

Prof. dr hab. Zofia Piotrowska-Seget  
Wydział Nauk Przyrodniczych UŚ  
Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska  
40-032 Katowice  
Jagiellońska 28

#### RECENZJA

osiągnięcia naukowego, aktywności naukowej, dydaktycznej i organizacyjnej  
Pana dr. Marcina Gołębiewskiego  
w związku z postępowaniem w sprawie nadania stopnia  
doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplinie nauki biologiczne

#### Sylwetka Habilitanta

Pan dr Marcin Gołębiewski jest absolwentem Wydziału Biologii Uniwersytetu Warszawskiego w Warszawie. Studia magisterskie na kierunku Biologia (specjalność biologia molekularna) ukończył w 1999 roku. W okresie październik – grudzień 1999 roku był zatrudniony na stanowisku biologa w Zakładzie Biochemii Drobnoustrojów Instytutu Biochemii i Biofizyki (IBB) PAN w Warszawie. W roku 2005, Rada Naukowa IBB nadała Habilitantowi stopień doktora nauk biologicznych. Podstawą jego nadania była rozprawa doktorska pt.: „*Complete nucleotide sequence of pCTX-M3 plasmid and analysis of its genes responsible for conjugational transfer*”, której promotorem był doc. dr. hab. Piotr Cegłowski, a po Jego śmierci prof. dr hab. Jacek Bardowski. W styczniu 2005 roku Habilitant został zatrudniony na etacie asystenta w Zakładzie Biochemii na Wydziale Biologii i Nauk o Ziemi (obecnie Wydział Nauk Biologicznych i Weterynaryjnych) Uniwersytetu im. Mikołaja Kopernika w Toruniu. Od marca 2006 roku dr Marcin Gołębiewski pracuje na etacie adiunkta w Katedrze Fizjologii Roślin i Biotechnologii UMK. Obecnie pełni funkcję kierownika Laboratorium Metagenomiki działającego w ramach Zespołu Genomiki Funkcjonalnej w Badaniach Biomedycznych Interdyscyplinarnego Centrum Nowoczesnych Technologii UMK. Przez jeden rok (2011) Habilitant pracował jako bioinformatyk w Instytucie Oceanologii PAN w Sopocie.

#### Ocena osiągnięcia naukowego

Jako osiągnięcie naukowe Pan dr Marcin Gołębiewski przedstawił cykl 4 publikacji, wydanych w latach 2012-2019, pod wspólnym tytułem:

#### **Masywne sekwencjonowanie amplikonów genów małej podjednostki rybosomu jako metoda analizy zbiorowisk mikroorganizmów w środowisku**

Prezentowane osiągnięcie naukowe składa się z trzech prac eksperymentalnych opublikowanych w *Microbial Ecology* (2 prace) i *Environmental Microbiology Reports* oraz pracy przeglądowej, wydanej w *Journal of Applied Microbiology*. Sumaryczny Impact Factor (IF) tych czasopism z roku opublikowania wynosi **12,152**, natomiast liczba cytowań publikacji stanowiących osiągnięcie jest równa **100** (wg bazy Web of Science). Liczba punktów MNiSW zgodnie z rokiem opublikowania wynosi 240. Warto dodać, że czasopisma, w których ukazały się prace Habilitanta mieszczą się w 1 i 2 kwartyli (Q1 i Q2) czasopism publikujących z zakresu ekologii mikroorganizmów i mikrobiologii środowiskowej.

Wszystkie przedstawione publikacje są współautorskie, ale co warto podkreślić we wszystkich Habilitant jest pierwszym i korespondencyjnym autorem. Według przedstawionej dokumentacji udział Habilitanta w publikacjach jest bardzo wysoki i wynosi od 45 do 90%. Dołączone oświadczenia współautorów potwierdzają, że udział Pana dr. Marcina Gołębiewskiego w pracach doświadczalnych obejmował opracowanie koncepcji badań, przeprowadzenie części doświadczeń, wykonanie całości analiz bioinformatycznych i statystycznych oraz przygotowanie manuskryptu. Udział Habilitanta w pracy

przeładowej oceniony na 90% wskazuje na Jego kluczową rolę w opracowaniu zakresu tematycznego publikacji, zebraniu i przeglądu literatury oraz napisaniu manuskryptu.

Publikacje stanowiące osiągnięcie naukowe dotyczą niezwykle ważnego, z naukowego i praktycznego punktu widzenia, problemu poznania bioróżnorodności glebowych i wodnych zespołów mikroorganizmów. W latach 80. XX wieku zwrócono uwagę, że metody powszechnie stosowane w mikrobiologii środowiskowej nie pozwalają na poznanie rzeczywistej różnorodności mikroorganizmów zasiedlających gleby i wody. Poznanie pełnej taksonomicznej struktury dynamicznie zmieniających się zespołów mikroorganizmów oraz ich reakcji na różnego rodzaju czynniki stresowe stanowiło i dalej jeszcze stanowi jedno z najważniejszych, a zarazem najtrudniejszych zadań współczesnej mikrobiologii środowiskowej. Ogromna rozbieżność między liczbą dających się wyhodować mikroorganizmów, a liczbą mikroorganizmów, o istnieniu których świadczyły wyniki analiz mikroskopowych była powodem poszukiwań nowych metod oceny bioróżnorodności mikroorganizmów. Poznanie struktury taksonomicznej utrudnia również fakt, że zaledwie kilka (do kilkunastu) procent mikroorganizmów obecnych w środowisku potrafimy wyhodować w warunkach laboratoryjnych. Koniecznością stało się więc opracowanie metod, które umożliwią identyfikację niehodowalnej frakcji mikroorganizmów, w oparciu o markery izolowane bezpośrednio z próbek środowiskowych.

Tematyka badań prowadzonych przez dr. Marcina Gołębiewskiego wiąże się z wykorzystaniem metod, dzięki którym sekwencjonowanie genów markerowych umożliwia poznanie struktury genetycznej zespołów mikroorganizmów bez konieczności ich hodowli.

Wyniki przedstawione w osiągnięciu naukowym dotyczą trzech problemów badawczych: (1) wpływu metali ciężkich na różnorodność zespołów mikroorganizmów glebowych, (2) wpływu zasolenia na zbiorowiska bakterii wodnych i (3) zmiany w składzie zespołów mikroorganizmów (archeony, bakterie i eukariota) w czasie rozkładu ściółki.

W ramach pierwszego zagadnienia, przedstawionego w publikacji „16S rDNA pyrosequencing analysis of bacterial community in heavy-metal polluted soils” badano wpływ Zn, Pb i Cd na bioróżnorodność zespołów bakterii glebowych przez wiele lat narażonych na emisje przemysłowe. Warto podkreślić, że praca ta była jedną z pierwszych, w której wpływ metali ciężkich na różnorodność mikroorganizmów badano za pomocą sekwencjonowania genu 16S rRNA. W celu pełnego poznania struktury zespołów bakterii Habilitant zmodyfikował jeden ze starterów wykorzystanych do amplifikacji fragmentu V3-V4 genu 16S rRNA oraz opracował metodologię analizy bioinformatycznej uzyskanych sekwencji. Zakładając możliwość wystąpienia błędów przy przypisaniu sekwencji do taksonu, doprecyzował również definicję podstawowego mikrobiomu gleby, w której podkreślił, że do podstawowego mikrobiomu należy zaliczyć te OTU, które stanowią mniej więcej taką samą frakcję zespołu bakterii we wszystkich próbach. Wyniki przeprowadzonych przez Habilitanta badań wykazały, że najistotniejszym czynnikiem determinującym genetyczną strukturę badanych zespołów bakterii było stężenie cynku. Nie wykazano natomiast statystycznie istotnego wpływu ołowiu i kadmu, metali znanych z dużej toksyczności, na bioróżnorodność bakterii. Autorzy tłumaczą ten wynik niskim stężeniem tych metali w formie dostępnej dla mikroorganizmów. Za najważniejszy aspekt tej pracy uważam opisanie podstawowego mikrobiomu badanych gleb. W zależności od poziomu podobieństwa między zespołami bakterii do mikrobiomu tego zaliczono, odpowiednio, 4 OTU (97% podobieństwa) i 21 OTU (90% podobieństwa). Interesującym jest wynik, który wskazuje, że najliczniejsze OTU nie występują w obu glebach, co sugeruje wysokie zróżnicowanie zespołów bakterii pomiędzy glebami.

W kolejnej pracy tworzącej osiągnięcie naukowe „Tideless estuaries in brackish seas as a possible freshwater-marine transition zones for bacteria – the case study of the Vistula estuary” Habilitant prowadził badania nad wpływem poziomu zasolenia na zróżnicowanie zbiorowisk bakterii. Wspólnie z pracownikami Morskiego Instytutu Rybackiego w Gdyni dr Gołębiewski analizował strukturę zespołów bakterii w rzece, estuarium i wodach Zatoki Gdańskiej w oparciu o amplifikację 16S rRNA z cDNA, uzyskanego z całego RNA wyizolowanego z badanych wód. Dzięki poszerzeniu stosowanych wcześniej metod analizy odczytów

o „odszumianie”, trzystopniowe usuwanie chimer oraz usunięcie singletonów i dubletonów dr Gołębiowski znacznie obniżył częstość błędnych odczytów. Przeprowadzone badania wykazały, że pora roku i zasolenie są najistotniejszymi czynnikami determinującymi bioróżnorodność bakterii w badanych wodach. Stwierdzono również, że struktura zespołów bakterii ze strefy mieszania nie różniła się istotnie od struktury zbiorowisk rzecznych. Uzyskane wyniki nie potwierdzają doniesień, że różnorodność bakterii jest najniższa w strefie mieszania. Analiza subOTU wykazała ponadto, że w niektórych populacjach bakterii tworzą się specyficzne subpopulacje bakterii, których występowanie jest uzależnione od warunków środowiskowych (temperatura, zasolenie).

Analizy bioinformatyczne wykorzystał również Habilitant do oceny zmian w bioróżnorodności archeonów, bakterii i mikroorganizmów eukariotycznych w pierwszych stadiach rozkładu ściółki sosnowej. Wyniki tych badań zaprezentowano w publikacji „Rapid succesional changes during initial stages of pine litter decomposition”. W czasie 8-miesięcznego eksperymentu z próbek ściółki izolowano DNA i amplifikowano fragmenty genu 16S rRNA (archeony, bakterie) i 18S rRNA (grzyby). Obok sekwencjonowania tych fragmentów w badaniach zastosowano również metodę qPCR umożliwiającą obserwowanie dynamiki zmian liczebności bakterii i grzybów. Wyniki przeprowadzonych badań wykazały istotne zmiany w strukturze zespołów bakterii i grzybów badanych grup mikroorganizmów. Zmiany w bioróżnorodności mikroorganizmów stwierdzono zarówno na poziomie alfa różnorodności, jak i struktury taksonomicznej zespołów. Wyniki tych analiz potwierdzają zastępowanie zespołów mikroorganizmów przez zespoły zdolne do preferencyjnego rozkładu różnych składników szpilek sosnowych. Interesująca jest obserwacja, że czynnikiem kształtującym strukturę taksonomiczną zbiorowisk bakterii i grzybów są oddziaływania pomiędzy tymi grupami mikroorganizmów. Ciekawy i trochę zaskakujący jest brak archeonów w badanej ściółce.

Kolejna publikacja Habilitanta zatytułowana „Generating amplicon reads for microbial community assessment with next generation sequencing” jest pracą stanowiącą przegląd metodologii stosowanych w sekwencjonowaniu amplikonów genów markerowych. Publikacja ta potwierdza ogromną wiedzę i doświadczenie Habilitanta w tym zakresie. Dr Marcin Gołębiowski dokładnie opisuje metody, które w zależności od celu badań mogą być wykorzystane do sekwencjonowania wybranych amplikonów. Podkreśla jak ważne jest poprawne zaprojektowanie całego eksperymentu, w tym odpowiednia ilość biologicznych powtórzeń, która pozwoli na uzyskanie wiarygodnych i powtarzalnych wyników. Habilitant zwraca również uwagę na błędy często pojawiające się w trakcie przygotowania bibliotek oraz czynniki, które pozwalają na kontrolowanie częstości błędów powstających w czasie reakcji PCR. W omawianej publikacji habilitant przedstawił również perspektywy sekwencjonowania, które zmiernają do technologii sekwencjonowania trzeciej generacji. Przyszłością badań nad bioróżnorodnością zespołów mikroorganizmów glebowych niewątpliwie będzie sekwencjonowanie mikrobiomu i transkryptomu gleby. Nie mam żadnych wątpliwości, że Pan dr Marcin Gołębiowski jest wysokiej klasy specjalistą w zakresie stosowania metod sekwencjonowania i bioinformatycznych analiz uzyskanych sekwencji.

**Podsumowując stwierdzam, że osiągnięcie naukowe dr. Marcina Gołębiowskiego zatytułowane „Masywne sekwencjonowanie amplikonów genów małej podjednostki rybosomu jako metoda analizy zbiorowisk mikroorganizmów w środowisku” w pełni spełnia warunki stawiane kandydatom do stopnia naukowego doktora habilitowanego.**

### **Ocena dorobku naukowego**

Obok prac wchodzących w skład osiągnięcia naukowego, dorobek naukowy dr. Marcina Gołębiowskiego obejmuje 19 artykułów, z których 18 zostało opublikowanych w czasopiśmie z bazy JCR. Dorobek ten uzupełniają zgłoszone do bazy NCBI sekwencje: (1) 10 kompletnych plazmidów, (2) wstawek

nadających bakteriom oporność na jony kadmu lub miedzi, (3) fragmentu genu 16S rRNA bakterii wyizolowanych z różnych środowisk oraz kompletna sekwencja genomu faga vB-Efae\_230P-4.

Problematyka badawcza publikacji, których współautorem jest dr Marcin Gołębiowski jest bardzo różnorodna, a najwięcej (7 artykułów) dotyczy analizy bioróżnorodności zespołów mikroorganizmów w różnych ekosystemach. Kandydat prowadził, między innymi, badania nad różnorodnością mikroorganizmów zasiedlających halofit *Salicornia europaea*, bakterii w wodach siarkowych i glebie zanieczyszczonej metalami ciężkimi, piko- i nanoplanktonem w Zatoce Gdańskiej oraz wpływem zasolenia na mikrobiom korzeni *Alnus glutinosa*, a także i wpływem fizyko-chemicznych parametrów gleby na reakcję bakterii na stres suszy.

Dwie publikacje Kandydata dotyczą wpływu zasolenia na ekspresję genów buraka zwyczajnego, a ich celem była identyfikacja genów zaangażowanych w odpowiedź na stres. Pozostałe artykuły wchodzące w skład dorobku Kandydata dotyczą różnorodnych zagadnień i obejmują badania w zakresie mikrobiologii środowiskowej i weterynarii.

Wszystkie publikacje dr. Gołębiowskiego są współautorskie, a według przedstawionych dokumentów udział Kandydata w ich powstanie wynosi od 5 do 45%. W większości publikacji udział ten waha się w granicach od 10 do 20%, ale nie procentowy udział jest najistotniejszy. Najważniejsze są zadania, które Kandydat realizował w zespole współautorów. We wszystkich badaniach dr Gołębiowski uczestniczył jako bioinformatyk, a Jego celem było przeprowadzenie, często skomplikowanych, analiz bioinformatycznych z wykorzystaniem wielu różnych narzędzi (pakietów, programów). W ramach tej pracy Habilitant przeprowadził wszystkie etapy analizy obejmujące kolejno: „odszumianie”, składowanie odczytów, usuwanie chimer, konstrukcję OTU i klasyfikację sekwencji. Wynik tej pracy umożliwił określenie taksonomicznej struktury badanych zespołów bakterii.

Chciałabym podkreślić, że badań dotyczących różnorodności (metagenomika) czy aktywności (metatranskryptomika) mikroorganizmów nie można dziś opublikować w dobrych czy bardzo dobrych czasopismach bez udziału bioinformatyka. Analiza bioinformatyczna uzyskanych sekwencji DNA czy RNA jest kluczowym elementem każdej takiej pracy.

Sumaryczna wartość współczynnika wpływu (IF) wszystkich publikacji stanowiących dorobek Pana dr. Marcina Gołębiowskiego wynosi 67,668, co uważam za wynik bardzo dobry. Według bazy Web of Science, prace współautorstwa Habilitanta były cytowane (bez autocytowań) 462 razy. Wartość indeksu Hirscha wg Web of Science wynosi 10, co dla osoby na tym etapie kariery naukowej jest wartością bardzo dobrą.

Wyniki badań, w których uczestniczył dr Marcin Gołębiowski były prezentowane na międzynarodowych i krajowych konferencjach naukowych. Aż 25 doniesień konferencyjnych zaprezentowano na konferencjach międzynarodowych. Habilitant wygłosił 4 referaty na dwóch konferencjach zagranicznych (USA i Francja) i dwóch międzynarodowych konferencjach w Polsce.

Wysoko oceniam zaangażowanie dr. Marcina Gołębiowskiego w aplikację i realizację projektów badawczych, finansowanych ze środków pozauczelnianych. Obecnie Kandydat kieruje projektem finansowanym przez NCN, którego celem jest poznanie mikrobiomu buraka i jego interakcji z rośliną, a w trzech kolejnych jest wykonawcą. W latach 2010 – 2017 Habilitant był wykonawcą w 4 projektach realizowanych w ramach konkursów NCN. W dorobku Kandydata jest również projekt finansowany przez MNiSW i Program Operacyjny Innowacyjna Gospodarka. We wszystkich tych projektach rola Kandydata polega/polegała na projektowaniu i prowadzeniu (lub nadzorowaniu) badań molekularnych oraz wykonywanie szerokiego zakresu analiz bioinformatycznych i statystycznych.

Lista projektów realizowana przez Kandydata pokazuje Jego zdolność do nawiązywania szeroko zakrojonej współpracy. Dr Marcin Gołębiowski prowadzi wspólne badania nie tylko z naukowcami z macierzystego wydziału, ale również z pracownikami innych uczelni (Uniwersytet Jagielloński w Krakowie) i instytutami naukowymi (Morski Instytut w Gdyni – Państwowy Instytut Badawczy, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN w Warszawie). Świadczy też o wysokich kompetencjach i świetnym przygotowaniu Kandydata do prowadzenia analiz bioinformatycznych.

W ramach współpracy międzynarodowej dr Marcin Gołębiwski odbył 3-miesięczny staż naukowy w Chung-ang University w Seul (Korea Południowa). Jako profesor wizytujący był członkiem zespołu zajmującego się metagenomiką środowisk poddanych antropopresji. Innym aspektem międzynarodowej współpracy Kandydata jest Jego opieka nad dr Hody AbdEl-Razek Kabary Bekhwagy Ismael, który w ramach umowy między Polską Akademią Nauk i Akademią Nauk Arabskiej Republiki Egiptu odbywał w Polsce staż naukowy.

W dorobku naukowym dr Marcin Gołębiwski ma także recenzowanie 39 manuskryptów, przesłanych do redakcji takich czasopism jak *PLOS One*, *PeerJ*, *Applied Soil Ecology*, *Chemosphere*, *Geoderma*, *Pedosphere*, *Science of the Total Environment*, *Environmental Science and Pollution Reports* i *Ecotoxicology and Environmental Safety*.

Aktywność naukowa dr. Marcina Gołębiewskiego była kilkakrotnie nagradzana przez JM Rektora UMK. Dwukrotnie został wyróżniony zespołową nagrodą Rektora UMK, w roku 2009 nagrodą III stopnia, a w 2016 II stopnia. Z kolei, w 2019 roku zespół, którego Habilitant jest członkiem zdobył wyróżnienie.

Z obowiązku recenzenta muszę się odnieść do punktu 3 art. 219 rozdz. 3 ustawy o Szkolnictwie wyższym i nauce, który mówi, że kandydat do stopnia doktora habilitowanego powinien wykazać się istotną aktywnością naukową albo artystyczną realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej. Stwierdzam, że dr Marcin Gołębiwski obok macierzystej uczelni prowadził badania w innej instytucji naukowej, Instytucie Oceanologii PAN w Sopocie. Efektem współpracy z naukowcami tego Instytutu jest publikacja „Tideless estuaries in brackish seas as a possible freshwater-marine transition zones for bacteria – the case study of the Vistula estuary”, wchodząca w skład osiągnięcia naukowego Habilitanta.

**Podsumowując stwierdzam, że całokształt aktywności naukowej Pana dr. Marcina Gołębiewskiego spełnia wymogi stawiane kandydatom do stopnia doktora habilitowanego.**

#### **Ocena dorobku dydaktycznego, popularyzacyjnego i organizacyjnego**

Pani dr Marcin Gołębiwski z racji zatrudnienia na etacie naukowo-dydaktycznym od 15 lat prowadzi zajęcia dydaktyczne ze studentami studiów I i II stopnia na kierunków Biologia, Biotechnologia i Diagnostyka molekularna. Habilitant realizował/realizuje zajęcia z przedmiotów związanych tematycznie z bioinformatyką. Prowadzi wykłady i ćwiczenia z przedmiotu Bioinformatyka dla studentów V roku jednolitych studiów magisterskich i III roku studiów I stopnia na kierunku Biotechnologia. Ćwiczenia z tego samego przedmiotu prowadzi również dla studentów kierunku Diagnostyka molekularna (studia II stopnia).

Ponadto, studentów kierunków Biologia i Biotechnologia uczy zastosowania metod bioinformatycznych w naukach biologicznych. Obok zajęć z bioinformatyki Kandydat prowadzi wykład monograficzny z przedmiotu Biologia plazmidów i ćwiczenia z Metagenomiki gleby.

Za istotne osiągnięcie dydaktyczne uważam pełnienie przez Kandydata funkcji promotora pomocniczego w dwóch przewodach doktorskich i opiekuna naukowego kolejnych dwóch doktorantów. Dr Marcin Gołębiwski ma już duże doświadczenie w opiece nad studentami realizującymi eksperymentalne prace dyplomowe. Był promotorem dwóch prac magisterskich i sprawował opiekę naukową nad 12 studentami wykonującymi prace magisterskie. Ponadto, Habilitant pełnił funkcję promotora 5 prac licencjackich.

W ramach działalności promującej nauki biologiczne Habilitant wygłosił kilkanaście wykładów, które wygłoszone zostały w jednostkach PAN lub na uniwersytetach. Można je również uznać za aktywność naukową, w ramach której Kandydat upowszechniał wyniki swoich badań. Muszę przyznać, że działalność popularyzatorską Kandydata oceniam bardzo nisko. Brakuje jakiegokolwiek zaangażowania Kandydata w działalność popularyzatorską skierowaną do uczniów szkół ponadpodstawowych i ludzi zainteresowanych naukami przyrodniczymi.

Wysoko oceniam zaangażowanie dr. Marcina Gołębiewskiego w projektowanie wyposażenia większości laboratoriów Zespołu Genomiki Funkcjonalnej i późniejsze planowanie i koordynowanie wyposażenia Interdyscyplinarnego Centrum Nowoczesnych Technologii UMK.

### **Podsumowanie**

Analiza dorobku naukowego Pana dr. Marcina Gołębiewskiego skłania mnie do stwierdzenia, że w osobie Habilitanta mamy do czynienia z dojrzałym i posiadającym bogaty dorobek publikacyjny pracownikiem naukowym. Habilitant jako jeden z pierwszych w Polsce podjął badania nad bioróżnorodnością mikroorganizmów glebowych w oparciu o sekwencjonowanie fragmentu genu 16S rRNA. Jest ekologiem molekularnym i bardzo dobrym bioinformatykiem, który świetnie porusza się w programach służących do wielowymiarowej analizy uzyskanych sekwencji. Co ważne, sam opracowuje i wprowadza nowe narzędzia. Jest np.: autorem taniego systemu generowania barkodowanych bibliotek ampikonów i ich sekwencjonowania w technice Illumina.

Niezwykle interesujące są plany naukowe Habilitanta, który zamierza kontynuować oraz inicjować interdyscyplinarne badania integrujące badania molekularne, fizjologiczne i biochemiczne, pozwalające na poznanie odpowiedzi holobiomów na czynniki środowiskowe. Rozległa wiedza i doświadczenie w zakresie sekwencjonowania, doskonała znajomość narzędzi bioinformatycznych oraz zdolność do współpracy z naukowcami różnych specjalności niewątpliwie umożliwi dr. Marcinowi Gołębiewskiemu realizację Jego planów.

### **Wniosek końcowy**

Stwierdzam, że przedstawione do oceny osiągnięcie naukowe oraz pozostała aktywność naukowa, dr. Marcina Gołębiewskiego spełniają wymogi stawiane w art. 219 ustawy z dnia 20 lipca 2018 roku Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. 2018 poz. 1668). Ponadto, Kandydat wykazał się znaczącą działalnością dydaktyczną i organizacyjną. Wobec powyższego z pełnym przekonaniem popieram wniosek Pana dr. Marcina Gołębiewskiego o nadanie stopnia naukowego doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauki biologiczne.

