

**Recenzja rozprawy doktorskiej pani mgr Natalii Szudarek-Trepto
pt. "Phylogenetic relationships among main evolutionary lineages (superfamilies and families)
in mites of the supercohort Eupodides (Actinotrichida: Trombidiformes)"**

Niniejszą recenzję przygotowano na podstawie Uchwały Rady Naukowej Dyscypliny Nauki Biologiczne Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza z dnia 12 lipca 2021 roku. Podstawę prawną dla procedowania nadania stopnia naukowego doktora stanowi art. 179 ust. 2 Ustawy z dnia 3 lipca 2018 r. Przepisy wprowadzające ustawę – Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. 2018, poz. 1669) oraz Rozporządzenie Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 19 stycznia 2018 r. w sprawie szczegółowego trybu i warunków przeprowadzania czynności w przewodzie doktorskim, w postępowaniu habilitacyjnym oraz w postępowaniu o nadanie tytułu profesora (Dz. U. 2018, poz. 261) i Ustawa z dnia 14 marca 2003 roku „O stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki” (tekst jedn. Dz. U. z 2017 r., poz. 1789).

Przedstawiona do oceny rozprawa doktorska pani mgr Natalii Szudarek-Trepto nt. "Phylogenetic relationships among main evolutionary lineages (superfamilies and families) in mites of the supercohort Eupodides (Actinotrichida: Trombidiformes)" [Powiązania filogenetyczne pomiędzy głównymi liniami ewolucyjnymi (nadrodzinami i rodzinami) roztoczy z nadkohorty Eupodides (Actinotrichida: Trombidiformes)] została wykonana pod kierunkiem pana prof. dr. hab. Jacka Daberta w Zakładzie Morfologii Zwierząt Wydziału Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu. Trudno byłoby o lepsze miejsce do realizacji badań dotyczących filogenezy roztoczy, jednostka ta jest bowiem wiodącym światowym ośrodkiem w tej tematyce, a promotor – wybitnym specjalistą o ugruntowanej renomie międzynarodowej i znaczącym dorobku naukowym. Zatem zarówno opieka merytoryczna jak i zaplecze badawcze stworzyło znakomite warunki do realizacji zaplanowanych badań. Rozprawa doktorska stanowi starannie przygotowaną, spójną tematycznie i formalnie całość obejmującą 84 strony, w tym streszczenia w języku angielskim i polskim, trzy publikacje naukowe składające się na oceniane osiągnięcie oraz wymagane oświadczenia dotyczące wkładu poszczególnych współautorów w jego uzyskanie. Taka forma jest zgodna z wytycznymi Ustawy z dnia 14 marca 2003 roku, w świetle której rozprawę doktorską może stanowić spójny tematycznie zbiór artykułów opublikowanych w czasopiśmie naukowych, w tym

samodzielna i wyodrębniona część pracy zbiorowej, jeżeli wykazuje ona indywidualny wkład kandydata przy opracowywaniu koncepcji, wykonywaniu części eksperymentalnej, opracowaniu i interpretacji wyników tej pracy. Jakkolwiek wymagane formalnie streszczenie nie stanowi ocenianej przez recenzenta części rozprawy, warto dodać, że zostało przemyślane i starannie przygotowane, dzięki czemu poglądowo przedstawia główne założenia i konkluzje.

Wszystkie publikacje, wchodzące w skład rozprawy, stanowią dzieła wieloautorskie (odpowiednio: cztero-, trój- i pięcioautorskie), przy czym pani Natalia Szudarek-Trepto jest we wszystkich autorem pierwszym i korespondencyjnym, co jednoznacznie wskazuje na jej wiodącą rolę w ich powstaniu, potwierdzoną też stosownymi oświadczeniami współautorów, tak w formie opisowej, jak i procentowo. Prace były publikowane sukcesywnie, w czasopismach anglojęzycznych - w prestiżowych, cenionych przez badaczy periodykach o zasięgu międzynarodowym. Pierwsza z publikacji ukazała się w roku 2020, w *Experimental and Applied Acarology* (IF 2,132, WoS Q2, Scopus wg SJR Q2, perc. 71%, 100 pkt. wg MEiN), kolejna w roku 2021, w *Molecular Phylogenetics and Evolution* (IF 5,019, WoS Q1, Scopus Q1, perc. 93%, 140 pkt. wg MEiN), a trzecia - w 2022, w *Annales Zoologici* (IF 0,990, WoS Q3, Scopus Q2, perc. 63%, 70 pkt. wg MEiN), zatem w czasopismach nie tylko ugruntowanych w ocenie bibliometrycznej, ale przede wszystkim odpowiednio dobranych pod względem publikowanych treści, skierowanych do grona specjalistów, co zapewni im stosowny odbiór.

Pani mgr Szudarek-Trepto podjęła badania akarologiczne, zajmując się wyjaśnieniem skomplikowanych i niejasnych w obrębie roztoczy kwestii filogenetycznych. Roztocze są bowiem grupą bardzo różnorodną i dużą, najliczniejszą wśród pajęczaków, ale nadal bardzo słabo poznaną, a kolejne lata przynoszą liczne odkrycia nowych taksonów, ale też nowych zjawisk i powiązań ekologicznych. Mimo intensywnych badań nad ich filogenezą, co powinno stanowić podstawę porządkowania kwestii systematyki, status wielu jednostek wymaga weryfikacji i szczegółowych opracowań, w czym niezwykle pomocnym narzędziem są analizy molekularne. Doktorantka, jako przedmiot badań, wybrała nadkohortę Eupodides, skupiającą tradycyjnie pięć nadrodzin (Bdelloidea, Eupodoidea, Eriophyoidea, Halacaroida i Tydeoidea) z osiemnastoma rodzinami, do których należą roztocze o bardzo zróżnicowanych preferencjach troficznych i trybie życia. To sprowokowało ją do postawienia podstawowego pytania – o drogi ewolucji grupy o ogromnej bioróżnorodności, przejawiającej się bogactwem form i strategii życiowych – czy mogą pochodzić od wspólnego przodka? Zatem głównym celem rozprawy doktorskiej było sformułowanie hipotezy dotyczącej filogenezy nadrodzin i rodzin należących do Eupodides, z przedstawieniem trendów ewolucyjnych kluczowych cech fenotypowych. W świetle wcześniejszych analiz filogeneza tej grupy budziła wiele wątpliwości, a istniejące koncepcje powiązań nadrodzin i rodzin opierały się na danych niespójnych i fragmentarycznych, w tym głównie na cechach morfologicznych (niejednoznacznie definiowanych), czy różnych aspektach strategii życiowych. W obecnych badaniach Doktorantka wykorzystała reprezentatywną grupę 114 taksonów (opierając się na streszczeniu, bo uwzględniając dane z publikacji trudniej to określić), a analizy przeprowadziła w oparciu o sekwencje DNA kodujące geny małej i dużej podjednostki rybosomalnego RNA (18S i 28S rDNA) oraz sekwencję podjednostki I oksydazy cytochromu c (COI). Cała konstrukcja pracy doktorskiej opiera się na trzech częściach, przedstawionych w formie publikacji. Ponieważ prace były już recenzowane przez specjalistów, a

publikacje są zwykle wolne od błędów edycyjnych, o co zadbały profesjonalne redakcje, recenzent może się zatem skupić na meritum, szczególnie wartości naukowej i spójności osiągnięcia w kontekście ustawowych oraz zwyczajowych wymagań stawianych rozprawom doktorskim, jak i ocenie wymaganego wkładu doktorantki w prace wieloautorskie.

Pierwsza część rozprawy, zarazem pierwsza publikacja (Szudarek-Trepto i wsp. 2020) przedstawia analizę filogenetyczną wybranych taksonów nominatywnej rodziny Eupodidae (Eupodidae: Epodoidea), na podstawie danych molekularnych wspartych śledzeniem cech fenotypowych, która to rodzina w kontekście filogenezy jawiła się jako najslabiej poznana, wyłącznie w oparciu o analizę kladystyczną. Wątpliwości budził tu m.in. status rodzajów *Cocceupodes*, *Filieupodes* i *Linopodes* (które wg wcześniejszych danych mogły stanowić odrębną rodzinę Cocceupodidae) oraz wyodrębnienia rodzaju *Filieupodes* (lub jego synonimizacja z *Cocceupodes*). Przeprowadzone analizy, w tym metodą największej wiarygodności (ML) i metodą wnioskowania bayesowskiego (BI), wykonane na podstawie trzech markerów molekularnych (COI, 18S i 28S rRNA) potwierdziły hipotezę, że *Filieupodes*, *Cocceupodes* i *Linopodes* stanowią kład reprezentujący wspólną linię ewolucyjną o randze rodziny, z zachowaniem odrębności rodzajowej *Filieupodes*, z definiującą go cechą plezjomorficzną w postaci nitkowatych szczecin ro. Badania pokazały interesującą rozbieżność dotyczącą niewielkiej liczby kluczowych cech morfologicznych, różnicujących taksony, przy ich wyraźnym zróżnicowaniu genetycznym, co podkreśliło szczególną przydatność analiz molekularnych w badaniach tej grupy. Jednocześnie uzyskane dane poddały w wątpliwość korzystanie w rekonstrukcjach filogenetycznych wyłącznie z porównawczej analizy morfologicznej, ukazując wyraźnie wartość wsparcia takich badań analizami molekularnymi.

W drugiej pracy (Szudarek-Trepto i wsp. 2021) rozstrzygnięty został problem delimitacji gatunków roztoczy na podstawie kosmopolitycznego rodzaju *Linopodes* (Eupodoidea: Cocceupodidae) przy konfrontacji danych molekularnych z analizą cech fenotypowych; ponadto przeprowadzona została rekonstrukcja filogenezy między przypuszczalnymi gatunkami (trudnymi do identyfikacji, opisanymi niekiedy w sposób niekonsekwentny i niewystarczający) i określono szacunkowy czas dywergencji linii ewolucyjnych. Do przeprowadzenia badań wykorzystano trzy markery - kompletną sekwencję 18S rDNA, fragment 980-pz 28S rDNA oraz fragment 670-pz sekwencji mitochondrialnej COI. Delimitacja molekularna, przy zastosowaniu analizy dystansów genetycznych (model Kimury dwuparametrowy), modelu b-PTP, analizy ABGD, sieci filogenetycznych (TCS), metody wielogenowej delimitacji gatunków STACEY oraz dwóch algorytmów koalescencyjnych, PAB i PRD, wykazała istnienie 7 gatunków w badanym rodzaju i dwóch w początkowej fazie specjacji. Z kolei analiza statystyczna, przeprowadzona metodami redukcji wymiarów PCA, t-SNE i UMAP nie wykazała cech fenotypowych pozwalających na rozróżnienie gatunków zdefiniowanych molekularnie. Stąd analizowane *Linopodes* spp. uznano za kompleks gatunków kryptycznych. Z kolei wyniki datowania molekularnego (BEAST) dla drzew wykonanych metodą wnioskowania bayesowskiego wykazały, że w/w gatunki należą do ewolucyjnie starych linii, powstałych ok. 145 milionów lat temu, które pomimo znacznej genetycznej zmienności wewnątrzgatunkowej nie wykazują różnicujących cech fenotypowych, co wskazuje, że ewoluują jako staza morfologiczna określana niewielkimi zmianami morfologicznymi w ciągu trwania linii ewolucyjnej gatunku. Uzyskane wyniki mają szerszy aspekt dla badań filogenezy Eupodoidea,

ponieważ specjacja kryptyczna może być częstszym zjawiskiem w tej grupie. Tu jednak nasuwa się pytanie wykraczające już poza założenia przeprowadzonych badań – uwzględniając szeroki zasięg występowania *Linopodes*, jaki materiał badawczy byłby reprezentatywny dla poznania pełnego obrazu zmienności wewnątrzgatunkowej (wymagającej analizy osobników z populacji z różnych rejonów geograficznych) i różnicowania gatunkowego?

W trzeciej części/publikacji (Szudarek-Trepto i wsp. 2022) dokonano ostatecznej weryfikacji głównych założeń pracy doktorskiej, dotyczących monofiletyzmu Eupodides i statusu głównych linii ewolucyjnych, uznawanych wcześniej za nadrodziny, co w świetle różnych analiz budziło wątpliwości z sugestiami m.in., że Eupodides są heterogenne, a Halacaroida są grupą siostrzaną dla Parasitengona. Dla weryfikacji, czy Eupodides są taksonem monofiletycznym przeprowadzona została analiza molekularna, w oparciu o sekwencje 18S i 28S rDNA oraz mitochondrialną sekwencję COI, uwzględniającą 373 taksony (w tym 253 Trombidiformes, z uwzględnieniem 129 Eupodides, a także 116 Sarcoptiformes, 4 Solifugae). Ponadto, na podstawie analizy kluczowych cech morfologicznych analizowanych dla głównych linii ewolucyjnych Eupodides został zrekonstruowany kladogram obrazujący strukturę filogenetyczną nadkohorty. Analiza molekularna, wg metod największej wiarygodności (ML) i wnioskowania bayesowskiego (BI) wskazała, że Eupodides są taksonem bazalnym kladu grupującego taksony Prostigmata, który powinien być klasyfikowany jako monofiletyczny, obejmujący Bdelloidea, Eupodoidea, Tydeoidea i Eriophyoidea. Z kolei Rhagidiidae są grupą bazalną monofiletycznych Eupodoidea. Analiza wewnętrzna struktury filogenetycznej Eupodides nie potwierdziła statusu taksonomicznego niektórych taksonów – w świetle badań Eupodides składają się z dwóch, a nie czterech oddzielnych kładów; obecny status zachowuje zatem nadrodzina Bdelloidea z rodzinami Cunaxidae i Bdellidae, podczas gdy, Eupodoidea, Tydeoidea i Eriophyoidea nie powinny być klasyfikowane jako nadrodziny.

Reasumując, wyniki przedstawione w trzech publikacjach są spójne, konsekwentnie prowadzą do rozwiązania kolejnych kwestii i problemów obrazujących mechanizmy ewolucji Eupodides. Wykorzystany został reprezentatywny materiał badawczy, z szerokim spektrum właściwie dobranych metod badawczych. Główną konkluzją rozprawy było ustalenie, że Eupodides stanowią takson monofiletyczny, jednak jego struktura nie odpowiada dotychczasowej klasyfikacji na poziomie nadrodzin. Istotnym było też wskazanie, że niektóre linie ewolucyjne Eupodoidea charakteryzują się stosunkowo nielicznymi cechami morfologicznymi przydatnymi do identyfikacji taksonów, przy znacznym jednak zróżnicowaniu genetycznym, np. stare ewolucyjnie gatunki z rodzaju *Linopodes* mogą trwać jako gatunki kryptyczne w stazie morfologicznej. W konsekwencji takich wniosków nasuwają się pytania. Otóż u podstawy rozważań filogenetycznych na wyższych poziomach stoi takson uważany za istniejący realnie w przyrodzie, czyli gatunek. Jak wykazały prowadzone badania gatunki bywają niekiedy bardzo trudne do weryfikacji morfologicznej, chociaż przydatne w ich ujawnianiu są niewątpliwie kryteria molekularne. Czy dla roztoczy z badanej grupy można by jednak, przy opisywaniu i/lub identyfikowaniu gatunków zastosować też dodatkowo inne kryteria, poza coraz szerzej stosowanym dualistycznym podejściem obejmującym kryteria morfologiczne i molekularne? Jeśli tak – to jakie? Do identyfikacji gatunkowej na podstawie cech morfologicznych wykorzystywane są zazwyczaj dorosłe stadia życiowe roztoczy (o ile dostępni są przedstawiciele obu płci); oczywiście wykorzystanie technik molekularnych znacznie rozszerza tu

możliwości badawcze. Na ile zatem poznane (i opisane) są stadia młodociane w obrębie poszczególnych nadrodzin/rodzin Eupodides? W przeprowadzonych w ramach pracy doktorskiej badaniach wykorzystano obszerny materiał – jakie były kryteria jego doboru?

Niewątpliwie przedstawione w pracy doktorskiej konkluzje wskazują, że postawiony przez Doktorantkę bardzo ambitny i ważny naukowo cel badań został w pełni osiągnięty. A udokumentowany, wiodący udział w realizacji pracy dowodzi, że p. mgr Szudarek-Trepto umie zaplanować badania, przeprowadzić eksperymenty i przeanalizować wyniki stosując przy tym szerokie spektrum metod badawczych. Wykazuje się też bardzo dobrą znajomością piśmiennictwa. A rola autora korespondencyjnego publikacji wskazuje, że potrafi być także skuteczna w procesie publikacyjnym.

Uważam że praca doktorska „Phylogenetic relationships among main evolutionary lineages (superfamilies and families) in mites of the supercohort Eupodides (Actinotrichida: Trombidiformes)” [Powiązania filogenetyczne pomiędzy głównymi liniami ewolucyjnymi (nadrodzinami i rodzinami) roztoczy z nadkohorty Eupodides (Actinotrichida: Trombidiformes)] stanowi poprawnie przedstawione rozwiązanie oryginalnego problemu naukowego w zakresie nauk biologicznych, łącząc w sobie aspekty różnych specjalności, dzięki świadomemu wykorzystaniu różnorodnych, prawidłowo dobranych i zastosowanych metod. Przedstawione osiągnięcie, tak pod względem merytorycznym, jak i formalnym, niewątpliwie spełnia założenia pracy naukowej wymaganej do uzyskania stopnia naukowego doktora, według kryteriów ustawowych i zwyczajowych, a zatem spełnia wszystkie wymagania określone w art. 13 ust. 1 Ustawy z dnia 14 marca 2003 roku o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. 2017 poz. 1789). W związku z tym, zwracam się do Rady Naukowej Dyscypliny Nauki Biologiczne Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza z wnioskiem o dopuszczenie pani mgr Natalii Szudarek-Trepto do dalszych etapów przewodu doktorskiego. Jednocześnie, uwzględniając bardzo wysoki poziom merytoryczny rozprawy i wartość naukową opublikowanych wyników wnoszę o wyróżnienie rozprawy.

