Ocena osiągnięcia naukowego oraz aktywności naukowej

dr inż. Eweliny Semik-Gurgul

w związku z prowadzonym postępowaniem o nadanie stopnia doktora habilitowanego

Rada Naukowa Instytut Zootechniki PIB
32-083 Balice, ul. Krakowska 1
Sekretariat
WPŁYNĘŁO
15.01.2024
Znak sprawy
Podpis
Zał.

Wprowadzenie

Narzędzia badawcze, jakimi posługują się współczesne nauki o zwierzętach, w tym także zootechnika, wnikają coraz głębiej w złożoność zmienności cech, zwłaszcza cech ilościowych, istotnych z punktu widzenia użytkowania i hodowli zwierząt gospodarskich. Oprócz analizy zmienności sekwencji nukleotydowej oraz zmienności ekspresji transkryptów mRNA, stosunkowo niedawno dołączyła analiza stopnia metylacji DNA i acetylacji histonów, będących głównymi filarami regulacji epigenetycznej. Epigenetyka wzbudza zainteresowanie ze względu na przyczynowy związek z warunkami środowiskowymi tłumacząc modulacje ekspresji genów czynnikami zewnętrznymi, które mogą wpływać na regulację procesów komórkowych konkretnych tkanek funkcjonujących w określonych stadiach rozwoju fizjologicznego zarówno normatywnego jak i zaburzonego ze względu na toczący się proces chorobowy. Kandydatka swoje zainteresowania naukowe skupiła wokół głównego procesu epigenetycznego tj. metylacji DNA jako źródła lub skutku konkretnej jednostki chorobowej. W tym nurcie mieści się przedstawiony do mojej oceny dorobek naukowy dr Eweliny Semik-Gurgul.

Przebieg pracy zawodowej

Dr Ewelina Semik-Gurgul ukończyła studia wyższe na kierunku biotechnologia (zakres biotechnologia stosowana) na Akademii Rolniczej w Krakowie w roku 2009 broniąc pracę magisterską pt.: „*Polimorfizm 7 sekwencji mikrosatelitarnych DNA u wybranych gatunków koniowatych*", której promotorem był dr hab. Tomasz Ząbek. Swoje zainteresowania naukowe kontynuowała w Instytucie Zootechniki – PIB w Balicach, w którym w roku 2016 obroniła pracę doktorską pt. „*Analiza poziomu metylacji wysp CpG regionów kodujących w DNA tkanki sarkoidów końskich*" (promotor – dr hab. Tomasz Zabęk). W okresie poprzedzającym uzyskanie stopnia doktora, Kandydatka przez ponad dwa lata

była zatrudniona na stanowisku biotechnologa, a od 2017 roku na stanowisku adiunkta w Zakładzie Biologii Molekularnej Zwierząt, który zajmuje do chwili obecnej.

W tym okresie Habilitantka przebywała dwukrotnie na rocznych urlopach macierzyńskich, co z pewnością wpłynęło na dynamikę Jej rozwoju naukowego; docenić należy jednak, że dr Ewelina Semik-Gurgul pozostała wierna raz obranej tematyce badawczej i w okresie, stosunkowo krótkim, bowiem trwającym 5 lat aktywnej pracy zawodowej, zdołała zgromadzić znaczący dorobek naukowy, umożliwiający Jej ubieganie się o stopień doktora habilitowanego. Rozwój naukowy Kandydatki z pewnością był stymulowany wprowadzeniem do Instytutu Zootechniki wysoko wydajnych technik analiz DNA i RNA umożliwiających podjęcie zadań badawczych związanych z genomiką, transkryptomiką i epigenomiką u zwierząt gospodarskich.

Zakres i jakość dorobku naukowego Habilitantki nie byłyby tak znaczące gdyby nie odbyte staże naukowe oraz udział w realizacji projektów badawczych. Dr Ewelina Semik-Gurgul w latach 2014-2018 współpracowała intensywnie z pracownikami Pozawydziałowego Instytutu Biotechnologii Uniwersytetu Rzeszowskiego w Weryni, a w roku 2023 odbyła miesięczny staż w Ośrodku Medycyny Eksperymentalnej i Innowacyjnej Uniwersytetu Rolniczego w Krakowie. W obu instytucjach poznała metody klonowania genów, hodowli komórek *in vitro* i technik produkcji białek rekombinowanych, które okazały się przydatne w dalszym rozwoju naukowym, zwłaszcza dotyczącym epigenetyki sarkoidu u koni.

Ocena osiągnięcia naukowego

Pani dr Ewelina Semik-Gurgul z obszernego dorobku naukowego wyodrębniła grupę pięciu prac, które uznała za tzw. osiągnięcie naukowe w rozumieniu art. 16 ust. 2 ustawy z dnia 14 marca 2003 roku (Dziennik Ustaw, nr 65, poz. 595 ze zm.). Prace te już były oceniane i uzyskały pozytywne recenzje oraz w ocenie redaktorów renomowanych czasopism zasłużyły na opublikowanie. Jest to niewątpliwie dowód na ich oryginalność i naukową rzetelność. Habilitantka uznała, że cykl wybranych prac łączy wspólny motyw badawczy, który wyraziła w tytule cyklu – *„Rola metylacji DNA jako epigenetycznego mechanizmu regulacji ekspresji genów w patogenezie sarkoidów koni"*. Jako pierwsza Autorka we wszystkich tych pracach, Habilitantka zadeklarowała swój wysoki wkład w ich powstanie wynoszący od 65 do 100%, w zależności od konkretnej pracy.

Punktem wyjścia w sformułowaniu celu przeprowadzonych badań był fakt, że deregulacja mechanizmów kontroli metylacji DNA może prowadzić do rozwoju różnych chorób, w tym nowotworów. Wiadomo bowiem, że zarówno hipo- jak i hiper-metylacja pojedyncvzych genów jak i całego genomu jest jedną z cech DNA komórek nowotworowych. Obiektem analiz epigenetycznych Kandydatki stał się nowotwór zwany sarkoidem, występujący u koni na całym świecie, niezależnie od rasy, płci czy wieku. Znaczenie ekonomiczne i stosunkowo duża częstość występowania sarkoidów, jego wieloczynnikowa etiologia i kliniczna wielopostaciowość sprawiają, że badania nad lepszym zrozumieniem molekularnych mechanizmów ich powstawania i rozwoju, są w pełni uzasadnione. Dokumentowanie kolejnych dowodów naukowych opisujących patogenezę sarkoidów na poziomie zmian ekspresji kodującego i niekodującego RNA, na poziomie zmian metylacji DNA, a także rearanżacji genetycznych – z pewnością przybliża nas do coraz bardziej niezawodnej diagnostyki i terapii tej choroby. Habilitantka podejmuje to wyzwanie w postaci czterech oryginalnych prac twórczych i jednej pracy przeglądowej.

W pierwszej pracy (Semik-Gurgul E., Ząbek T., Fornal A., Wnuk M., Pawlina-Tyszko K., Gurgul A., Klukówska-Rótzler J., Koch C., Mahlmann K, Bugno-Poniewierska M. 2018. *DNA methylation patterns of the S100A14, POU2F3 and SFN genes in equine sarcoid tissues.* Research in Veterinary Science, 119, 302-307), Kandydatka chce odpowiedzieć na pytanie – czy zmienna ekspresja kilku genów w tkance nowotworowej może wynikać z zaburzeń metylacji tych genów (*SFN, S100A14* i *POU2F3).* Mimo zaobserwowanych różnic w poziomie metylacji, zwłaszcza między komórkami zdrowymi i objętymi procesem chorobowym, wyniki Jej badań nie potwierdziły bezpośredniej korelacji między poziomem metylacji DNA, a obniżoną ekspresją genów *SFN* i *POU2F3* w próbkach nowotworowych. W przypadku genu *S100A14* Kandydatka zaobserwowała związek między nieprawidłową metylacją DNA, a obniżonym poziomem ekspresji tego genu w tkance guza. Wynik ten można uznać jako interesujący i potencjalnie użyteczny w próbach zrozumienia patogenezy sarkoidu u koni.

W drugiej pracy cyklu (Semik-Gurgul E. 2021. *Molecular approaches to equine sarcoids.* Equine Veterinary Journal, 53, 2, 221-230), Habilitantka podjęła się próby przeglądu literatury naukowej dotyczącej mechanizmów molekularnych leżących u podstaw powstania i rozwoju sarkoidów u koni. Tego typu praca wymaga dużego wysiłku

polegającego na wyodrębnieniu z literatury naukowej najbardziej kluczowych wyników i ich powiązaniu tak, aby zidentyfikować istotne luki w wiedzy i wskazówki do dalszych badań. Z dokonanej analizy literatury, Kandydatka wyciągnęła wniosek, że zmiany w profilu metylacji DNA, mikroRNA i obrazie transkryptomu towarzyszą patogenezie sarkoidów u koni, potwierdzając tym samym obrany przez siebie kierunek badań..

W trzeciej pracy (Semik-Gurgul E., Szmatoła T., Gurgul A., Pawlina-Tyszko K., Gałuszka A., Pędziwiatr R., Witkowski M., Ząbek T. 2023. *Methylome and transcriptome data integration reveals aberrantly regulated genes in equine sarcoids.* Biochimie, 213, 100-113), Kandydatka, podjęła się próby jednoczesnej analizy danych dotyczących metylomu i transkryptomu w sarkoidach końskich, aby zidentyfikować ich zależności oraz wyróżnić geny wykazujące deregulację tak w zakresie transkrypcji, jak i metylacji DNA. Użyła w tym celu najnowszych metod globalnej analizy zarówno transkryptomu (RNA-seq), jak i metylomu (DMS - *Differentially Methylated Site),* uzupełnionych o analizy bioinformatyczne. Zamiar ten należy ocenić bardzo pozytywnie jako logiczne i racjonalne podejście do kompleksowego rozeznania głównego problemu badawczego, jaki postawiła sobie Kandydatka. W pracy tej, ze względu na jej genomowy zakres, wykryto tysiące genów zarówno o zróżnicowanej ekspresji jak i metylacji. To, co nowego udało się Habilitantce to wykazanie związków pomiędzy metylacją DNA genomu a profilami ekspresji genów za pomocą oprogramowania MethGET *(ang. Methylation and Gene Expression Teller).* Wynik jednak nie był zaskakujący – potwierdzona została ogólnie znana zasada, że o istnieniu ujemnej korelacji między metylacją DNA, a ekspresją genów tak w regionach promotora, jak i w innych segmentach genów (eksonach i intronach). W tej pracy Kandydatka wyodrębniła kilka genów, które odznaczały się istotnymi zmianami w ekspresji i metylacji DNA w nowotworze, a których poznana funkcja biologiczna dodatkowo uprawdopodabniała udział w patogenezie badanej choroby. Stwierdziła, że dwa geny *(SFN i ATP 6V0A1)* wykazywały obniżony poziom metylacji i wyższe wartości ekspresji, a dwa kolejne *(NDP* i *PPM IM)* charakteryzowały się hipermetylacją i obniżonym poziomem ekspresji. Dla kilku genów *(MICAL2, GLB1L2, ASTN2, SIX2, PPP1R13L* i *ATP8A2)* Habilitantka zaobserwowała odwrotna korelację – niższemu poziomowi metylacji (poza promotorem) towarzyszył obniżony poziom ekspresji. Ten wynik uznać należy za poznawczo interesujący, gdyż dowodzi złożoności wzajemnych relacji między metylacją, a ekspresja genów, wymykającej się powszechnie znanym schematom.

W czwartej pracy (Semik-Gurgul E., Gurgul A., Pawlina-Tyszko K., Gałuszka A., Pędziwiatr R., Witkowski M., Ząbek T. 2023. *Involvement of aberrant DNA methylation in the deregulated expression of EHF, LPAR1, MPZL3, and POPDC2 genes in equine sarcoids.* Praca w druku, DOI: 10.2478/aoas-2023-0078), Habilitantka podjęła się weryfikacji wcześniej uzyskanych zależności między metylacją, a ekspresja genów w próbkach sarkoidów koni na przykładzie 4 wybranych genów, a mianowicie *LPAR1 (Lysophosphatidic Acid Receptor 1), MPZL3 (Myelin Protein Zero Like 3), POPDC2 (Popeye Domain Containing 2) i EHF (ETS Homologous Factor)*. Badania przeprowadzone na 12 próbkach sarkoidu i 12 próbkach skóry zdrowej wykazały istotne różnice w poziomie metylacji DNA między sarkoidami i grupą kontrolną dla wszystkich analizowanych genów, z wyjątkiem genu *MPZL3*. Co więcej, Kandydatka wytypowała 30 białek o charakterze czynników transkrypcyjnych, potencjalnie wiążących się do sekwencji DNA zawierającej te wysepki CpG, które różniły się w poziomie metylacji DNA i to w stopniu, który może zaburzać powinowactwo tych czynników transkrypcyjnych do DNA. Ponadto, zidentyfikowała jednonukleotydowe polimorfizmy w obrębie wysepek CpG genu *POPDC2* i genu *EHF*, co może wpływać na zmianę wzorca metylacji i wiązanie czynników transkrypcyjnych o charakterze dziedzicznym zgodnym z prostymi zasadami genetyki mendlowskiej.

W piątej pracy cyklu (Semik-Gurgul E., Gurgul A., Szmatoła T. 2023. *Transcriptome and methylome sequencing reveals altered long non-coding RNA genes expression and their aberrant DNA methylation in equine sarcoids.* Functional & Integrative Genomics, 23:268), Habilitantka uzupełniła swoje naukowe poszukiwania o analizę długich niekodujących RNA *(ang. Long Non-Coding RNA,* lncRNA), które znane są z ich regulacyjnej roli w ekspresji genów kodujących białka na poziomie epigenetycznym, transkrypcyjnym i posttranskrypcyjnym. Kandydatka podjęła w tej pracy próbę wykrycia różnic w poziomie ekspresji lncRNA w tkankach dotkniętych sarkoidem oraz wskazania genów, do których wiążą się lncRNA, co automatycznie sugeruje rolę tych sekwencji w regulacji tych genów. Co więcej, Kandydatka postawiła sobie za cel określenie roli metylacji w zmienności ekspresji lncRNA w tkance nowotworowej. Habilitantce udało się wykryć aż 6.960 sekwencji lncRNA ulegających ekspresji w tkankach sarkoidu i skóry zdrowej, z czego niemalże połowa (3.396) wykazała istotne różnice swojej ekspresji między sarkoidem, a zdrową tkanką skórną. Ponadto, w pracy wykryto 125 sekwencji lncRNA o zróżnicowanej ekspresji w próbkach nowotworowych, wiążących się do 128 genów. Wyniki te ujawniły

nowy potencjalnie ważny szlak regulacji istotny dla progresji sarkoidu. Z tej grupy genów wytypowano kilka, m.in. geny: *ADAMTS2, ADAMTS15* i *COL14A1,* których analiza bioinformatyczna i funkcjonalna wykazała ich zaangażowanie w procesy komórkowe charakterystyczne dla tkanki nowotworowej, czyli degradacji macierzy pozakomórkowej, proliferacji czy apoptozy komórek.

Analiza wyników uzyskanych przez Habilitantkę w pięciu pracach cyklu utwierdza mnie w przekonaniu, że mamy w nich do czynienia z przemyślaną i spójną koncepcją badań ukierunkowaną na pogłębienie wiedzy na temat molekularnych mechanizmów patogenezy sarkoidu u koni obejmujących zmiany ekspresji genów kodujących białka, sekwencji lncRNA powiązanych ze zmianami stopnia metylacji tych genów. Wartość osiągnięcia powiększa fakt, że Habilitantka uzyskała wyniki stosując nowoczesne metody analizy transkryptomu i metylomu. Co ważne, w cyklu ocenianych prac widać wyraźnie zamysł Kandydatki, aby konsekwentnie docierać do coraz bardziej nieznanych genetycznych i epigenetycznych czynników zaangażowanych w patogenezę tkanki skórnej prowadzącej do powstania i progresji sarkoidu. Jednocześnie w pracach Habilitantki widoczny jest dystans do uzyskanych wyników poprzez wskazywanie dalszych elementów wymagających nowych badań. Choć wyniki uzyskane przez dr Ewelinę Semik-Gurgul nie proponują nowych rozwiązań w praktycznej diagnostyce, ani leczeniu sarkoidów u koni, niewątpliwie wskazują słuszne kierunki dalszych eksploracji, które mogą zaowocować postępem w tym zakresie.

Reasumując stwierdzam, że wyniki badań uzyskane przez Habilitantkę w cyklu pięciu prac wchodzących w skład tzw. osiągnięcia naukowego poprzez swoją oryginalność i obszerność są istotnym wkładem w rozwój dyscypliny naukowej zootechnika i rybactwo. Dlatego uważam, że jednotematyczny cykl prac spełnia wymagania ustawowe konieczne do ubiegania się o stopień doktora habilitowanego.

Ogólna ocena aktywności naukowej

Całościowy dorobek naukowy Habilitantki należy uznać za wybitny. Jego główny trzon składa się z 48 prac naukowych (wykazanych w bazie JCR), w tym pięć wchodzących w zakres jednotematycznego cyklu publikacji. Łączny Impact Factor tych prac osiągnął wartość 124,6, a liczba punktów MEiN aż 3858 pkt. Oprócz tych

najbardziej cenionych prac, Habilitantka opublikowała 48 publikacji w materiałach konferencji międzynarodowych i krajowych. Łączna liczba cytowań wszystkich opublikowanych prac według bazy Web of Science wyniosła 378 (331 bez autocytowań), a indeks Hirscha osiągnął wartość 10. Wartość tych wskaźników jest zobiektywizowanym dowodem twórczego wysiłku Kandydatki i świadczy o godnej pochwały Jej determinacji w prowadzeniu badań naukowych. W okresie po doktoracie Kandydatka była pierwszym autorem w zaledwie sześciu pracach spośród 30 opublikowanych. Ten stosunkowo niski wskaźnik Habilitantka zrekompensowała pracami wchodzącymi w skład tzw. osiągnięcia naukowego, ponieważ we wszystkich pracach tego cyklu jest pierwszym autorem.
Analizując dorobek naukowy Kandydatki w okresie po uzyskaniu stopnia doktora, należy docenić dużą Jej aktywność, gdyż w latach 2016-2023 (z wyłączeniem 2 lat urlopu) była współautorką 34 prac podwajając ich liczbę w porównaniu do okresu sprzed doktoratu.
Ze względu na to, że wiele z najbardziej wartościowych prac ukazało się zaledwie w przeciągu ostatnich 5 lat, należy się spodziewać, że zarówno liczba cytowań jak i wskaźnik Hirscha będą dynamicznie wzrastać.

W zakresie publikacji nie wchodzących w skład tzw. osiągnięcia naukowego Jej zainteresowania, jak sama Kandydatka określa, dotyczą różnych kierunków badań, z których duża część także dotyczy transkryptomicznej i epigenetycznej charakterystyki sarkoidu u koni. Należy tutaj wymienić udział Kandydatki w badaniach, w których przy użyciu macierzy genotypowych Illumina wykazano występowanie zmian liczby kopii genów i mniejszej heterozygotyczności genomu świadczących o większej niestabilności genetycznej komórek nowotworowych, zaobserwowanych szczególnie w obrębie genów supresorowych i onkogenów. Habilitantka ma także w swoim dorobku naukowym prace, w których analizowane były sekwencje miRNA – jako potencjalnie zaangażowane w powstanie sarkoidów u koni. W tym przypadku dowiedziono występowanie hipermetylacji genów miRNA, co świadczy że metylacja może wpływać na obniżenie poziomu ekspresji supresorowych miRNA w tkankach nowotworowych.

Kandydatka brała także udział w badaniach nad opracowaniem modelu *in vitro* transgenicznych fibroblastów skóry koni (*ang, Adult Cutaneous Fibroblast Cell,* ACFC) i użyciu tego modelu w eksperymentach nad określeniem profilu ekspresyjnego genów kodujących metaloproteinazy (NMP) macierzy pozakomórkowej (ECM) oraz innych genów związanych z ECM potwierdzając udział tych genów w transformacji

nowotworowej, w tym w komórkach sarkoidu.

Habilitantka uczestniczyła w badaniach oceniających zmiany transkrypcyjne i epigenetyczne zachodzące w wyniku starzenia się komórek *in vitro*, w których wykazano w komórkach chondrocytów związek między poziomem metylacji CpG w *locus* genu *RUNX3* z liczbą pasaży. Potwierdzono w ten sposób udział metylacji w procesach starzenia, wcześniej już odnotowany przez samą Kandydatkę w pracy dotyczącej wzorca metylacji DNA w przebiegu starzenia u koni rasy huculskiej.

Odnotować należy także udział Habilitantki w badaniach nad patogenezą zapalenia gruczołu mlekowego u krów (we współpracy z IGiBZ PAN), w których mimo wykrycia zróżnicowanej ekspresji panelu dziewięciu genów kandydujących (*CCL2, HCK, F11R, CD8A, PDIA3, LGMN, HSPA1A, IL18 i NFKBIA)* związanej z wystąpieniem tej choroby, nie stwierdzono zmian metylacji tych genów, z wyjątkiem regionu genu *HCK*. Trudność w powiązaniu metylacji genów z ich ekspresją w przebiegu *mastistis* Kandydatka zaobserwowała także w badaniach, w których nie udało się stwierdzić istotnego związku pomiędzy ekspresją genów *ATG5, DGAT1* i *IGF1R*, a metylacją ich sekwencji regulatorowych.

Kandydatka była także zaangażowana w badania epigenetyczne u świń. W wyniku tych badań ujawniono jednonukleotydowe polimorfizmy w obrębie genów miRNA w genomie tego gatunku, stosując tzw. sekwencjonowania celowane *(ang. Targeted Sequencing,* TS). W ten sposób zidentyfikowano 73 SNP zlokalizowane w 50 różnych prekursorach miRNA, które potencjalnie mogą mieć wpływ na oddziaływanie miRNA na geny docelowe i tym samym na zmienność ekspresji kodowanych przez nie białek.

Dr Ewelina Semik-Gurgul brała także udział w licznych badaniach z zakresu populacyjnej genomiki, w wyniku których określono przydatność zestawów markerów SNP do charakterystyki różnorodności genetycznej, sygnatur genomowych oraz ciągów homozygotyczności u współczesnych ras, a szczególnie u ras rodzimych bydła czy świń wspomagając praktyczne działania dotyczące oceny inbredu tych ras czy rozstrzygnięcia występowania admiksji między pokrewnymi rasami. Wyniki tych badań, oprócz przydatności praktycznej (kontrola pochodzenia) dostarczyły także nowej wiedzy na temat genów uczestniczących w kształtowaniu cech produkcyjnych.

Kandydatka uczestniczyła także w badaniach nad adaptacją metody GBS do wykorzystania z sekwenatorami nanoporowymi, w wyniku których stwierdzono, że

opracowana metoda jest odpowiednia do wykrywania polimorfizmu genomowego oraz jego genotypowania w populacji koni.

Całościowy dorobek naukowy Kandydatki uznaję za bogaty i wartościowy, osadzony w aktualnym nurcie badań genomicznych, transkryptomicznych i epigenetycznych zwierząt gospodarskich. W pracach naukowych dr Eweliny Semik-Gurgul widoczne jest umiejętne zastosowanie szerokiego wachlarza najnowszych metod badawczych, które umożliwiły jej dotarcie do oryginalnych i cennych informacji głównie z zakresu epigenetyki sarkoidu u konia, ale także procesów regulacji ekspresji genów kodujących białka, lncRNA i miRNA co świadczy o dużej świadomości złożonego charakteru cech ilościowych u różnych gatunków zwierząt. Powyższe wnioski utwierdzają mnie w przekonaniu, że Kandydatka jest osobą o ukształtowanej dojrzałości zawodowej, zasługującej na awans poprzez nadanie stopnia doktora habilitowanego.

Ocena aktywności dydaktycznej, popularyzatorskiej i organizacyjnej

Oprócz intensywnej pracy naukowej, dr Ewelina Semik-Gurgul była zaangażowana w nauczanie poprzez prowadzenie wykładów dla studentów studiów doktoranckich Instytutu Zootechniki PIB (w latach 2017-2019) z zakresu genetyki molekularnej ze szczególnym uwzględnieniem metod analizy metylacji DNA. W jej działalności dydaktycznej należy także odnotować promotorstwo jednej pracy magisterskiej (Anny Zaborowskiej, studentki na Kierunku Bioinżynierii Zwierząt, Wydziału Hodowli i Biologii Zwierząt Uniwersytetu Rolniczego w Krakowie) oraz opiekę nad czteroma studentami-stażystami. Jej aktywność naukowa była nagradzana przez towarzystwa naukowe. Polskie Towarzystwo Zootechniczne uhonorowało Ją nagrodą w konkursie na najlepszą pracę magisterską i doktorską, a Polskie Towarzystwo Genetyczne za najlepszą prezentację ustną w sekcji genetyki zwierząt na V Polskim Kongresie Genetyki, 2016). Kandydatka zdobyła także nagrodę za najlepszy plakat podczas 66. Zjazdu EAAP (Warszawa 2015).

Habilitantka wykazała się także dbałością o podnoszenie swoich zawodowych kwalifikacji poprzez odbycie specjalistycznych szkoleń i warsztatów dotyczących przede wszystkim wykorzystania wysoko wydajnych metod analiz kwasów nukleinowych oraz metod obliczeniowych pozwalających na prowadzenie wielkoskalowych analiz

statystycznych. Nie dostrzegłem, aby Kandydatka odbyła jakikolwiek staż zagraniczny, co z pewnością zmniejszyło możliwości rozwinięcia Jej umiejętności i potencjału intelektualnego. Odnotować tutaj należy jednak Jej udział w badaniach będących częścią międzynarodowej inicjatywy poszerzania wiedzy na temat funkcjonowania genomu i rozszyfrowywania związku genotyp-fenotyp (G2P) u zwierząt hodowlanych, w tym konia, realizowanych w ramach konsorcjum Functional Annotation of Animal (Equine) Genomes (FAANG). Godnym podkreślenia jest fakt, że Kandydatka w krótkim okresie czasu była współwykonawcą trzech projektów NCN (w tym jednego była kierownikiem), dwóch projektów NCBiR i jednego projektu międzynarodowego. Świadczy to o umiejętności bardzo efektywnej pracy w zespole. Również bardzo pozytywnie należy ocenić fakt udostępnienia oryginalnych baz danych do międzynarodowych repozytoriów genetycznych takich jak dbSNP, GEO, EVA czy SRA. Za godne pochwały należy uznać podjęcie się przez dr Ewelinę Semik-Gurgul roli recenzentki artykułów naukowych w licznych i uznanych w skali międzynarodowej czasopismach.

Dostrzegam pewien niedosyt w działalności popularyzatorskiej Habilitantki, która dla lepszego rozumienia i właściwego postrzegania epigenetyki byłaby bardzo wskazana, szczególnie w periodykach branżowych kierowanych do hodowców i lekarzy weterynarii, dla których w ich praktyce zawodowej, zmienność cech użytkowych czy objawów klinicznych chorób, kojarzona jest najczęściej z wpływem środowiska, z małą świadomością tego, w jaki sposób czynniki środowiska wpływają na ekspresję genów.
Mimo stosunkowo skromnych osiągnięć dydaktycznych czy popularyzatorskich uważam, że Kandydatka, zważywszy na krótki efektywny czas między doktoratem, a chwilą obecną, jest osobą o dużym potencjale rozwojowym, mającym wszelkie predyspozycje, aby wnieść nowy i cenny wkład w rozwój genetyki i epigenetyki zwierząt w Polsce. Potwierdza to Jej aktualna aktywność naukowa, między innymi zamiar badania kolejnej grupy sekwencji RNA (tzw. piRNA) w regulacji ekspresji genów.

Wniosek końcowy

Przedstawiona do oceny dokumentacja w sposób wyczerpujący opisuje dorobek naukowy dr Eweliny Semik-Gurgul. Jej dorobek naukowy stanowiący tzw. osiągnięcie naukowe, jak również wiele pozostałych prac badawczych, są dowodem umiejętnego i twórczego wkomponowania własnych zainteresowań w aktualny i bardzo nowoczesny

nurt badań ujawniających złożoną molekularną architekturę cech ilościowych na poziomie zmienności sekwencji nukleotydowej, ekspresji różnych typów RNA oraz epigenetycznej modyfikacji ekspresji genów. Szczególnie docenić należy udział Habilitantki w rozwoju epigenetyki zwierząt – w moim przekonaniu jest jedną z zaledwie kilku osób w Polsce, które tak intensywnie rozwijają ten nurt badawczy w odniesieniu do zwierząt hodowlanych. Stwierdzam, że **przedstawiony do oceny dorobek naukowy Pani dr Eweliny Semik-Gurgul istotnie powiększa wiedzę z zakresu dyscypliny naukowej zootechnika i rybactwo, a w szczególności genetyki i epigenetyki u koni.**

W związku z powyższym stwierdzam z pełnym przekonaniem, że osiągnięcia naukowe dr Eweliny Semik-Gurgul spełniają wymagania określone w art. 219 ust. 1 pkt.2 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. – Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2023 roku poz. 742) i stanowią podstawę do nadania stopnia naukowego doktora habilitowanego. **Dlatego popieram wniosek Pani doktor Eweliny Semik-Gurgul o nadanie Jej stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk rolniczych w dyscyplinie zootechnika i rybactwo.**

Olsztyn, 8 stycznia 2024 r.

Prof. dr hab. Stanisław Kamiński

Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie
Wydział Bioinżynierii Zwierząt
Katedra Genetyki Zwierząt