

Warszawa, dn. 15 lutego 2024 r.

Prof. dr hab. Krzysztof Spalik
Instytut Biologii Ewolucyjnej
Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski
Centrum Nauk Biologiczno-Chemicznych
ul. Żwirki i Wigury 101, 02-089 Warszawa
tel. 509 336 395, e-mail: kspalik@uw.edu.pl

Rada Dyscypliny Nauki Biologiczne
Uniwersytet Gdański

Recenzja osiągnięć naukowych dr. Marcina Górniaka
w związku z wnioskiem o nadanie stopnia doktora habilitowanego

Pan dr Marcin Górniak jest absolwentem Wydziału Biologii, Geografii i Oceanologii Uniwersytetu Gdańskiego, na tym też wydziale uzyskał w 2007 r. stopień doktora nauk biologicznych w zakresie biologii na podstawie rozprawy doktorskiej pt. *Klasyfikacja rzędu Orchidales w świetle analiz wybranych fragmentów DNA*. Promotorem rozprawy był prof. Dariusz Szlachetko.

Jeszcze przed obroną doktoratu został zatrudniony w Katedrze Taksonomii Roślin i Ochrony Przyrody na etacie technicznym, a od 2008 r. – na etacie adiunkta.

Stwierdzam, że habilitant spełnia wymogi art. 219 ust. 1 pkt. 1 Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. „Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce”, czyli posiada stopień doktora.

Ocena wyróżnionego osiągnięcia naukowego

Jako osiągnięcie wyszczególnione w świetle art. 219 ust. 1 pkt 2 Ustawy „Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce” z dn. 20 lipca 2018 r, habilitant wskazał cykl pięciu publikacji naukowych, które ukazały się w czasopismach indeksowanych w Web in Science oraz były umieszczone w wykazie MNiSW. Osiągnięcie to zatem spełnia wymóg lit. b wspomnianego punktu ustawy.

Publikacje te ukazały się w latach 2010–2021. Dwie najstarsze opublikowane zostały w prestiżowym i selekcyjnym periodyku *Molecular Phylogenetics and Evolution* (Q1), jedna w *Plant Biosystems* (Q3), natomiast dwie w nieselekcyjnych czasopismach Open Access – *PeerJ* (Q2) oraz *International Journal of Molecular Sciences* (Q1). Choć formalnie mają one wysoką pozycję na liście czasopism, to z uwagi na ich nieselekcyjny charakter opublikowanie w nich pracy nie mówi nic o potencjalnej wadze pracy, a jedynie o tym, że spełnia ona kryteria rzetelności naukowej. Należy też zauważyć, że *International Journal of Molecular*

Science jest wydawany przez wydawnictwo MDPI, uważane przez część środowiska naukowego za drapieżne. Odejście od publikowania w czasopismach selekcyjnych na rzecz płatnych czasopism nieselekcyjnych jest podążaniem po linii najmniejszego oporu i taka strategia publikacyjna nie buduje prestiżu badacza.

We wszystkich pracach habilitant jest autorem korespondencyjnym, w dwóch – pierwszym, a w jednej – ostatnim, co wskazuje na jego kluczowy udział w postaniu tych publikacji. W wykazie osiągnięć habilitant podaje wysoki procentowy udział w każdej publikacji, w zakresie 50–90%, co trudno zweryfikować, ponieważ oświadczenia współautorów mówią jedynie o ich wkładzie jakościowym, nie zaś ilościowym (co zresztą nie jest wymagane). Te oświadczenia potwierdzają, że wkład habilitanta był kluczowy, przede wszystkim w zakresie przygotowania koncepcji badań – a tym samym ten cykl publikacji może być oceniany pod kątem indywidualnego wkładu habilitanta do dyscypliny, czego wymaga art. 219 ust. 2 ww. ustawy.

Publikacje składające się na wyróżniony cykl przedstawiam w porządku wskazanym przez habilitanta, choć nie jest to porządek chronologiczny.

Publikacja z 2010 r. zatytułowana „Phylogenetic relationships within Orchidaceae based on a low-copy nuclear coding gene, *Xdh*: Congruence with organellar and nuclear ribosomal DNA results” podejmuje ważny temat filogenezy rodziny storczykowatych. Jest to trudne zagadnienie, ponieważ, podobnie jak w wypadku innych rodzin okrytonasiennych, dane molekularne zakwestionowały dotychczasowe systemy klasyfikacji, wskazując na poli- lub parafiletizm wielu podrodzin i plemion, a także rodzajów, określanych potocznie w taksonomii jako taksony śmietnikowe (*dustbin taxa*), czyli obejmujące jednostki niższego rzędu, dla których po prostu nie znaleziono dobrego miejsca w systemie klasyfikacji. Badania filogenetyczne i taksonomiczne storczyków utrudniają także bardzo duża liczba gatunków (to jedna z największych rodzin okrytonasiennych) oraz możliwa hybrydyzacja. W wypadku tej grupy można skrzyżować nawet gatunki zaliczane tradycyjnie do różnych rodzajów oraz bardzo wyraźnie odmienne morfologicznie, choć takie krzyżówki spotyka się prawie wyłącznie w hodowli, gdyż w naturze wysoce specyficzne zapylenie – deponowanie pyłkocin w ściśle określonym miejscu ciała owada – stanowi zwykle, choć nie zawsze, skuteczną barierę prezygotyczną. Wynikająca z hybrydyzacji ewolucja siateczkowata sprawia problemy przy rekonstrukcji filogenezy na podstawie pojedynczych markerów molekularnych. Najczęściej wykorzystywane są markery chloroplastowe oraz jądrowey rDNA ITS, ponieważ mają wiele kopii w komórce, jednak mają one także swoje ograniczenia. Habilitant wraz ze współpracownikami postanowił zatem sprawdzić przydatność niskokopijnego jądrowego genu *Xdh*, kodującego dehydrogenazę ksantynową. Wyniki ogólnie potwierdziły wcześniejsze analizy bazujące na nrDNA oraz na markerach chloroplastowych, choć w pewnych obszarach drzewa uzyskano większą rozdzielczość filogenetyczną. Niewątpliwie stanowiły bardzo duży wkład w opracowanie nowego systemu klasyfikacji storczyków. Na podkreślenie zasługuje obszernie wprowadzenie oraz dyskusja wyników, pokazujące problemy taksonomiczne i ich rozwiązanie z wykorzystaniem metod molekularnych. Uważam tę publikację za najlepszą nie tylko we wskazanym cyklu, ale i w całym dorobku habilitanta. Jest to też najlepiej cytowany artykuł habilitanta

– jego wskaźnik cytowań w skali centylowej w kategorii Evolutionary Biology osiągnął aż 90% (WoS).

Kolejna praca, opublikowana w PeerJ, nieselekcyjnym płatnym czasopiśmie wolnego dostępu, dotyczy opisu międzygatunkowego mieszańca dwóch środkowoamerykańskich obuwików.

W pracy dokonano modelowania zasięgu dla trzech gatunków obuwików, aby oszacować obszar potencjalnego występowania mieszańców. Jednak w analizie dwa z tych gatunków były reprezentowane zaledwie przez 3–4 stanowiska, co w praktyce uniemożliwia sensowną analizę. Ta część pracy była jednak wykonana przez współautorkę artykułu, stąd nie omawiam jej dalej. Podobnie, szczegółowy opis morfologiczny został dokonany przez współautorów. Pracę poprawiłoby jej lepsze zredagowanie, zwłaszcza skrócenie nadmiarowej publikacji różnych wariantów analiz, np. modelowania niszy. Wkładem habilitanta w tę pracę były analizy molekularno-taksonomiczne, potwierdzające mieszańcowy charakter analizowanych okazów oraz identyfikujące gatunki rodzicielskie. Habilitant oszacował swój wkład na 50%, co jest dla mnie wątpliwe, biorąc pod uwagę, że część molekularna stanowi nieduży fragment pracy. Należy jednak podkreślić, że był on autorem korespondencyjnym.

Publikacja ta była cytowana przez innych autorów w kontekście występowania mieszańców międzygatunkowych w Ameryce Środkowej.

Trzecim artykułem wskazanym przez habilitanta była praca „The natural history of the genus *Cypripedium* (Orchidaceae)”. Habilitant oszacował swój wkład ilościowo na 60%, a jakościowo były to głównie analizy molekularne i filogenetyczne, ale także wykonanie mikrofotografii oraz zdjęć spod SEM oraz obowiązki wynikające z funkcji autora korespondencyjnego. Analizy filogenetyczne, a zwłaszcza datowanie drzewa, osobno dla nrDNA ITS oraz dla połączonych markerów chloroplastowych, stanowią główny trzon pracy. Są one uzupełnione opisami morfologii poszczególnych sekcji, trzeba jednak stwierdzić, że dane nie są zintegrowane, np. cechy morfologiczne nie są zmapowane na drzewie molekularnym, co byłoby bardzo informacyjne. Próbę takiej integracji podjęto w dyskusji, zwłaszcza przy charakterystyce poszczególnych sekcji – szkoda, że ma ona charakter opisowy, a nie formalny, np. z identyfikacją cech plezjo- i apomorficznych oraz silnie homoplastycznych. Te ostatnie często skwitowano stwierdzeniem, że dane molekularne i morfologiczne pozostają w sprzeczności.

W dyskusji starano się powiązać dywersyfikację *Cypripedium* z przemianami środowiska, np. optimami klimatycznymi – trudno jednak taki związek rzeczywiście zauważyć. Przed wszystkim, z uwagi na brak dobrych punktów kalibracyjnych dla *Cypripedium*, użyto wtórnego punktu kalibracyjnego z dość szerokim rozkładem *a priori*. W efekcie estymowane czasy dywergencji linii filogenetycznych mają bardzo szerokie rozkłady gęstości prawdopodobieństwa *a posteriori*, w skrajnych przypadkach rzędu 20–40 mln lat, co czyni ryzykownymi spekulacje o związku dywersyfikacji z przemianami środowiska geograficznego. Nie jest to zarzut do habilitanta, że taki wynik otrzymał – takie są po prostu ograniczenia tych analiz, a brak dobrych punktów kalibracyjnych jest zmorą filogenetyki roślin. Sugerowałbym jednak większą ostrożność w interpretacji

wyników. Niemniej, jest to interesujące studium różnicowania się obuwików, do którego będą musieli odnieść się inni badacze tego rodzaju, interesującego nie tylko dla botaników, ale i dla hodowców-kolekcjonerów storczyków, bowiem to nieliczne storczyki strefy klimatu umiarkowanego o okazałych, egzotycznych kwiatach. Artykuł ukazał się w *Plant Biosystems*, czasopiśmie botanicznym o długiej i dobrej tradycji, znajdującym się w trzecim kwartylu listy periodyków.

Kolejny artykuł dotyczył jednego, ale bardzo interesującego gatunku – *Paphiopedilum canhii*. Ten przedstawiciel sabotków (spokrewnionych z obuwikami) został opisany dopiero w 2010 r., a co nietypowe – nie na podstawie okazu zebranego z natury, ale uprawianego przez prywatnego kolekcjonera w Hanoi (Wietnam). Jego cechy morfologiczne nie pozwalały zaklasyfikować go do żadnego z podrodzajów/sekcji *Paphiopedilum*, choć wkrótce po jego odkryciu zaproponowano alternatywne hipotezy co do jego taksonomicznej pozycji. Warto podkreślić, że rodzaj sabotek, z uwagi na okazałe, charakterystyczne kwiaty, jest przedmiotem dużego zainteresowania nie tylko badaczy, ale i kolekcjonerów storczyków.

Zespół autorów tej publikacji za zadanie postawił sobie dokonanie wszechstronnego opisu tego gatunku, w tym ustalenie jego pozycji filogenetycznej. Jak poprzednio, habilitant był odpowiedzialny za analizy molekularno-filogenetyczne, wykonanie fotografii oraz korespondencję z redakcją czasopisma, którym było ponownie *Molecular Phylogenetics and Evolution*. Analizy molekularne, z uwagi na niską rozdzielczość markerów oraz niespójność między nrDNA ITS a markerami chloroplastowymi, nie ustaliły jednoznacznie pozycji filogenetycznej badanego gatunku, choć na podstawie drzewa otrzymanego z połączonych danych autorzy utrzymują, że powinien on być klasyfikowany w osobnym podrodzaju. Dyskusja wyników jest wyczerpująca, choć podobnie jak w innych pracach spekulacje dotyczące cech plezjomorficznych i apomorficznych są w formie opisowej, a nie wynikają z mapowania tych cech na drzewie.

Ostatnia praca z cyklu i jednocześnie ostatnia chronologicznie dotyczy spójności danych molekularnych i morfologicznych w analizie filogenetycznej sabotków. Ukazała się w *International Journal of Molecular Sciences*, które jest wprawdzie w Q1, ale wydające go MDPI balansuje na krawędzi wydawnictwa drapieżnego z uwagi na wątpliwe praktyki wydawnicze. Trzeba jednak zauważyć, że w pakiecie tego wydawnictwa są czasopisma przestrzegające dobrych praktyk, wskutek czego są wciąż są indeksowane w najważniejszych bazach bibliograficznych. W ocenie artykułów publikowanych w nieselekcyjnych, płatnych czasopismach wolnego dostępu nie należy się jednak sugerować rankingiem tych czasopism na podstawie IF.

Omawiany artykuł podnosi bardzo ważny problem – jak z wielu pozostających w konflikcie drzew genów uzyskać drzewo filogenetyczne gatunków. Autorzy słusznie wskazują na dwa najbardziej prawdopodobne źródła konfliktu – niepełne sortowanie alleli (linii genealogicznych) oraz hybrydyzację. Pokazują niezgodność markerów jądrowych z drzewem chloroplastowym – które z kolei jest spójne z morfologią, przede wszystkim podziałem na taksony jedno- i wielokwiatowe. Wykazują jednak, że w analizach na podstawie połączonych danych polifiletizm sekcji typowej znika, co jest ważnym wynikiem – i na tym wniosku należało

poprzestać. Autorzy jednak zbyt daleko poszli w uwierzeniu w wyniki analizy sieci, wskazującym na możliwość ewolucji siateczkowatej. Ilustrująca taką możliwość rycina 3 była dla mnie kompletnie niezrozumiała, ponieważ przedstawione alternatywne połączenia nie zmieniają topologii drzewa, wychodzą bowiem z tej samej gałęzi. Zrozumiałem ją dopiero, kiedy zobaczyłem proponowany w dyskusji scenariusz, moim zdaniem wynikający z nadinterpretacji uzyskanych wyników i nieuwzględnienia niepewności datowania (o czym pisałem wcześniej). Sieci uzyskiwane za pomocą różnych metod, w tym wypadku bayesowskiej, niekoniecznie oznaczają, że zaszła hybrydyzacja. Czasem po prostu ilustrują niską rozdzielczość filogenetyczną markerów albo właśnie niepełne sortowanie alleli. Różne czasy koalescencji markerów niekoniecznie świadczą o horyzontalnym przepływie genów, a czasem są wynikiem czystych zjawisk losowych. Oczywiście hybrydyzacja też nie jest wykluczona, a także inne procesy zaburzające odtwarzanie filogenezy, np. przyciąganie się długich gałęzi. W analizie filogenetycznej, zwłaszcza bayesowskiej, mamy wiele ukrytych założeń, które sprawiają, że przy interpretacji takich wyników należy zachować ostrożność – której tu najwyraźniej zabrakło.

W wyszczególnionych jako cykl publikacji habilitant wykazał się umiejętnością prowadzenia analiz molekularnych i filogenetycznych, a także szeroką wiedzą na temat taksonomii i ewolucji storczyków. Razem ze współautorami podejmował ważne zagadnienia, choć wyszczególnione prace są różnej wagi i jakości. Na szczególne wyróżnienie zasługuje praca o filogenezie całej rodziny, w istotny sposób ewaluująca nowy zarys systemu klasyfikacji storczyków, wynikający z integracji danych molekularnych i morfologicznych. Ważny jest również wkład habilitanta w systematykę rodzaju *Cypripedium*. Jeśli pominąć wątpliwe spekulacje o hybrydyzacji, wykazanie zgodności danych molekularnych i morfologicznych jest ważną podstawą do stworzenia dobrego systemu klasyfikacji sabotków.

Podsumowując, mimo wskazanych przeze mnie niedociągnięć, wynikających z nadinterpretacji, a czasem z braku integracji danych molekularnych, biogeograficznych i morfologicznych, przedstawiony cykl publikacji jest znaczącym wkładem do poznania różnorodności, filogenezy i ewolucji, a tym samym i taksonomii storczyków. Stwierdzam tym samym, że przedstawiony przez habilitanta cykl publikacji spełnia wymóg art. 219 ust. 1 pkt 2 Ustawy.

Ocena innych osiągnięć naukowych

Poza pracami wyróżnionymi jako jego główne osiągnięcie naukowe, dr Marcin Górniak jest współautorem 20 publikacji w czasopiśmie indeksowanym w Journal Citation Report. Zdecydowana większość z nich dotyczy filogenezy i taksonomii storczyków. Kompetencje dra Górniaka w zakresie analiz z zakresu filogenetyki molekularnej sprawiają, że był zapraszany do współpracy także przez badaczy lub zespoły zajmujące się innymi zagadnieniami niż storczyki, jak np. apomiksja u przedstawicieli kapustowatych, genetyka populacyjna kosańca karłowatego, a nawet zagadnienia mikrobiologiczne.

Publikacje habilitanta były łącznie cytowane 245 razy (WoS, bez autocytowań, na dzień sporządzenia recenzji), a indeks H wynosi 9. Są do umiarkowane wartości, podobnie jak mediana cytowań w skali centylowej wynosząca 28%, czyli pod koniec Q3. Należy jednak uwzględnić fakt, że badania taksonomiczne nie mają zwykle wysokiej cytowalności. Niepokoi jednak, że od 2020 r. wszystkie prace habilitanta, z wyjątkiem ww. artykułu w *Plant Biosystems*, ukazały się w czasopiśmie MDPI. Taki profil publikowania może ograniczyć możliwości pozyskiwania w przyszłości grantów na badania z uwagi na niską renomę tego wydawnictwa w części zagranicznych środowisk naukowych, z których mogą wywodzić się recenzenci wniosków grantowych.

Można zatem stwierdzić, że habilitant – poza wyróżnionym osiągnięciem – ma także inne istotne osiągnięcia, spełniające art. 219 ust. 1 pkt 2 Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. „Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce”.

Dr Górniak był kierownikiem dwóch projektów krajowych przyznawanych w drodze konkursu, przez KBN oraz MNiSW, brał udział także jako wykonawca w zespołach prowadzących takie projekty. Habilitant odbył także liczne staże i wizyty badawcze, z których najważniejsze to cztery pobyty w Jodrell Laboratory – jednym z czołowych ośrodków zajmujących się filogenetyką molekularną roślin. Pierwsza (i najważniejsza) z prac z wyróżnionego cyklu publikacji jest właśnie wynikiem pracy w tej instytucji.

Podsumowując tę część recenzji, stwierdzam, że habilitant spełnia wymogi art. 219 ust. 1 pkt 3 Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. „Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce”.

Konkluzja

Podsumowując, stwierdzam, że osiągnięcia naukowe dra Marcina Górniaka spełniają wymogi stawiane w Ustawie „Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce” z dn. 20 lipca 2018 r. W związku z tym pozytywnie opiniuję wniosek o nadanie drowi Marcinowi Górniakowi stopnia naukowego doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauk biologicznych.

prof. dr hab. Krzysztof Spalik