwukrotnie brał udział w organizacji konferencji naukowych jako członek komitetu organizacyjnego.

Praca badawcza dr Książkiewicza była realizowana podczas licznych wykonywanych grantów rozpoczętych już po zdobyciu stopnia doktora. Kandydat był do tej pory wykonawcą w 2 projektach finansowanych w ramach programów unijnych (transPLANT i LEGATO), 1 finansowanym przez NCN, 1 finansowanym przez NCBiR. Wziął również udział w realizacji 3 zadań w programie wieloletnim Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi. W chwili obecnej kieruje pracami badawczymi w zadaniu programu wieloletniego MRiRW oraz realizuje własny grant SONATA dotyczący profilowania reakcji roślina-patogen z wykorzystaniem technik RNAseq.

Jego wyniki zostały docenione w formie trzech nagród (nagroda im. Stefana Barbackiego z zakresu genetyki roślin - 2014, nagroda Polskiego Towarzystwa Genetycznego za najlepsze prace wykonywane w polskich laboratoriach - 2016 oraz wyróżnienie II Wydziału Nauk Rolniczych i Leśnych PAN za cykl prac - 2018). Powyższe wyróżnienia również świadczą o istotnej aktywności naukowej i dobrej rozpoznawalności osiągnięć Kandydata w środowisku nauk rolniczych.

Niestety zauważalna jest stosunkowo niska mobilność kandydata po doktoracie. Ograniczona do 2 krótkoterminowych staży (CREA-FLC, Włochy oraz Universite de Rennes, Francja), stanowi stosunkowo najniższy punkt dorobku. Należy jednak zauważyć, że współprace międzynarodowe rozwijane przez dr Książkiewicza zaowocowały kilkoma wspólnymi publikacjami o dużej jakości (Książkiewicz i in. 2016, Nelson i in. 2016, Książkiewicz i in. 2017).

Pomimo powyższego zastrzeżenia, uznaję że również **pozostałe osiągnięcia naukowo-badawcze i dodatkowa aktywność Habilitanta spełniają wymogi postępowania habilitacyjnego.**



INSTYTUT GENETYKI ROŚLIN POLSKIEJ AKADEMII NAUK

ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

Tel.: centrala 616550200, sekretariat 616550255, e-mail: office@igr.poznan.pl www.igr.poznan.pl

5. Ocena dorobku dydaktycznego, popularyzatorskiego oraz współpracy międzynarodowej

Jakkolwiek Kandydat pracuje w placówce czysto naukowej, bierze aktywny udział w procesie dydaktycznym rozumianym jako organizacja staży i prowadzenie prac studentów. W latach po uzyskaniu stopnia doktorskiego opiekował się naukowo sześcioma stażystami oraz trzema doktorantami (pełniąc rolę promotora pomocniczego, dwa przewody zakończone, jeden trwający). Kilukrotnie prowadził wykłady dla słuchaczy studiów doktoranckich oraz seminaria naukowe.

Współpraca krajowa i międzynarodowa Habilitanta również kształtuje się zadowalająco. Kandydat współpracował z czterema zespołami zagranicznymi oraz prowadził sześć współprac krajowych. Przynajmniej w części (zespoły australijskie - prof. Hua'an Yang i dr Matthew Nelson) współpracy te można złożyć na karb istniejących kontaktów Zakładu, w którym Habilitant pracuje. Jednak, zwłaszcza w połączeniu z istotnym wkładem Kandydata w dużą liczbę przedmiotowych prac opublikowanych w periodykach o wysokim współczynniku wpływu oraz aktywny udział w konferencjach naukowych, można przyjąć wkład własny Kandydata jako decydujący dla utrzymania/rozwinęcia tychże współprac w zakresie jego badań własnych.

Wobec powyższego także w tym zakresie **moja ocena osiągnięć Habilitanta jest pozytywna.**

6. Ocena końcowa

Na podstawie analizy przedstawionych materiałów oraz publicznie dostępnych zasobów bazodanowych stwierdzam, że przedstawione do oceny osiągnięcie oraz pozostały dorobek dr Michała Książkiewicza spełniają wymogi stawiane w Ustawie z dnia 14 marca 2003 roku o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. z 2017 r. poz. 1789, w zakresie określonym przepisami Dz.U. 2018 poz. 1669) oraz kryteria szczegółowe wymienione w rozporządzeniu 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). W związku z tym wnioskuję o nadanie dr Michałowi Książkiewiczowi stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk rolniczych w dyscyplinie agronomia.


dr hab. Grzegorz Koczyk