

Gdańsk, 13 lutego 2026

**Recenzja rozprawy doktorskiej mgr Joanny Kołodziejczyk pt.
„Genetyczne i pozagenetyczne mechanizmy kształtujące inwazyjność w świetle
najnowszych badań –
znaczenie lokalnych adaptacji i zmienności mikrobiomu na przykładzie szopa pracza
Procyon lotor”**

Formalna charakterystyka rozprawy doktorskiej

Rozprawa doktorska mgr Joanny Kołodziejczyk została przygotowana w Instytucie Ochrony Przyrody Polskiej Akademii Nauk, pod kierunkiem dr hab. Aleksandry Biedrzyckiej, profesor IOP PAN oraz dr hab. Macieja Konopińskiego, profesora IOP PAN, który pełnił rolę promotora pomocniczego. Rozprawa została napisana w języku angielskim i składa się z trzech głównych rozdziałów. Pierwszy i trzeci rozdział stanowią artykuły opublikowane w czasopismach naukowych: *Biological Reviews* i *Neobiota*. Drugi rozdział jest maszynopisem w formie artykułu naukowego, który został złożony do recenzji w czasopiśmie *Molecular Ecology*. Tematyka wszystkich rozdziałów jest zgodna z tytułem rozprawy. Rozdziały poprzedzone są streszczeniem w języku polskim i angielskim oraz wstępem, zawierającym zwięzłe wprowadzenie do tematyki badań oraz opis celów pracy. Rozprawa zakończona jest generalną dyskusją oraz wnioskami z pracy.

Pierwszy rozdział rozprawy (artykuł opublikowany w *Biological Reviews*) ma oprócz Doktorantki siedmiu współautorów. Doktorantka deklaruje, że jej rola w powstaniu tego rozdziału polegała na analizie 12,5% artykułów włączonych do przeglądu, współudziale w gromadzeniu i analizie danych, przygotowaniu rycin oraz współudziale w przygotowaniu maszynopisu i jego korekcie. Pozostali współautorzy deklarują wykonanie analizy po 12,5% artykułów każdy oraz współudział w przygotowaniu maszynopisu. Artykuł był zatem pracą zbiorową wykonaną z kluczowym wkładem Doktorantki. Drugi rozdział ma oprócz Doktorantki trzech współautorów, w tym panią promotor i promotora pomocniczego, zaś trzeci rozdział ma dwóch współautorów, w tym panią promotor. Rola Doktorantki w powstaniu drugiego i trzeciego rozdziału polegała na współudziale w zaprojektowaniu badań, izolacji DNA z próbek europejskich szopów praczy, wykonaniu bibliotek do sekwencjonowania oraz w przygotowaniu maszynopisu i jego korekcie. W rozdziale drugim Doktorantka deklaruje również współudział w analizie danych, a w rozdziale trzecim samodzielną analizę danych. Deklaracje współautorów drugiego i trzeciego rozdziału wskazują, że ich udział w powstaniu tych prac miał charakter pomocniczy, przy czym pani promotor, zgodnie ze swoją rolą, uczestniczyła w konceptualizacji badań i pozyskała finansowanie na realizację projektu. Zatem Doktorantka pełniła wiodącą rolę w powstaniu obu tych rozdziałów.

Struktura rozprawy

Rozdziały rozprawy zostały zaprezentowane w logicznej kolejności. Jako pierwszy przedstawiony jest rozdział będący artykułem przeglądowym analizującym prace wykorzystujące metody genomiki do badań populacji inwazyjnych. Po nim następuje rozdział, który wykorzystuje metodę RADseq do

badania inwazyjnych populacji szopa pracza w Europie w porównaniu z populacjami rodzimymi. Ten rozdział uzupełnia przedstawioną w poprzednim rozdziale pracę przeglądową, prezentując nowe dane empiryczne dotyczącego tego samego zagadnienia. Ostatni rozdział porównuje skład mikrobiomu między inwazyjnymi a rodzimymi populacjami szopa, badając czynniki niegenetyczne, które mogą wpływać na inwazyjność; stanowi on zatem rozwinięcie wcześniej badanego tematu. Wszystkie rozdziały rozprawy mają prawidłową strukturę i zawierają wszystkie oczekiwane elementy. Dwa z nich są opublikowanymi artykułami, zaś trzeci maszynopisem wysłanym do recenzji w czasopiśmie naukowym, więc ich struktura odpowiada wymaganiom konkretnych czasopism.

Rozdziały te są poprzedzone streszczeniem w języku polskim i angielskim, które dobrze podsumowuje tematykę rozprawy, oraz wstępem, który prezentuje obecny stan wiedzy na temat genetycznych i niegenetycznych czynników wpływających na inwazje. Po wstępie przedstawione są cele pracy wraz z krótkimi opisami badań zaplanowanych dla osiągnięcia konkretnego celu, a także związane z nimi hipotezy badawcze.

Ostatnia część rozprawy zawiera generalną dyskusję, która w zwięzły sposób omawia najważniejsze wyniki przedstawionej rozprawy i pokazuje, że stanowią one spójną całość. Rozprawę zamyka krótki rozdział zawierający podsumowanie wyników i wnioski. Rozprawa została starannie przygotowana, zawiera wszystkie niezbędne elementy i ma prawidłową, dobrze przemyślaną strukturę.

Merytoryczna ocena rozprawy doktorskiej

Znaczenie podjętej tematyki badań

Rozprawa mgr Kołodziejczyk podejmuje bardzo ważny temat czynników wpływających na inwazyjność obcych gatunków. Gatunki inwazyjne są poważnym problemem współczesnej ochrony przyrody, prowadząc do poważnych zagrożeń dla rodzimej fauny i flory przez konkurencję międzygatunkową, drapieżnictwo i inne zależności troficzne oraz rozprzestrzenianie nowych patogenów. Z tego względu zrozumienie mechanizmów ułatwiających inwazje jest kluczowe dla ograniczenia negatywnych skutków tego procesu.

Rozprawa skupiła się na dwóch czynnikach potencjalnie wpływających na inwazje: (1) czynnikach wpływających na zmienność genetyczną i potencjał adaptacyjny obcych gatunków oraz (2) wpływu mikrobiomu jelitowego na kondycję populacji i jej przystosowanie do nowego środowiska. Wybór pierwszego z tych czynników jest w pełni uzasadniony, gdyż wiele wcześniejszych badań nad gatunkami inwazyjnymi wskazywało na kluczową rolę zmienności genetycznej populacji i jej zdolności do adaptacji do nowych warunków środowiskowych. Drugi z badanych czynników jest bardziej problematyczny ze względu na trudności z jednoznaczną interpretacją wyników (patrz niżej). Mimo to, zbadanie znaczenia obu czynników przyniosło znaczący postęp w wiedzy na temat mechanizmów kształtujących inwazyjność.

Cele badawcze rozprawy i testowane hipotezy

Rozprawa miała na celu (1) identyfikację mechanizmów genetycznych odpowiedzialnych za powodzenie inwazji oraz (2) ocenę znaczenia mikrobiomu jelitowego jako czynnika niegenetycznego, potencjalnie wpływającego na lokalną adaptację. Cele zostały jasno sformułowane w rozprawie i powiązane z konkretnymi hipotezami. Hipotezy związane z celem (1), dotyczące neutralnych i adaptacyjnych procesów wpływających na zmienność genetyczną inwazyjnych populacji, zostały z powodzeniem przetestowane w rozprawie.

Hipotezy związane z celem (2) są natomiast problematyczne i z tego powodu ten cel został tylko częściowo zrealizowany. Według pierwszej z tych hipotez, populacje rodzime i inwazyjne różnią się składem mikrobiomu jelitowego ze względu na procesy demograficzne, które kształtują

zróźnicowanie genetyczne populacji inwazyjnych, a które również znajdują odzwierciedlenie w różnorodności mikrobiomu. Weryfikacja drugiej części tej hipotezy, dotycząca przyczyn różnic w składzie mikrobiomu pomiędzy populacjami, wymagałaby badań eksperymentalnych i nie była możliwa do przetestowania w przedstawionej pracy. Według drugiej hipotezy skład mikrobiomu jelitowego populacji może sprzyjać jej adaptacji w nowym zasięgu lub alternatywnie ją utrudniać. Ta hipoteza również nie mogła zostać przetestowana, ponieważ przeprowadzone badania umożliwiły poznanie składu mikrobiomu, ale nie umożliwiły zbadania jego bezpośredniego powiązania z potencjałem adaptacyjnym populacji. Prowadzi to do kilku pytań:

- Dlaczego zdecydowano się na badania mikrobiomu jako czynnika niegenetycznego o potencjalnym znaczeniu adaptacyjnym, zamiast łatwiejszych do interpretacji czynników, takich jak skład pokarmu czy obciążenie pasożytami?
- W jaki sposób należałoby przeprowadzić badania (potencjalnie z innym niż szop organizmem modelowym) testujące wpływ składu mikrobiomu jelitowego na potencjał adaptacyjny inwazyjnych populacji?
- W jaki sposób należałoby przeprowadzić badania testujące wpływ procesów demograficznych na skład mikrobiomu?

Konceptualizacja i metodyka badań

W rozprawie wykorzystano różnorodne metody, specyficzne dla każdego z rozdziałów. Pierwszy rozdział przedstawia przegląd systematyczny badań genetycznych nad gatunkami inwazyjnymi, ze szczególnym uwzględnieniem wpływu procesów demograficznych związanych z inwazją oraz mechanizmów doboru naturalnego. Drugi rozdział charakteryzuje różnorodność genomyczną szopów praczy w Europie i identyfikuje geny pod wpływem doboru naturalnego, które mogą sprzyjać inwazji tego gatunku. Rozdział ten dostarcza empirycznych wyników komplementarnych do wyników przeglądu systematycznego. Trzeci rozdział opisuje różnice w mikrobiomie jelitowym między inwazyjnymi populacjami szopa pracza z Europy a rodzimymi populacjami z Ameryki Północnej.

Pierwszy rozdział stosuje metodykę typową dla systematycznych przeglądów literatury. Nie mam zastrzeżeń do zastosowanej tu metodyki. Mam natomiast wątpliwość odnośnie zasadności włączenia do przeglądu literatury materiałów dotyczących zwierząt udomowionych (np. szczurów domowych i królików) bez ich wyróżnienia jako osobnej kategorii. Wiążą się z tym dwa pytania:

- Czy wolno-żyjące zwierzęta domowe są z definicji inwazyjne, czy też ich populacje muszą spełniać określone warunki, aby je zakwalifikować jako inwazyjne?
- Czy inwazje zwierząt udomowionych przebiegają w taki sam sposób, jak w przypadku dzikich zwierząt?

Drugi rozdział dotyczy różnic w lokalnej zmienności adaptacyjnej między rodzimymi a inwazyjnymi populacjami szopów praczy oraz przyczyn tego zróźnicowania. Badania te są oparte o analizę doboru naturalnego przy użyciu dwóch metod identyfikacji loci będących globalnymi „anomaliami” (*outliers*), czyli istotnie różniących się wartościami badanych parametrów od pozostałych loci. Dodatkowo zastosowano też metodę C_2 *contrast* w celu porównania loci będących „anomaliami” pomiędzy populacjami z naturalnego zasięgu gatunku a populacjami europejskimi. W oparciu o wyniki tych analiz zidentyfikowano geny będące potencjalnie pod wpływem doboru naturalnego i przeprowadzono dla nich analizę ontologii genów.

Wnioskowanie na temat lokalnych adaptacji wyłącznie w oparciu o identyfikację loci będących „anomaliami” jest problematyczne. Powody tego zostały dobrze wyjaśnione w dyskusji Rozdziału 1. Metody takie umożliwiają identyfikację genów potencjalnie będących pod wpływem doboru, jednak nie wskazują przyczyny presji selekcyjnej. Rozdział pierwszy słusznie wskazuje na analizę GEA

(*genotype-environment association analysis*) jako metodę umożliwiającą identyfikację czynników środowiskowych będących przyczyną presji selekcyjnej. Dlatego jest zaskakujące, że ta metoda nie została zastosowana w badaniach szopów praczy. Nie oznacza to, że przeprowadzone analizy nie są prawidłowe, jednak analiza GEA stanowiłaby ich ważne uzupełnienie.

Przeprowadzone analizy wskazały na podobieństwo presji selekcyjnych w populacjach rodzimych i inwazyjnych zamieszkujących podobną strefę klimatyczną, oraz różnice w presjach selekcyjnych między populacjami z różnych stref klimatycznych. Zostało to zinterpretowane jako wpływ klimatu, jednak możliwe są też inne wyjaśnienia. Przykładowo, populacje europejskie mogą pochodzić od populacji północnoamerykańskich z klimatu podobnego do Europy Środkowej i podobne presje selekcyjne mogą wynikać z niedawnej wspólnej przeszłości ewolucyjnej. Zastosowanie analizy GEA umożliwiłoby bezpośrednie zbadanie czynników klimatycznych jako potencjalnych przyczyn presji selekcyjnej.

Te rozważania prowadzą do pytania: Jakie czynniki oprócz klimatu mogą prowadzić do podobnych presji selekcyjnych w populacjach inwazyjnych i rodzimych?

Trzeci rozdział porównuje skład mikrobiomu jelitowego między populacjami rodzimymi a inwazyjnymi. Nie mam zastrzeżeń do metodyki badań, mam natomiast zastrzeżenia odnośnie interpretacji wyników, ponieważ stosowana metodyka nie umożliwia poznania czynników wpływających na różnice w składzie mikrobiomu między populacjami, ani stwierdzenia, czy konkretny skład mikrobiomu może ułatwiać inwazję. Istnieje udokumentowany związek pomiędzy różnorodnością mikrobiomu a kondycją osobników, więc wysoka różnorodność mikrobiomu w populacji inwazyjnej oznacza, że potencjalna utrata różnorodności mikrobiomu wskutek translokacji nie jest czynnikiem utrudniającym inwazję. Nie oznacza to jednak, że wysoka różnorodność mikrobiomu ułatwia inwazję.

Prowadzi to do pytania: Jakie czynniki wpływają na różnorodność mikrobiomu i które z tych czynników mogą wpływać również na inwazyjność populacji?

Wnioski z przeprowadzonych badań

Wyniki pracy prowadzą do ważnych wniosków, umożliwiających lepsze zrozumienie mechanizmów ekspansji geograficznej gatunków oraz mających znaczenie praktyczne w działaniach ograniczających rozprzestrzenianie się gatunków inwazyjnych. Pierwszy rozdział, poprzez porównanie wyników badań genomicznych różnych gatunków inwazyjnych umożliwił wyjaśnienie tzw. „paradoksu genetycznego”, czyli przyczyny, dla której niedawno założone populacje mogą doświadczać szybkiego wzrostu demograficznego i adaptacji do nowych warunków środowiskowych pomimo obniżenia różnorodności genetycznej związanego z pochodzeniem od niewielkiej liczby założycieli. Wskazano, że kluczową rolę w sukcesie inwazji odgrywa mieszanie się odmiennych genetycznie populacji w obrębie nowego zasięgu gatunku. Dodatkowo stwierdzono, że nawet jeśli inwazyjne populacje doświadczyły spadków różnorodności genetycznej, nie uniemożliwiło to pojawienia się adaptacji sprzyjających inwazyjności. Wnioski te zostały potwierdzone w badaniach empirycznych inwazyjnych populacji szopa pracza w drugim rozdziale. Dodatkowo, badania populacji szopa pracza wskazały na kluczowe znaczenie podobieństwa siedlisk pomiędzy naturalnym a inwazyjnym zasięgiem gatunku dla jego sukcesu w nowym zasięgu. Trzeci rozdział wskazał na różnice w składzie mikrobiomu inwazyjnych populacji szopa w porównaniu z populacjami rodzimymi, co może wynikać z procesu inwazji bądź z innych czynników, takich jak różnice w składzie pokarmu pomiędzy tymi populacjami. Powyższe wnioski mają ważne znaczenie dla planowania praktycznych działań w celu ograniczenia rozprzestrzeniania się gatunków inwazyjnych.

Wiedza uzyskana w oparciu o wyniki rozprawy może być pomocna w znalezieniu odpowiedzi na następujące pytanie: Znane są przypadki gatunków, które są inwazyjne na obszarach, do których

zostały introdukowane, natomiast doświadczają spadków liczebności w obrębie rodzimych zasięgów (np. norka amerykańska). Czy w przypadkach, gdy rodzima populacja jest zagrożona wyginięciem, wtórna translokacja osobników z introdukowanych populacji do rodzimego zasięgu może być skutecznym rozwiązaniem? Jakie zagrożenia mogą się z tym wiązać?

Rozprawa zawiera również sugestie odnośnie kierunków dalszych badań nad inwazjami. Podkreśla ona potrzebę szerszego wykorzystania próbek DNA pochodzących z różnych etapów procesu inwazji w celu zbadania dynamiki tego procesu w czasie rzeczywistym. Wskazuje też na konieczność integracji danych środowiskowych (dotyczących klimatu i siedlisk) oraz danych o kondycji osobników w ramach analiz genomicznych i zaleca szersze wykorzystanie sekwencjonowania całych genomów w badaniach populacji inwazyjnych.

Podsumowanie

Wyniki badań opisane w przedstawionej rozprawie doktorskiej stanowią istotny wkład w wiedzę na temat mechanizmów kształtujących inwazyjność populacji. Artykuł przeglądowy stanowiący pierwszy rozdział pracy przedstawia wyjaśnienie „paradoksu genetycznego” - ważnego problemu, który był wielokrotnie przywoływany w badaniach nad gatunkami inwazyjnymi. Badania opisane w kolejnych dwóch rozdziałach rozprawy dotyczą jednego gatunku inwazyjnego, szopa pracza, jednak wnioski z tych badań mają charakter ogólny i wykraczają poza dostarczenie nowych danych na temat konkretnego gatunku. Wszystkie rozdziały zostały starannie przygotowane, a dwa z nich zostały już opublikowane w czasopismach naukowych o bardzo dobrej reputacji. Wszystkie rozdziały mają wysoką wartość naukową.

Wniosek końcowy

W mojej ocenie rozprawa doktorska mgr Joanny Kołodziejczyk spełnia warunki określone w Ustawie z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz.U. z 2022 r. poz. 574 ze zm.). Wnioskuje do Rady Naukowej Instytutu Ochrony Przyrody PAN o dopuszczenie mgr Joanny Kołodziejczyk do dalszych etapów postępowania o nadanie stopnia doktora.

Małgorzata Pilot

dr hab. Małgorzata Pilot