



## RECENZJA

osiągnięcia naukowego pt.: "Masywne sekwencjonowanie amplikonów genów małej podjednostki rybosomu jako metoda analizy zbiorowisk mikroorganizmów w środowisku" stanowiącego podstawę wniosku o nadanie stopnia doktora habilitowanego oraz istotnej aktywnością naukową realizowanej w więcej niż jednej uczelni, (instytucji naukowej) i dorobku naukowo-badawczego, organizacyjnego i dydaktycznego

### Doświadczenie naukowe oraz przebieg pracy zawodowej

Pan dr Marcin Gołębiwski ukończył studia na Uniwersytecie Warszawskim, Wydział Biologii w 1999 roku. W 2005 roku przygotował i obronił pracę doktorską, pt.: „Complete nucleotide sequence of pCTX-M3 plasmid and analysis of its genes responsible for conjugational transfer”, promotorem pracy był dr hab. Piotr Cegłowski, po Jego śmierci prof. dr hab. Jacek Bardowski. Pan dr Marcin Gołębiwski już od wczesnych lat pracy naukowej, skupił swoją uwagę na aspektach analiz w zakresie genomiki w szerokim tego słowa znaczeniu. Początkowo, Jego zainteresowania naukowe oscylowały w obrębie biologii plazmidów, a następnie ewoluowały w kierunku analiz genomów pełnych organizmów, począwszy od analizy genomu bakteriofagów poprzez genetyczne profilowanie, analizy transkryptomiczne w modelu roślinnym a skończywszy na analizach metagenomicznych zbiorowisk mikroorganizmów w różnych warunkach środowiskowych, z wykorzystaniem wysoko-przepustowych metod sekwencjonowania DNA - *Next-Generation Sequencing* - NGS. Na uwagę zasługuje fakt, iż Habilitant bardzo dużą uwagę skupił na opracowaniu metodyki badawczej, która jest kluczem do osiągnięcia sukcesu w naukach eksperymentalnych, wprowadzając autorskie metody przygotowania materiału eksperymentalnego oraz jego analiz. Pan dr Marcin Gołębiwski swoją karierę naukową rozpoczął w 1999 roku, od pracy w Zakładzie Biochemii Drobnoustrojów, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN w Warszawie; następnie w latach 2005-2006 pracował jako asystent w Zakładzie Biotechnologii na Uniwersytecie Mikołaja Kopernika w Toruniu; a od roku 2006 jest zatrudniony na etacie adiunkta w Katedrze Fizjologii Roślin i Biotechnologii na Uniwersytecie Mikołaja Kopernika w Torunniu. W tym czasie (2011 rok) Habilitant pracował także w Instytucie Oceanologii PAN w Sopocie jako bioinformatyk; ponadto w roku 2008 dr Marcin Gołębiwski odbył krótkoterminowy staż naukowy jako *‘visiting professor’*, Chung-ang University, Seoul, Republika Korei Południowej w zespole prof. Che-Ok Jeona, gdzie zajmował się metagenomiką środowisk zmienionych antropogenicznie. Na uwagę zasługuje fakt że Habilitant w ramach realizacji funduszy infrastrukturalnych uczestniczył w zaprojektowaniu i wyposażeniu laboratoriów Zespołu Genomiki Funkcjonalnej w Interdyscyplinarnym Centrum Nowych Technologii, a obecnie pełni funkcję kierownika Laboratorium Metagenomiki.

Podsumowując, droga naukowa Pana dr Marcina Gołębiwskiego to realizacja prac badawczych, które wpisują się w nowoczesną środowiskową mikrobiologię molekularną wraz z rozwojem najnowszych technologii analitycznych – NGS do charakterystyki środowisk mikrobiologicznych oraz tzw. holobiomów.



## Ogólna ocena dorobku naukowego

Pełny dorobek naukowy dr Marcina Gołębińskiego to 22 publikacje które ukazały się w czasopiśmie będących na liście *Journal Citation Reports* (JCR) oraz jedna opublikowana na łamach polskiego czasopisma *Biotechnologia*, które nie wchodzi w zakres bazy danych JCR. Sumaryczny 'Impact Factor - IF' zgodnie z rokiem opublikowania wynosi 67.668; indeks  $h=10$ , całkowita liczba cytowań wynosi, 462 z wykluczeniem autocytowań. Ponadto w zakres opracowań Habilitanta można włączyć tzw. 'rekordy' zgłoszone w bazie danych GenBank, w liczbie 25, włączając pełne sekwencje dla plazmidów, genomy fagów oraz fragmenty DNA plazmidów i 16S/18S rRNA. W obrębie prezentowanych publikacji naukowej, 4 opracowania zostały włączone do osiągnięcia naukowego. Prace te ukazały się w uznanych czasopiśmie z listy JCR; sumaryczny IF dla publikacji wchodzących w skład osiągnięcia wynosi 12,152, ilość punktów  $MNiSW_{2016}=135$ , oraz prace te były cytowane 100, w tym jedna 94.

## Ocena osiągnięcia naukowego stanowiące monotematyczny cykl publikacji pod wspólnym tytułem: „Masywne sekwencjonowanie amplikonów genów małej podjednostki rybosomu jako metoda analizy zbiorowisk mikroorganizmów w środowisku”

Przedstawione do oceny osiągnięcie naukowe stanowiące podstawę postępowania habilitacyjnego to cykl czterech publikacji naukowych, które ukazały się w czasopiśmie uwzględnionych w bazie JCR. Trzy prace posiadają charakter prac eksperymentalnych, oraz jedna praca w *Journal of Applied Microbiology* to opracowanie przeglądowe; podsumowując:

- *Microbial Ecology* (2014) - IF 2,973, (MNiSW=35; cytowania: 94);
- *Environmental Microbiology Reports* (2017) - IF 2,885, (MNiSW=35; cytowania: 5);
- *Microbial Ecology* (2019) - IF 3,611, (MNiSW=35; cytowania: 1);
- *Journal of Applied Microbiology* (2019) - IF 2,683, (MNiSW=30; cytowania: 0);

Sumaryczny IF=12,152; MNiSW=135, uwzględniając rok 2016; liczba cytowań: 100. Na podstawie oświadczenia Habilitanta oraz przedłożonych dokumentów współautorów można stwierdzić, że zaangażowanie Pana dr Marcina Gołębińskiego w realizację poszczególnych opracowań naukowych jest znaczące i nie budzi zastrzeżeń. I tak, w pracy *Microbial Ecology* Habilitant jest pierwszym autorem oraz tzw. autorem korespondencyjnym, a Jego udział wynosi 80%; *Environmental Microbiology Reports*, pierwszy autor, udział 45%; *Microbial Ecology* pierwszy autor oraz tzw. autor korespondencyjny, udział 65%; *Journal of Applied Microbiology*, pierwszy autor oraz tzw. autor korespondencyjny, udział 90%.

Podsumowując, na bazie dostarczonych oświadczeń stwierdzam, że Pan dr Marcin Gołębiński aktywnie uczestniczył we wszystkich etapach realizacji prac badawczych, począwszy od opracowaniu koncepcji badań, planowaniu i wykonaniu doświadczeń, a przede wszystkim Jego dominująca rola widoczna jest w wykonaniu analiz NGS wspartych bioinformatycznym opracowaniem danych; ponadto, brał aktywny udział w interpretacji i dyskusji otrzymanych wyników, a skończywszy na przygotowaniu manuskryptów. Zatem, wkład Habilitanta w realizację poszczególnych projektów jest znaczący wskazując na Jego dominującą rolę jako lidera realizowanych prac badawczych w zakresie zaprezentowanych publikacji.



Zaprezentowane prace badawcze to cykl publikacji, których tematyka wpisuje się w tzw. środowiskową mikrobiologię molekularną, której celem jest opisanie 'status quo' mikrobiomu danego środowiska oraz określenie dynamiki zmian zbiorowiska mikroorganizmów w odpowiedzi na zmienne czynniki środowiskowe. Należy podkreślić, iż tematyka ta obecnie przeżywa 'renesans' w związku z wykorzystaniem zdobyczy biologii molekularnej, jak na przykład tzw. technik 'Next-Generation Sequencing' - NGS, co obecnie wręcz prowadzi do eksplozji informacji przyczyniając się do rozwoju tzw. biologicznych 'bigdata', jednocześnie dramatycznie napędza proces poznawczy w biologii. Podstawowym pytaniem jakie dr Marcin Gołębiowski zadał to „Kto tam jest?” w badanym środowisku, wykorzystując NGS. Należy także podkreślić, że uwaga Habilitanta z jednej strony skupiona jest na problemie naukowym, ale z drugiej strony, Habilitant bardzo duży nacisk kładzie na aspekt metodyczny, którego nie można pominąć, ponieważ jest on kluczem do sukcesu w naukach eksperymentalnych.

Pierwsza praca naukowa, w cyklu trzech prac eksperymentalnych to opracowanie, pt.: *16S rDNA pyrosequencing analysis of bacterial community in heavy-metals polluted soils*, autorstwa: Gołębiowski M, Deja-Sikora E, Cichosz M, Tretyn A, Wróbel B., *Microb. Ecol.*, 2014, 67(3): 635-647. Habilitant podjął się charakterystyki mikrobiomu w próbkach gleby, z wykorzystaniem metod metagenomicznych; gleba pochodziła z południowej części Polski (Olkusz, Alwernia) z rejonów uprzemysłowionych, czego wyrazem była wysoka zawartość metali: Zn, Pb i Cr. Identyfikację grup bakterii przeprowadzono na bazie sekwencjonowania biblioteki DNA, którą otrzymano poprzez amplifikację fragmentu 16S rRNA; do amplifikacji Habilitant wykorzystał opracowany autorski zestaw starterów, który pozwalał na efektywniejszą syntezę fragmentów DNA. Ponadto, w pracy wdrożono autorską metodę implementacji wyników NGS, oraz opracowano metodę oceny tzw. *Operational Taxonomic Units* – OTS, co bezpośrednio umożliwiło Habilitantowi rzetelną ocenę różnorodności mikroorganizmów w badanej próbce. Podstawowym założeniem w pracy była analiza mikrobiomu w kontekście zanieczyszczeń gleby metalami ciężkimi, prób które pochodziły z rejonu uprzemysłowionego. Niestety z racji na małą ilość pobranych prób, opracowanie jasnej korelacji między poziomem zanieczyszczeń na zmianami mikrobiomu w badanej glebie było niemożliwe, wskazując jedynie, że Zn może obniżać różnorodność bakterii na poziomie gatunku jak i rodziny, przy braku wpływu pozostałych metali ciężkich, które występowały prawdopodobnie w zbyt małym stężeniu. Jednakże, na uwagę zasługuje inny ciekawy aspekt, który stanowi istotną wartość dodaną w pracy, tj. opracowanie 'podstawowego mikrobiomu', tzw. 'core microbiome'. Habilitant, wykorzystując otrzymane dane z badanych prób (Olkusz, Alwernia) i stosując autorskie podejście w analityczne określił strukturę różnorodności bakterii, wskazując że takiego gromady jak: Proteobacteria, Actinobacteria, Acidobacteria, Bacteroidetes, Firmicutes, występowały najliczniej w analizowanych glebach, co dało podstawę do kreślenia podstawowego mikrobiomu w skali analizowanych prób. Niestety, znaczeniu tego odkrycia umniejsza fakt, iż analizy zostały zrobione w skali regionalnej, w zakresie 40 km oraz mała ilość badanych prób gleby; jednakże praca ta została bardzo pozytywnie odebrana przez środowisko naukowe, czego wyrazem jest bardzo wysoka ilość cytacji - 90. Zastanawiającym jest fakt, że pomimo sukcesu jakim było opracowanie 'podstawowego mikrobiomu', Habilitant nie kontynuował tego wątku naukowego



– metale ciężkie a mikrobiom gleb w rejonach dotkniętych skażeniem, w znacznie większej skali, na przykład budując pełny obraz mikrobiomu polskich gleb.

Następny projekt badawczy realizowany przez Habilitanta to analiza mikrobiomu w kontekście zasolenia środowiska w tzw. środowisku słonawowodnym, tj. u ujścia rzek, w tym wypadku u ujścia Wisły do morza Bałtyckiego. Praca, pt.: „*Tideless estuaries in brackish seas as a possible freshwater-marine transition zones for bacteria – the case study of the Vistula estuary*” Gołębiewski M, Całkiewicz J, Creer S, Piwosz K., *Env Microbiol Rep*, 2017, 9(2): 129-143. Pierwszym istotnym elementem w prezentowanej pracy jest podejście eksperymentalne Habilitanta; tj. praca badawcza wpisuje się w tzw. ‘*Hypothesis-Driven Research*’ wskazując, że Habilitant opracowując projekt badawczy, aktywnie kreuje zakres badań i konsekwentnie stara się odpowiedzieć na fundamentalne pytania; jest to przeciwieństwem do tzw. ‘*Descriptive Driven Research*’ często opartej jedynie na bezrefleksyjnej rejestracji zjawisk biologicznych. W publikacji Habilitant wskazał (na bazie opracowań innych badaczy), że morskie jak i słodkowodne grupy mikroorganizmów znacznie się różnią na wielu poziomach taksonomicznych, a co najważniejsze w strefach gdzie takie wody się mieszają, występuje bardzo wyraźna granica między występowaniem morskich jak i słodkowodnych mikroorganizmów; można powiedzieć, że nie notuje się adaptacji poszczególnych grup mikroorganizmów do zmienny warunków zasolenia – brak współistnienia tychże organizmów w wodach u ujścia rzek. Biorąc ten fakt pod uwagę Habilitant wykorzystał zjawisko jakie występuje w Bałtyku, a mianowicie akwen ten charakteryzuje się niskim zasoleniem, a w konsekwencji w obszarze ujścia rzek występują unikalne warunki środowiskowe, tzw. środowisko słonawo-wodne. Pan dr Marcin Gołębiewski, opracował hipotezę badawczą, wskazując że tzw. wody słonawe na granicy Bałtyku i Wisły, mogą być miejscem gdzie koegzystuje mikrobiom słodkowodny i morski. Habilitant skupił swoją uwagę na estuarium Wisły, analizując mikrobiom w różnych warunkach, tj. pory roku oraz w różnych strefach zasolenia. Habilitant wykorzystał zdobyte wcześniej kompetencje w zakresie NGS oraz analiz bioinformatycznych, czego wyrazem jest przeprowadzona szeroko zakrojona analiza mikrobiomu. Habilitant opisał szereg zależności we fluktuacji mikrobiomu w zależności od warunków zasolenia i pory roku, ale myślę że najważniejszym aspektem pracy jest opisanie ‘podstawowego mikrobiomu’ w estuarium Wisły w kontekście ekspansji mikroorganizmów do odmiennych niekorzystnych środowisk. Przeprowadzone badania pokazały, że może zachodzić adaptacja mikroorganizmów słodkowodnych do środowiska słonawowodnego, jednakże zjawisko to jest bardzo rzadkie, i nie zachodzi praktycznie w kierunku środowisko słonawowodne-rzeczne. Habilitant zaproponował także hipotetyczny mechanizm leżący u podstaw takiej adaptacji, wskazując że ‘mikroewolucja’ w środowisku słonawowodnym oddziałuje na taksonomicznie spokrewnione grupy bakterii. Habilitant, w swoim autoreferacie napisał: „...przytąpaliśmy ewolucję na gorącym uczynku.” – ciekawe stwierdzenie i gratuluję.

Trzecia publikacja, i ostatnia zarazem, z cyklu opracowań eksperymentalnych to opracowanie w którym Habilitant skupił się na tematyce mikrobiomu w tzw. ściółce sosnowej, która ulega rozkładowi w środowisku leśnym. Z jednej strony, tematyka dotycząca dekompozycji ściółki leśnej, to zapewne nad wyraz ważki temat w zakresie cyklu biogeochemicznego, który zapewnia



równowagę w przepływ materii, ale temat ten jest eksplorowany od dekad, a ostatnio także na drodze metagenomiki. Habilitant, za cel obrał ściółkę sosnową, która nie była badana wyczerpująco nowoczesnymi metodami biologii molekularnej, co niesie w sobie znamiona nowości, a ponadto w swoich badaniach nie tylko uwzględnił bakterie, ale także archeony i eukarionty. Habilitant, wykorzystując techniki genetyczne jak i biochemiczne, przeanalizował szereg prób, które były inkubowane w czasie: 0, 3 i 8 miesięcy. Z opracowania wyłania się ogólny obraz zmian mikrobiomu w ściółce, wskazując na wyraźne przejście mikrobiomu fylosfery sosny do mikrobiomu charakterystycznego dla danego stadium dekompozycji ściółki. Habilitant wskazał, że elementem różnicującym są zmiany fizyko-chemiczne, jak na przykład poziom cynku i sodu, oraz wykorzystując analizy ko-korespondencji, wskazał że dodatkową siłą różnicującą były oddziaływania między zbiorowiskami bateryjnymi a eukariotycznymi. W konsekwencji, zanotowano charakterystyczną trajektorię zmian, tj. bogactwo gatunkowe eukariontów zmniejszało się w czasie dekompozycji ściółki (poza grzybami, które dominowały po ośmiu miesiącach), w przeciwieństwie do mikrobiomu bakteryjnego, którego ilość i różnorodność osiąga swoje maksimum już po trzech miesiącach dekompozycji, z dominacją proteobakterii. Ciekawym elementem, jest brak mikroorganizmów z grupy archeonów, co moim zdaniem jest inspirujące i warte naukowej refleksji; Habilitant w dyskusji sugeruje, że może to być podyktowane względami technicznymi, niska wydajność amplifikacji, etc., a może ma to inne podłoże związane z brakiem adaptacji do takowych warunków środowiskowych. Ponadto, zastosowanie metody PICRUSt, pozwoliło na wskazanie potencjału metabolicznego badanego mikrobiomu, niestety tylko potwierdzając przyjęty w literaturze model dekompozycji ściółki leśnej.

Ostatnia z zaprezentowanych prac, to opracowanie o charakterze tzw. pracy przeglądowej. Pan dr Marcin Gołębiowski skupił się na przedstawieniu zasad obowiązujących w analizach metagenomicznych, które obecnie stają się kluczem do zrozumienia skomplikowanych zależności w obrębie dużych grupy mikroorganizmów w określonym środowisku. Główny celem Habilitanta było przedstawienie obowiązujących zasad i metod badawczych. Opracował i przedstawił schemat działań eksperymentalnych tzw. *'Experimental pipeline'* do celów analizy określonych fragmentów kwasów nukleinowych (DNA czy RNA), tak aby eksperymentator osiągnął zamierzony cel w zależności od przyjętych założeń; można zauważyć bardzo metodyczne podejście, jak na przykład Habilitant wskazuje na ilość powtórzeń biologicznych, technicznych, tak aby otrzymać statystycznie istotne wyniki – jak że obecnie ważny aspekt analityki laboratoryjnej. Omówił także kwestię wyboru odpowiednich metod sekwencjonowania jak i dostępnego sprzętu, w zależności od tego jakich do jakich celów ma być użyty. Poświęcił także uwagę na jak że istotny element jak wybór genów markerowych oraz nawet stosowane startery do amplifikacji DNA; zwięźleniem opisu metod jest przedstawienie pełnej analizy eksperymentalnej, począwszy od pobrania materiału, poprzez optymalizację poszczególnych kroków analitycznych, a przede wszystkim przygotowanie bibliotek do sekwencjonowania (zwracając nawet uwagę na odpowiednią ilość cykli w amplifikacji DNA, czy właściwy stosunek polimerazy do matrycy, oraz wskazując na najlepsze polimerazy na rynku – benedyktyńskie podejście). Ponadto, opracował i zaprezentował dostępne metody przygotowania bibliotek, co



jest kluczem do otrzymania podstawowych danych eksperymentalnych do analiz bioinformatycznych. W końcowym elemencie pracy, Habilitant nakreślił perspektywy rozwoju technik NGS w kontekście analiz metagenomicznych.

Podsumowując, przedstawione do oceny osiągnięcie naukowe to cykl czterech opracowań naukowych powiązanych tematycznie, w zakresie prac badawczych dotyczących analiz metagenomicznych. Trzy prace eksperymentalne, wykazują się heterogenną tematyką naukową, ale wspólnym mianownikiem dla tych prac jest zastosowanie technik metagenomicznych przez Habilitanta do badania grup mikroorganizmów w różnych typach środowisk; prace te odpowiadają na ważne pytania w biologii, co daje podstawy do stwierdzenia, że wnoszą one istotną wartość dodaną do naszej wiedzy. Na bazie prac badawczych oraz narracji Habilitanta, w mojej ocenie Pan dr Marcin Gołębiowski główny nacisk kładzie na rozwój technik analitycznych – z sukcesem, zaś tematyka badawcza w osiągnięciu jest na drugim planie; dlatego też, można by oczekiwać, w zakresie prezentowanego osiągnięcia, szerszego zakresu prac przekładającego się na większą ilość opracowań naukowych. Czwarta praca, myślę potwierdza moją ocenę, to opracowanie przedstawiające obrazu technik metagenomicznych i nie odnosi się do problemu naukowego, a do technicznego aspektu biologicznych nauk eksperymentalnych. Przedstawione osiągnięcie wskazuje, że Pan dr Marcin Gołębiowski jest specjalistą w rozwoju technik eksperymentalnych, posiada i konsekwentnie rozwija warsztat badawczy w zakresie technik metagenomicznych, co jest elementem kluczowym aby odnieść sukces naukowy w naukach eksperymentalnych. W ocenie osiągnięcia pojawia się niedosyt, związany z heterogenną tematyką badawczą i co najważniejsze brak konsekwencji w realizacji jednego tematu badawczego.

#### **Ocena istotnej aktywności naukową realizowanej w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej.**

Na bazie otrzymanych dokumentów stwierdzam, że aktywność naukową realizowaną w więcej niż jednej uczelni czy instytucji naukowej Pan dr Marcin Gołębiowski realizował na kilku płaszczyznach. Po pierwsze, rozpatrując osiągnięcie naukowe w formie monotematycznego cyklu publikacji, stwierdzam że realizacja części zadań badawczych wpisuje się w działalność w formie „istotnej aktywności naukową realizowanej w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej”. I tak: publikacje posiadają dodatkowe afiliację poza Uniwersytetem Mikołaja Kopernika w Toruniu, który jest macierzystą jednostką Habilitanta:

- Gołębiowski M, Deja-Sikora E, Cichosz M, Tretyn A, Wróbel B. 2014. 16S rDNA pyrosequencing analysis of bacterial community in heavy-metals polluted soils. *Microb Ecol*, 67(3): 635-647. została wykonana we współpracy z Instytutem Oceanologii PAN w Sopocie/Uniwersytet Adama Mickiewicza w Poznaniu - Prof. dr hab. Borys Wróbel – udział 5%;
- Gołębiowski M, Całkiewicz J, Creer S, Piwosz K. 2017. Tideless estuaries in brackish seas as a possible freshwater-marine transition zones for bacteria – the case study of the Vistula estuary. *Env Microbiol Rep*, 9(2): 129-143; we współpracy z: Morski Instytut Rybacki, PIB w Gdyni/



Institute of Microbiology, Czech Academy of Sciences – dr Katarzyna Piwosz udział 20%; Bangor University – prof Simon Creer (brak oświadczenia na temat udziału w realizacji projektu).

- Gołębiewski M, Tarasek A, Sikora M, Deja-Sikora E, Tretyn A, Niklińska M. 2019. *Rapid successional changes during initial stages of pine litter decomposition. Microb Ecol*, 77(1): 56-75.

opracowanie wykonane we współpracy z Uniwersytetem Jagiellońskim – dr Agata Tarasek – udział 15%). Niestety, w przedłożonych dokumentach brak jest jednoznacznego stanowiska Habilitanta, w kwestii podjętych współprac naukowych, oraz roli poszczególnych ośrodków naukowych w realizacji zadań badawczych (krótkie informacje są jedynie zawarte w oświadczeniach niektórych autorów). Po drugie, Pan dr Marcin Gołębiewski wygłosił cztery referaty na międzynarodowych i krajowych konferencjach naukowych oraz aktywnie uczestniczył w licznych sympozjach w formie 38 prezentacji posterowych, co wskazuje na Jego aktywność polskiej jak i zagranicznej społeczności naukowej. Po trzecie, Habilitant odbył krótkoterminowy staż naukowy, jako tzw. *'visiting profesor'*, w Chung-ang University, Seoul, Republika Południowa Korei, w czasie 04-06/2008, gdzie rozwijał swoje zainteresowania naukowe w zakresie analiz metagenomicznych środowisk zmienionych antropogenicznie. Po czwarte, z racji na swoje kompetencje naukowe w zakresie znajomości nowoczesnych technik NGS oraz metod bioinformatycznych uczestniczył jako wykonawca w wielu grantach badawczych finansowanych przez takie agendy jak NCN, POIG, MNiSW, we współpracy z Uniwersytetem Jagiellońskim, czy Morskim Instytutem Rybackim w Gdyni, w ramach których wykonane zostały także projekty badawcze wchodzące w zakres prezentowanego osiągnięcia naukowego.

W związku z tym stwierdzam, że Habilitant działa w szeroko pojętej przestrzeni naukowej, poza swoim macierzystym ośrodkiem badawczym, wykazując się współpracą z polskimi jak i zagranicznymi partnerami naukowymi.

### **Ocena dodatkowej aktywności naukowej, działalności organizacyjnej, dydaktycznej i plan badawczy**

**Dodatkowa aktywność naukowa** Pana dr Marcina Gołębiewskiego, która nie wchodzi bezpośrednio w zakres prezentowanego osiągnięcia naukowego wpisuje się w Jego zasadnicze kompetencje naukowe dotyczące szeroko pojętych analiz genomicznych/transkryptomicznych wykorzystując wysoko-przepustowe techniki sekwencjonowania DNA wsparte analizami bioinformatycznymi. W zakresie Jego bezpośrednich zainteresowań leży dostosowanie/udoskonalenie obecnych podejść analitycznych w celu dostarczenia wysokiej klasy narzędzi analitycznych. Początkowo w zakresie zainteresowań Habilitanta znalazła się tematyka dotycząca biologii plazmidów, uczestniczył także w badaniach genomiki bakteriofagów oraz w analizach profilowania genetycznego. Ciekawym 'epizodem' naukowym Habilitanta był udział w pracach badawczych ukierunkowanych na analizy transkryptomiczne, w celu określenia zmian ekspresji genów w odpowiedzi na warunki stresowe, wykorzystując eksperymentalny model badawczy buraka zwyczajnego (*Beta vulgaris*) w środowisku zasolenia środowiska. Jednakże, główną uwagę Habilitant skupił na rozwoju warsztatu naukowego do analiz metagenomicznych zbiorowisk mikroorganizmów w różnych warunkach środowiskowych. I tak,



opracował unikalny zestaw narzędzi do szybkiego, łatwego i zarazem taniego przygotowania bibliotek do sekwencjonowania z wykorzystaniem technologii Illumina; przede wszystkim skupił się na układach analitycznych dotyczących fragmentów rRNA (16S, 18S jak i fragmenty ITS rRNA). Ponadto, warsztat badawczy rozszerzył o dodatkowe elementy analityczne, tj. sekwencjonowanie amplikonów genów *amoA* i *nrxB*. Co ważne, równocześnie z rozwojem metod sekwencjonowania, rozwijał metody analityczne z dziedziny bioinformatyki, wykorzystując pakiety języka R i programu Mothur oraz programowanie w języku Perl i wykorzystuje powłokę systemową 'bash'. Udział Habilitanta w realizacji szeregu projektów badawczych jest znaczący, począwszy od prac w których wykonał znaczną część analiz, a Jego udział sięga 45%, poprzez prace w których Habilitant współuczestniczył w badaniach jako członek zespołu, a efektem tego jest współautorstwo w 19 opracowaniach naukowych. Fakt ten wskazuje, że dr Marcin Gołębiwski jest wysoko zaangażowany w pracę naukową i co istotne jest On postrzegany jako kompetentny partner naukowy realizując liczne projekty we współpracy z licznymi ośrodkami naukowymi.

**Działalność organizacyjna i dydaktyczna.** Jednym z istotnych elementów w działalności organizacyjnej dr Marcina Gołębiewskiego należy zaliczyć pracę organizacyjną w ramach realizacji funduszy infrastrukturalnych; Habilitant uczestniczył w zaprojektowaniu i wyposażeniu laboratorium Zespołu Genomiki Funkcjonalnej w Interdyscyplinarnym Centrum Nowych Technologii w Toruniu, a obecnie pełni funkcję Kierownika Laboratorium Metagenomiki. Ponadto, Habilitant uczestniczył jako wykonawca w ponad dziesięciu grantach naukowych, które zostały przyznane przez polskie agendy naukowe. Na szczególną uwagę zasługuje fakt kierowania przez Habilitanta grantem badawczym, pt.: 'BETAMIKRO - mikrobiom buraka zwyczajnego (*Beta vulgaris*) i jego interakcje z rośliną', grant NCN, 2017-2020, 2016/21/B/NZ9/00840, co wskazuje że nie tylko jest On nad wyraz efektywnym eksperymentatorem, posiadającym doskonale opanowany warsztat badawczy, ale także sprawnym 'menadżerem naukowym' aktywnie kreującym rzeczywistość naukową wokół siebie. Ponadto, kompetencja i profesjonalizm Habilitanta znalazł uznanie w formie licznych nagród indywidualnych jak i zespołowych, przyznanych przede wszystkim przez Rektora UMK. Myślę, że należy także zauważyć fakt, iż Habilitant znalazł uznanie jako recenzent w licznych czasopismach naukowych (ponad 15 pozycji, w tym w wielu wykonał recenzję prac wielokrotnie).

Aktywność dydaktyczna dr Marcina Gołębiewskiego nie budzi zastrzeżeń. Prowadzi liczne zajęcia dydaktyczne w tematyce szeroko pojętej bioinformatyki dla studentów I i II stopnia kształcenia; aktywnością godną podkreślenia jest przygotowanie programów nauczania oraz przygotowanie cyklu wykładów z zakresu bioinformatyki, co stawia Habilitanta w pozycji doświadczonego dydaktyka; ponadto wykazuje aktywność w zakresie popularyzacji nauki, ponieważ wygłosił On liczne seminaria i wykłady popularnonaukowe w wielu naukowych ośrodkach w Polsce jak i za granicą.

W ramach realizowanych prac badawczych Habilitant sprawował opiekę jako promotor prac licencjackich, magisterskich; a co najważniejsze pełni rolę promotora pomocniczego w dwóch





przewodach doktorskich oraz opiekuna naukowego dwóch doktorantów, których przewody doktorskie zakończyły się w 2013 roku.

**Plany Badawcze.** Oceniając postawę i zaangażowanie Habilitanta, należy zwrócić uwagę na zakres Jego zainteresowań naukowych w przyszłości. Należy stwierdzać, że Habilitant dość ascetycznie, aczkolwiek spójnie przedstawił wizję rozwoju naukowego, wiążąc swoją przyszłość naukową z interdyscyplinarnymi i wielopoziomowymi badaniami ukierunkowanymi na ekologię molekularną. Z jednej strony akcentuje aspekt metodyczny związany z technikami NGS wspartymi analizami biochemicznymi, a z drugiej strony, i co najważniejsze, skupia się na fundamentalnych pytaniach, jak na przykład aspekt wpływu czynników środowiskowych na tzw. holobiomy, czyli układy biologiczne złożone z wielokomórkowego organizmu eukaryotycznego i zasiedlających go mikroorganizmów – czego wyraz jest realizowany grant badawczy BETAMIKRO, w którym jest Kierownikiem.

Podsumowując, stwierdzam że dodatkowa działalność naukowa, organizacyjna i dydaktyczna Pana dr Marcina Gołębiewskiego nie budzi zastrzeżeń. Habilitant jest aktywny na polu współpracy naukowej, efektywnie pozyskuje fundusze na prowadzenie prac badawczych, posiada skryształizowany plan badawczy, wykazuje aktywność w zakresie działalności organizacyjnej; ponadto jest aktywny na polu dydaktycznym, oraz bierze udział w kształceniu nowych kard naukowych.

#### **Wniosek końcowy**

Oceniając osiągnięcie naukowe stanowiące monotematyczny cykl publikacji pod wspólnym tytułem: "*Masywne sekwencjonowanie amplikonów genów małej podjednostki rybosomu jako metoda analizy zbiorowisk mikroorganizmów w środowisku*" oraz odnosząc się do oceny istotnej aktywności naukowej realizowanej w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej, wraz z opinią na temat dodatkowej aktywności naukowej, organizacyjnej i dydaktycznej Pana dr Marcina Gołębiewskiego, uważam że Habilitant wykazał się istotną aktywnością we wszystkich ocenianych aspektach. W związku z powyższym, wyrażam przekonanie, że osiągnięcie Pana dr Marcina Gołębiewskiego spełniają kryteria określone w ustawie z dnia 20 lipca 2020 roku, Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2018 r. poz. 1668 ze zm.). Popieram wniosek dr Marcina Gołębiewskiego z dnia 1 października 2019 roku, o nadanie stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne.

Lublin 2020-04-17

Prof. dr hab. Marek Tchórzewski

