

Warszawa, 30.09.2019

Prof. dr hab. Wojciech Pląder

Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin

Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

ul. Nowoursynowska 159, 02 - 776 Warszawa

**Ocena osiągnięcia naukowego, pozostałego dorobku naukowego a także dorobku dydaktycznego, organizacyjnego, mobilności naukowej dr Michała Książkiewicza w związku z ubieganiem się o stopień doktora habilitowanego w dziedzinie nauk rolniczych, dyscyplinie agronomia**

Ocenę wykonano na zlecenie Prof. dr hab. Bogdana Wolko - Dyrektora Instytutu Genetyki Roślin PAN w Poznaniu, w oparciu o pismo Centralnej Komisji do Spraw Stopni i Tytułów.

**I. Najważniejsze fakty z życia zawodowego Kandydata**

dr Michał Książkiewicz uzyskał tytuł magistra biotechnologii w 2004 roku po obronie pracy magisterskiej pt.: „Analiza komputerowa obrazu tkanki kalusowej *Salsola pestifer* (A. Nelson) z pustyni Kyzył-Kum rosnącej *in vitro* w warunkach stresu solnego” wykonanej pod kierunkiem dr Barbary Stefaniak w Zakładzie Botaniki Ogólnej Wydziału Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu. W roku 2010 uzyskał tytuł Doktora nauk rolniczych, dyscyplina – agronomia na podstawie rozprawy doktorskiej pt.: „Struktura i organizacja regionów genomu warunkujących odporność na grzyby patogeniczne u łubinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.)” wykonanej pod kierunkiem prof. dr. hab. Bogdana Wolko w Instytucie Genetyki Roślin, Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu.

Habilitant od roku 2004 związany jest z Instytutem Genetyki Roślin PAN w Poznaniu (Pracownia Genomiki Strukturalnej) gdzie rozpoczął pracę jako biotechnolog - stażysta (**01.07.2004-30.09.2004**), następnie jako stypendysta Prezesa Polskiej Akademii Nauk, doktorant w Pracowni Genomiki i uczestnik Studium Doktoranckiego przy Wydziale Biologii

UAM w Poznaniu (**01.10.2004-30.09.2007**), kolejno, kontynuując studia doktoranckie jako stypendysta Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk (**01.10.2007-30.09.2009**) oraz specjalista biotechnolog, w Pracowni Genomiki Strukturalnej (**01.10.2009-31.12.2010**), a obecnie od **01.01.2011** na stanowisku adiunkta w Pracowni Genomiki Strukturalnej (od 2013 r. pod nazwą Zespół Struktury i Funkcji Genów, Zakład Genomiki).

## *II. Ocena osiągnięcia naukowego*

dr Michał Książkiewicz jako osiągnięcie naukowe przedstawił cykl 6 publikacji. Prace te zostały opublikowane w ciągu ostatnich 6 lat (2013 - 2018) co wskazuje na ciągłość prezentowanych przez Habilitanta badań a tytuł prezentowanego osiągnięcia brzmi:

**„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.”**

Publikacjami wchodzącymi w skład osiągnięcia są:

1. Książkiewicz M., Wyrwa K., Szczepaniak A., Rychel S., Majcherkiewicz K., Przysiecka Ł., Karłowski W., Wolko B., Naganowska B. (2013). Comparative genomics of *Lupinus angustifolius* gene-rich regions: BAC library exploration, genetic mapping and cytogenetics. *BMC Genomics* 14:79. [IF2013: 4.500c, MNiSW2016 d: 40 pkt, liczba cytowań: 14]
2. Książkiewicz M., Zieleziński A., Wyrwa K., Szczepaniak A., Rychel S., Karłowski W., Wolko B., Naganowska B. (2015). Remnants of the legume ancestral genome preserved in gene-rich regions: insights from *Lupinus angustifolius* physical, genetic, and comparative mapping. *Plant Molecular Biology Reporter* 33: 84-101. [IF2015: 1.995, MNiSW2016: 40 pkt, liczba cytowań: 9]
3. Przysiecka Ł., Książkiewicz M., Wolko B., Naganowska B. (2015) Structure, expression profile and phylogenetic inference of chalcone isomerase-like genes from the narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.) genome. *Frontiers in Plant Science* 6:268. [IF2015: 4.461, MNiSW2016: 40 pkt, liczba cytowań: 11]
4. Książkiewicz M., Rychel S., Nelson M.N., Wyrwa K., Naganowska B., Wolko B. (2016). Expansion of the phosphatidylethanolamine binding protein family in legumes: a case



study of *Lupinus angustifolius* L. FLOWERING LOCUS T homologs, LanFTc1 and LanFTc2. BMC Genomics 17:820. [IF2016: 4.284, MNiSW2016: 40 pkt, liczba cytowań: 7]

5. Narożna D., Książkiewicz M., Przysiecka Ł., Króliczak J., Wolko B., Naganowska B., Mądrzak C. (2017). Legume isoflavone synthase genes have evolved by whole-genome and local duplications yielding transcriptionally active paralogs. Plant Science 264: 149-167. [IF2017: 3.802, MNiSW2016: 35 pkt, liczba cytowań: 1]
6. Szczepaniak A., Książkiewicz M., Podkowiński J., Czyż K.B., Figlerowicz M., Naganowska B. (2018). Legume cytosolic and plastid acetyl-coenzyme-A carboxylase genes differ by evolutionary patterns and selection pressure schemes acting before and after whole-genome duplications. Genes 9:563. [IF2017: 3.286, MNiSW2016: 25 pkt, liczba cytowań: 0]

Wszystkie publikacje są współautorskie o liczbie autorów od 4 do 9. Wkład Habilitanta wahał się od 30% do 80%. W 3 publikacjach Habilitant jest pierwszym autorem (55%, 60% i 80% udziału) natomiast autorem korespondencyjnym we wszystkich przedstawionych publikacjach. Sumaryczny IF wynosi 22,328 (w zakresie 1,995 - 4,500) a liczba punktów - 220. Powyższa analiza przy jednoczesnych oświadczeniach współautorów o zakresie ich wkładu świadczą o tym, że zarówno merytoryczny jak i twórczy wkład Habilitanta w prace eksperymentalne oraz w procesie przygotowywania publikacji jest na tyle istotny, że pozwala na stwierdzenie iż oceniany cykl artykułów stanowi oryginalne i samodzielne opracowanie naukowe, spełniając tym samym wymogi ustawowe.

Istotą pierwszego artykułu (Książkiewicz M., Wyrwa K., Szczepaniak A., Rychel S., Majcherkiewicz K., Przysiecka Ł., Karłowski W., Wolko B., Naganowska B. (2013); BMC Genomics 14:79) była identyfikacja regionów bogatych w geny (GRR) w genomie łubinu wąskolistnego w oparciu o analizy biblioteki BAC. W następnym etapie wykonano mapowanie genetyczne i cytogenetyczne z zastosowaniem otrzymanych 12 markerów genetycznych (PCR - 6 markerów, CAPS - 4 markery, dCAPS - 2 markery) oraz przy użyciu metody BAC-FISH z zastosowaniem 5 klonów BAC: dwóch generujących sygnały rozproszone i 3 typu pojedynczej kopii (single locus). Uzyskano w ten sposób markery chromosomo - specyficzne dla 6 grup sprzężeń zwiększając tym samym integrację mapy genetyczno-

chromosomowej z 15% do 40%. Kolejnym krokiem było sekwencjonowanie wybranych 5 klonów BAC. Po analizach adnotacji funkcjonalnej stwierdzono, że 2 klony reprezentowały regiony GRR zawierające odpowiednio 14 i 11 genów co daje średnio 16 i 14 genów na 100kbp. Wykonane w następnym etapie mapowanie porównawcze do sekwencji genomu soi pozwoliło na stwierdzenie, że występuje tam po dwa regiony kolinearne o identycznej kolejności i orientacji genów. Zaobserwowano również, że u soi regiony te są co najmniej 2x dłuższe niż u łubinu co wynikało z istnienia krótkich i długich (ok. 40-50kbp) INDELI. Reasumując, osiągnięto zamierzony cel i zidentyfikowano regiony bogate w geny w genomie łubinu wąskolistnego które wykazywały jednocześnie wysoki poziom kolinearności w obrębie rodziny bobowatych.

Kolejny artykuł (**Książkiewicz M., Zieleziński A., Wyrwa K., Szczepaniak A., Rychel S., Karłowski W., Wolko B., Naganowska B. (2015); Plant Molecular Biology Reporter 33: 84-101**) jest kontynuacją prac opisanych w poprzednim artykule. W oparciu o wyniki opisane w rozprawie doktorskiej Habilitanta otrzymano 6 nowych, cytogenetycznych markerów chromosomowo-specyficznych dla 5 grup sprzężeń. Poziom integracji mapy genetyczno-chromosomowej zwiększono tym samym z 40% do 60%. W następnym etapie prac zsekwencjonowano inserty 5 klonów BAC. Zidentyfikowane kolejne 2 GRR o średnich parametrach 19 i 19,6 genów przypadających na 100kbp. Mapowanie końców klonów BAC do wstępnej sekwencji genomu łubinu wąskolistnego pozwoliło na identyfikację 18 kontigów zawierających sekwencje GRR o charakterystyce 15-32 geny/100kbp. Dodatkowym wnioskiem było, że średnia długość kontigów była znacznie krótsza niż tych uzyskanych z sekwencjonowania całych insertów klonów BAC a powodem była fragmentacja genomu "referencyjnego". W dalszej części wykonano mapowanie porównawcze regionów GRR łubinu wąskolistnego z 5 gatunkami należącymi do rodziny bobowate i zidentyfikowano segmenty kolinearne między nimi. Opisano występowanie (na różnym poziomie) duplikacji regionów kolinearnych u wszystkich badanych gatunków. Ze względu na brak istotnych rearanżacji strukturalnych w analizowanych regionach stwierdzono, że są one pozostałościami genomu ancestralnego.

Trzecia publikacja (**Przysiecka Ł., Książkiewicz M.a, Wolko B., Naganowska B. (2015); Frontiers in Plant Science 6:268**) skoncentrowała się na opisie genów podobnych do izomeryzy chalkonowej łubinu wąskolistnego , ich strukturze, ekspresji oraz analizie filogenetycznej. Zidentyfikowano 2 geny: *Lang CHIL1* i *LangHIL2*. Z biblioteki BAC



wyizolowano 10 klonów na podstawie których utworzono 2 kontigi składające się z 6 i 2 klonów. Pozostałe dwa wykazywały singletonowy charakter i posłużyły jako markery w technice BAC-FISH lokalizując się na dwóch chromosomach. Poziom ekspresji obu izoform był zbliżony, różnicując jedynie pod względem analizowanego organu (korzeń, liść i łodyga) oraz czasu wzrost roślin (3, 4, 5, i 6 tygodni). Mapowanie porównawcze kontigów do genomu referencyjnego (*G. max*) wykazało, że struktura kontigu 2 jest bardziej konserwatywna niż kontigu 1 co może wskazywać na jego wcześniejsze pochodzenie a tym samym klasyfikując kontig 1 jako najprawdopodobniej powstały w wyniku duplikacji. W kolejnym etapie badań (**Książkiewicz M., Rychel S., Nelson M.N., Wyrwa K., Naganowska B., Wolko B. (2016); BMC Genomics 17:820**) Habilitant skoncentrował się na identyfikacji genu warunkującego termoneutralność łubinu wąskolistnego w oparciu o wcześniejsze wyniki. Na podstawie analiz klonów BAC wyselekcjonowano 17 klonów, które następnie zestawiono w 2 kontigi. Przy pomocy zaprojektowanych 10 markerów polimorficznych zlokalizowano je na mapie genetycznej określając również ich orientację. Mapowanie techniką BAC-FISH pozwoliło na zdefiniowanie 6 markerów cytogenetycznych chromosomowo - specyficznych. Wydłużając sekwencje BACów otrzymano 2 superkontigi a adnotacja funkcjonalna wykazała obecność po jednej kopii genu *FT* na każdym z nich (*LanFTc1* i *LanFTc2*). Mapowanie porównawcze superkontigu 1 do 9 gatunków bobowatych pozwoliło na adnotację jednej kopii genu *FT* (za wyjątkiem *L. japonicus*) natomiast identyczna analiza kontigu 2 dała wynik negatywny. Dalsze analizy wykazały lokalizację superkontigu 1 wewnątrz regionu kolinearnego o długości 15,3 cM a superkontigu 2 na skraju regionu kolinearnego o długości 20,4 cM. W dalszej pracy przy użyciu mapowania porównawczego i adnotacji funkcjonalnej sekwencji genomów 10 gatunków bobowatych wykazano obecność 118 homologów genów białek wiążących fosfatydyloetanolaminę (PEBF - rodzina do której należy gen *FT*). Analizy filogenetyczne wzmocniły hipotezę mówiącą o duplikacji całych genomów i powtórzonych kopii oraz ich udziale w ekspansji genów z rodziny PEBF u bobowatych. Jedynie 2 z 12 konserwatywnych motywów promotorów genu *FT* wykazały zachowanie swojej pozycji i orientacji.

Piąta publikacja (**Narożna D., Książkiewicz M., Przysiecka Ł., Króliczak J., Wolko B., Naganowska B., Mądrzak C. (2017); Plant Science 264: 149-167**) dotyczy identyfikacji kluczowego enzymu odpowiedzialnego za produkcję izoflawonoidów - syntazy izoflawonowej (IFS). Przy użyciu metod opisanych w powyższych publikacjach udało się

wyodrębnić 3 markery cytogenetyczne, chromosomowo - specyficzne. Skonstruowano 3 superkontigi i do każdego z nich adnotowano po 1 kopii *IFS: LangIFS1, LangIFS2 i LangIFS3*. Mapowanie porównawcze do sekwencji genomów 9 gatunków bobowatych pokazało istnienie wspólnych loci kolinearnych do regionów zawierających homologi genów IFS dla wszystkich superkontigów. W poszukiwaniu potencjalnych homologów genu IFS przeanalizowano sekwencje genomów 12 gatunków bobowatych oraz sekwencje transkryptomów 22 gatunków obejmujących również wybrane kłady, ewolucyjnie wcześniejsze. Analizy filogenetyczne wykazały, że geny syntazy izoflawonowej w roślinach strączkowych ewoluowały przez specyficzne dla linii duplikacje zarówno tandemowe jak i całego genomu. Duplikaty IFS roślin strączkowych zostały poddane silnej selekcji oczyszczającej, odpowiadającej ich pozycji w szlaku metabolicznym, i zachowały aktywność transkrypcyjną - specyficzną dla analizowanych narządów (najwyższą w korzeniu) i podobną do tej obserwowanej u innych przedstawicieli bobowatych. Powstrzymało to dalsze zmiany sekwencji aminokwasowych tych duplikatów.

W ostatniej z cyklu publikacji (**Szczepaniak A., Książkiewicz M., Podkowiński J., Czyż K.B., Figlerowicz M., Naganowska B. (2018); Genes 9:563**) przedstawione zostały wyniki analiz jądrowych i plastydowych genów karboksylazy acetylo-koenzymu A w kontekście duplikacji całych genomów. We wstępnym etapie wyizolowano z biblioteki BAC 27 klonów na podstawie których opracowano 14 polimorficznych markerów molekularnych (zmapowane w 9 grupach sprzężeń) oraz 12 klonów dla których zidentyfikowano sygnały BAC-FISH typu "single locus". Na podstawie adnotacji funkcjonalnej zidentyfikowano 3 regiony bogate w geny o średnich parametrach 10-12 genów/100kbp wykazujące wysoki stopień kolinearności sekwencji w genomach badanych przedstawicieli *Papilionoideae*. W puli badanych 16 gatunków roślin bobowatych określono średnią liczbę duplikacji genów kodujących karboksylazy acetylo-koenzymu A na - od 1,5 kopii do 3,2 kopii. Mapowanie się 2 lub więcej regionów genomu łubinu wąskolistnego do tych samych regionów kolinearnych genomów roślin bobowatych było podstawą do wnioskowania o ewolucyjnym pochodzeniu tych kopii na drodze duplikacji całych genomów. Ujawniony metodą mapowania porównawczego wzór duplikacji liniowo-specyficznych i ancestralnych potwierdziła również topologia drzewa konsensusowego uzyskanego dla 138 sekwencji genów kodujących formę cytozolową i podjednostki formy plastydowej karboksylazy acetylo-koenzymu A. Aktywność transkrypcyjna *in silico* u 8 gatunków roślin bobowatych genów kodujących formę



cytozolową została wykazana na wysokim poziomie w korzeniach, młodych liściach oraz w strąkach i nasionach podczas ich dojrzewania u większości badanych gatunków.

*III.1. Autorstwo lub współautorstwo publikacji naukowych w czasopismach znajdujących się w bazie Journal Citation Report (JCR)*

Dr Michał Książkiewicz, po wyłączeniu publikacji wchodzących w skład osiągnięcia, jest współautorem 6 publikacji w czasopismach z listy JCR: TAG, J. of Heredity, Chromosome Research, New Physiologist, Scientific Reports i Mol. Breeding. Jego udział wahał się między 10% a 35%. W jednej publikacji był pierwszym autorem (na 13), w 4 - drugim (na 7, 6, 14 i 5 odpowiednio) oraz w 1 - na 10 pozycji (na 17 współautorów).

Sumaryczny IF wynosi 23,804 (w zakresie 2,39 - 7,833) a liczba punktów - 220.

*III.2. Autorstwo lub współautorstwo monografii, publikacji naukowych w czasopismach międzynarodowych lub krajowych innych niż znajdujące się w bazach lub na liście, o których mowa w §3 Rozporządzenia, dla danego obszaru wiedzy.*

Habilitant był współautorem 9 rozdziałów w monografiach naukowych z tego w 7 w języku angielskim i 2 w języku polskim. Jego udział oszacowany został w przedziale od 2% do 50%.

Suma punktów za te publikacje wynosi **66**, a po uwzględnieniu czasopism z listy A (**440**) – **506**.

*III.3. Autorstwo lub współautorstwo opracowań zbiorowych, katalogów zbiorów, dokumentacji prac badawczych i ekspertyz, utworów i dzieł artystycznych - brak*

*III.4. Sumaryczny impact factor publikacji naukowych według listy Journal Citation Reports (JCR), zgodnie z rokiem opublikowania.*

Sumaryczny Impact Factor: **46, 132** (w tym 3,709 przed doktoratem)

*III.5. Indeks Hirscha opublikowanych publikacji według bazy Web of Science (WOS).*

Indeks Hirscha według bazy Web of Science (WoS): **8**

Liczba cytowań publikacji bazy Web of Science (WoS): **174**

*III.6. Kierowania międzynarodowymi lub krajowymi projektami badawczymi lub udział w takich projektach.*

Habilitant uczestniczył w 14 projektach w tym jako kierownik w 2 (NCN i MRiRW) oraz w 12 jako wykonawca (NCBiR -2, NCN - 2, MRiRW -2, MNiSW - 4 w tym jeden zamawiany i jeden promotorski oraz Projekty VII PR Unii Europejskiej - 2)

*III. 7. Międzynarodowe lub krajowe nagrody za działalność naukową.*

Habilitant został uhonorowany 6 nagrodami: specjalną Królewskiego Towarzystwa Geograficznego (Grecja), stypendium Prezesa PAN (2004 - 2007), Rady Naukowej IGR PAN, Krajową Nagrodą Naukową im. Stefana Barbackiego, Nagrodą PTG oraz wyróżnieniem Wydziału II Nauk biologicznych i Rolniczych PAN za cykl publikacji.

*III.8. Wygłaszanie referatów na międzynarodowych lub krajowych konferencjach tematycznych.*

Habilitant wygłosił 4 referaty na zagranicznych konferencjach naukowych oraz

8 na konferencjach krajowych.

*IV. Ocena dorobku dydaktycznego i popularyzatorskiego oraz współpracy międzynarodowej, która jest opisana 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.*

Dorobek dydaktyczny, popularyzatorski oraz w zakresie współpracy międzynarodowej dr Michała Książkiewicza jest obszerny i wartościowy. Potwierdzają to informacje zawarte poniżej.

*IV.1. Uczestnictwo w programach europejskich oraz innych programach międzynarodowych i krajowych - brak*

*IV.2. Udział w międzynarodowych i krajowych konferencjach naukowych.*

Habilitant był współautorem 11 wykładów na konferencjach krajowych (4) i międzynarodowych (7). Poza tym aktywnie uczestniczył w konferencjach naukowych krajowych i międzynarodowych, na których prezentowała wyniki badań w postaci posterów



obecnie, od 2016 jest opiekunem kolejnego doktoranta (planowany promotor lub promotor pomocniczy)

#### *IV.8. Staże w ośrodkach naukowych.*

Habilitant odbył 5 staży naukowych (od 1 do 5 tygodni): Włochy, Francja, Australia, Węgry i Mauritius.

#### *IV.9. Wykonanie ekspertyz.*

**brak**

#### *IV.10. Udział w zespołach eksperckich i konkursowych.*

**brak**

#### *IV. 11. Recenzowanie projektów oraz publikacji.*

Habilitant wykonał 9 recenzji dla renomowanych czasopism, takich jak: BMC Genomics, Acta Societatis Botanicorum Poloniae, Molecular Cytogenetics, Jurnal of Applied Genetics, Plant Breeding, BMC genetics, International Journal of Molecular Sciences oraz Plant Biotechnology Journal.

#### **Wniosek końcowy**

Na podstawie przedłożonego osiągnięcia naukowego pt. „**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**”, przeglądu dorobku naukowego, aktywności badawczej, współpracy międzynarodowej, dorobku dydaktycznego i popularyzatorskiego, stwierdzam że dr Michał Książkiewicz spełnia warunki stawiane kandydatom do stopnia naukowego doktora habilitowanego. Osiągnięcia dr Michała Książkiewicza stanowią istotny wkład w wiedzę dotyczącą mapowania genetycznego i fizycznego łubinu wąskolistnego jak również ewolucji wybranych genów zlokalizowanych w regionach bogatych w geny u tego gatunku, charakteryzują się znaczącym walorem poznawczym i praktycznym. Zestawienie publikacji wskazuje zaś na bardzo wyraźne powiększenie dorobku po poprzednim awansie i świadczy o dużej dojrzałości, wiedzy, przygotowaniu i gotowości do dalszej, samodzielnej już pracy naukowej.

(37). Habilitant był członkiem komitetów organizacyjnych 2 konferencji w tym jednej międzynarodowej i jednej o zasięgu ogólnopolskim

#### *IV.3. Otrzymane nagrody i wyróżnienia.*

Oprócz 6 nagród opisanych w punkcie III.7 został uhonorowany II wyróżnieniem w VIII edycji konkursu im. M Orłowicza dla dziennikarzy promujących polską turystykę w kategorii materiałów prasowych.

#### *IV.4. Udział w konsorcjach i sieciach badawczych.*

Habilitant aktywnie uczestniczył jako wykonawca w 3 konsorcjach międzynarodowych:

- transPLANT (2011-2015; 11 wykonawców),
- SEGENMAS (2015-2017; 7 wykonawców),
- LEGATO (2014-2017; 29 wykonawców).

#### *IV.5. Członkostwo w organizacjach i towarzystwach naukowych.*

dr Michał Książkiewicz jest członkiem 4 organizacji:

- International Lupin Asociacion, członek zwyczajny od 2008
- International Legume Society, członek zwyczajny od 2016 roku,
- Polskie Towarzystwo Genetyczne, członek zwyczajny od 2010 roku,
- Polskie Towarzystwo Łubinowe, członek zwyczajny od 2012 roku.

#### *IV.6. Osiągnięcia dydaktyczne i w zakresie popularyzacji nauki.*

Habilitant wygłosił 6 wykładów dla studentów (po jednym w kolejnych latach od 2013 do 2018 roku) jak również 2 wykłady na ogólnodostępnych seminariach naukowych IGR PAN w Poznaniu. Wynika to z faktu, że pracuje on w Instytucie gdzie nie ma obowiązku dydaktycznego. W tym miejscu należy przypomnieć o 12 wykładach wygłoszonych na konferencjach krajowych i zagranicznych.

#### *IV. 7. Opieka naukowa nad studentami i doktorantami.*

dr Michał Książkiewicz był opiekunem 6 studentów odbywających praktyki studenckie w IGR. Był również promotorem pomocniczym w 2 zakończonych doktoratach (2015 i 2018) a



Moim zdaniem przedstawiony przez dr Michał Książkiewicz dorobek naukowy spełnia zawarte w odpowiednich aktach prawnych kryteria [ustawa z 14 marca 2003 r. o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz.U. z 27 września 2017 r. poz. 1789), art. 179 ustawy z 3 lipca 2018 r. – Przepisy wprowadzające ustawę – Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz.U. z 30 sierpnia 2018 r. poz. 1669)] dla osoby ubiegającej się nadanie stopnia doktora habilitowanego. W związku z powyższym wnioskuję o nadanie Panu dr Michał Książkiewiczowi stopnia doktora habilitowanego.

Wojciech Piędon