

[logo]

LIB Leibniz Institute for the Analysis of Biodiversity Change
[Instytut Leibniza ds. Analizy Zmian Bioróżnorodności (LIB)]

Dr Marianne Espeland
Kurator i kierownik działu motyli (Lepidoptera) i
chruścików (Trichoptera), Bonn
Centrum Taksonomii i Morfologii

Instytut Leibniza ds. Analizy
Zmian Bioróżnorodności (LIB)
Muzeum Koeniga
Adenauerallee 127
53113 Bonn

+49 (0)228 9122 220
m.espeland@leibniz-lib.de
www.leibniz-lib.de

2025-03-04

Recenzja rozprawy doktorskiej Marcina Wiorek pt. „Taksonomia i filogeneza wybranych rodzajów madagaskarskich ciem (Malagasy Syntomini (Lepidoptera: Erebidae: Arctiinae))”

Wstęp

Przedłożona do recenzji rozprawa doktorska, autorstwa Marcina Wiorka, została wykonana w Instytucie Systematyki i Ewolucji Zwierząt Polskiej Akademii Nauk pod kierunkiem dr hab. Łukasza Przybyłowicz.

Tematyka rozprawy obejmuje taksonomię, systematykę, delimitację gatunków, morfologię i filogenezę molekularną. Przedmiotem badań są wybrane rodzaje ciem kropkowanych (Syntomini, Erebidae) głównie na Madagaskarze.

Ocena strony redakcyjnej rozprawy

Oceniana rozprawa liczy 490 stron, wliczając rysunki i tabele, ale bez oświadczeń współautorów i oświadczenia doktoranta. Jest napisana w języku angielskim, a jej układ jest przejrzysty i zgodny z zasadami dla tego typu rozprawy. Praca rozpoczyna się podziękowaniami w języku angielskim i polskim, po których następuje uporządkowany spis treści. Dalej znajduje się streszczenie w języku polskim i angielskim oraz wykaz

Muzeum badań A
Leibniz
Stowarzyszenie
Leibniza

MUSEUM KOENIG
BONN

MUSEUM DER NATUR
HAMBURG

Sponsorowane przez
Federalne Ministerstwo
Edukacji i Badań

Ministerstwo Kultury i
Nauki niemieckiego
kraju związkowego
Nadrenia Północna-
Westfalia

Hamburg
Ministerstwo Nauki,
Badań, Równości i
Dystryktów

Instytut Leibniza ds.
zmian bioróżnorodności
Fundacja prawa publicznego
Biuro: 53113 Bonn, Adenauerallee
160

Ogólny zarząd:
Prof. dr B. Misof (Dyrektor Generalny)
A. Grüter (Dyrektor zarządzający ds. handlowych)
Przewodniczący Rady Fundacji: Dr M. Wappelhorst

Urząd Skarbowy w Bonn
Nr podatkowy: 205/5783/2943/
Numer VAT: DE308022782

Sparkasse KölnBonn
IBAN: DE96 3705 0198 1931 1784 77
BIC: COLSDE33

[logo]

LIB Leibniz Institute for the Analysis of Biodiversity Change
[Instytut Leibniza ds. Analizy Zmian Bioróżnorodności (LIB)]

trzech publikacji zawartych w rozprawie, z wyszczególnieniem wkładu doktoranta w każdą z nich. Główna część rozprawy doktorskiej liczy 27 stron i jest podzielona na Wstęp, Cele i hipotezy badawcze, Materiał i metody, Wyniki, Dyskusję, Wnioski oraz bibliografię zawierającą 79 pozycji. Dodatkowo znajdują się tam dwie tabele: jedna z materiałami użytymi do pracy molekularnej (osiem stron) i jedna z użytymi genami i starterami (jedna strona). Następnie znajdują się dwa opublikowane artykuły naukowe, liczące 34 i 14 stron, o typowym układzie wydawniczym, a także jeden obszerny manuskrypt liczący 290 stron + 96 stron informacji uzupełniających.

Ocena merytoryczna rozprawy

a) Oryginalność badań

Praca zawarta w rozprawie jest całkowicie oryginalna i, jak wynika z oświadczeń współautorów, student wykonał większość pracy we wszystkich badaniach, a w szczególności w najobszerniejszym manuskrypcie 3. W drugim artykule student jest tylko drugim autorem, ale zgodnie z oświadczeniem jego wkład jest większy niż wkład pierwszego autora (40% do 30%), co sprawia, że zastanawiam się, dlaczego nie jest on pierwszym autorem również tego artykułu.

Trzy artykuły w tej rozprawie dostarczają dużej ilości nowych informacji na temat Syntomini na Madagaskarze i Mauritiusie. Praca morfologiczna, zwłaszcza w manuskrypcie 3, jest obszerna i doskonale wykonana. Dodatkowym atutem jest to, że opisano morfologię jaj, które znaleziono w odwłokach samic.

Ponadto bardzo podobają mi się pomysłowe i oryginalne nazwy naukowe dla nowych taksonów, a adaptacja nowych nazw rodzajów z filmu „Madagaskar” jest w tym przypadku z pewnością trafna. Jednak kilka nowych nazw rodzajów jest nieco trudnych, np. Mauricenaclia, którą – jak sami autorzy wspominają – można powiązać z Mauritusem, gdzie rodzaj ten nie występuje. Jest on endemiczny dla Madagaskaru.

Inną potencjalnie nie do końca optymalną nazwą jest „Privatenaclia”, nazwana na cześć pingwina o imieniu „Private”. Private (szeregowy) to także stopień wojskowy, a oczywiście ma również definicję „należący do lub przeznaczony wyłącznie do użytku jednej konkretnej osoby lub grupy osób” (dictionary.com). Zatem nie znając pochodzenia nazwy związanego z filmem, interpretacja staje się nieco utrudniona.

b) Wartość naukowa rozprawy

Rozprawa dostarcza wielu nowych informacji na temat systematyki, taksonomii i morfologii słabo zbadanej grupy ciem zamieszkujących Madagaskar, więc jej wartość naukowa jest niewątpliwie wysoka. Siedliska na Madagaskarze i Mauritiusie zanikają w szybkim tempie, dlatego badania tego typu są ważne również z punktu widzenia ochrony przyrody. Artykuł 1 bardzo dobrze uzasadnia znaczenie rezerwatu Réserve Spéciale d'Ambohitantely dla tych i innych gatunków, a artykuł 2 wyraźnie pokazuje biogeograficzne, a tym samym ochronne znaczenie pojedynczego gatunku występującego na Mauritiusie, którego najbliżsi krewni wydają się występować w Palearktyce.

Hipotezy są solidne i jasno sformułowane, a wnioski uzasadnione, chociaż, jak wspomniano poniżej, analizy danych molekularnych mogłyby zostać przedstawione bardziej szczegółowo. Dane molekularne w połączeniu z obszerną morfologią są jednak wystarczające, aby wesprzeć opis nowych rodzajów w manuskrypcie 3, co stanowi ważny wkład, ponieważ w znacznym stopniu wyjaśnia systematykę w tej grupie, która do tej pory była niejasna. Nowe gatunki są również w pełni uzasadnione danymi.

[logo]

LIB Leibniz Institute for the Analysis of Biodiversity Change
[Instytut Leibniza ds. Analizy Zmian Bioróżnorodności (LIB)]

Mocne i słabe strony rozprawy

Główną mocną stroną rozprawy jest skrupulatna praca morfologiczna i bardzo przydatne klucze identyfikacyjne, szczególnie w obszernym manuskrypcie 3. Szczególnie miło jest widzieć, że opisano nawet jaja pobrane z odwiłków samic. Wiedza na temat morfologii jaj jest w dużej mierze niewystarczająca w przypadku grup Lepidoptera, które nie były hodowane na większą skalę, a zwłaszcza w przypadku gatunków występujących na Madagaskarze. Zdjęcia przedstawiające genitalia i inne szczegóły morfologiczne, a także obrazy SEM są doskonale i bogate w informacje we wszystkich trzech artykułach.

Ograniczona ilość wykorzystanych danych molekularnych wpływa na rozdzielczość wyników, ale student nie może w żaden sposób ponosić za to odpowiedzialności, ponieważ wynika to głównie z braku niezbędnych środków finansowych na wygenerowanie bardziej obszernych danych, co wciąż jest dość kosztowne.

Dostępne dane molekularne mogły jednak zostać przeanalizowane w sposób bardziej szczegółowy i lepiej przedstawione. Po pierwsze, podsumowanie zawiera jedynie wzmiankę o całkowitej długości danych wynoszącej 643 549 bps od wszystkich 254 okazów. Jest to raczej mało informatywny sposób podawania rozmiaru zbioru danych. O wiele bardziej informatywne byłoby podanie długości każdej sekwencji genowej w każdym artykule. W ten sposób zazwyczaj przedstawia się wielkość zbioru danych. Co więcej, analizy danych molekularnych są bardzo uproszczone we wszystkich trzech artykułach. Analizy filogenetyczne ograniczają się do użycia serwera internetowego jednego lub dwóch programów maksymalnego prawdopodobieństwa, a dodatkowo w manuskrypcie 3 zaimplementowano jeden program bayesowski. Wydaje się, że użyto ustawień domyślnych, ale z niewielką ilością szczegółów, co utrudnia pełne zrozumienie, co zostało zrobione. W artykule 1 zastosowano jedynie kodowanie kreskowe DNA, co w tym przypadku jest w pełni uzasadnione, ponieważ stosuje się je wyłącznie w celu kojarzenia samców i samic, w przypadku których jest to odpowiednia metoda. W manuskrypcie 3 wspomniano, że sekwencjonowano do ośmiu genów na okaz, a zbiór danych podzielono według genów, ale następnie użyto 11 podziałów, bez dalszego wyjaśnienia, jakie mogą być te podziały. Dane kodów kreskowych w artykule 1 przeanalizowano wyłącznie przy użyciu serwera internetowego Iqtree i nie podano żadnych szczegółów. Wygląda również na to, że analizy prawdopodobieństwa w każdym programie zostały przeprowadzone tylko raz dla każdego zestawu danych, a nie wielokrotnie, co powinno mieć miejsce. Maksymalne prawdopodobieństwo wykorzystuje heurystyczne podejście do wyszukiwania drzewa, co oznacza, że wywnioskowana filogeneza może być inna za każdym razem, gdy jest uruchamiana, w zależności od tego, który szczyt w krajobrazie prawdopodobieństwa został osiągnięty w danym momencie. Jest to szczególnie widoczne w przypadku mniejszych zbiorów danych o ograniczonej informatywności filogenetycznej. Dlatego należy przeprowadzić wielokrotne wyszukiwania drzewa, a drzewo o największym prawdopodobieństwie wybrać jako najlepsze do dalszych badań.

Ponieważ dane molekularne są ograniczone, pełna dyskusja na temat możliwego niekompletnego sortowania linii komórkowych (ILS) i introgresji nie wchodzi w zakres tej pracy. Dobrze, że ILS jest nadal omawiane w artykule 3, ale przydałoby się kilka akapitów na temat introgresji. Drzewa genowe w tym artykule, niestety, wydają się być wywnioskowane jedynie przy użyciu odległości p (metoda odległościowa) jako części analizy delimitacji gatunków w AGBD. Takie drzewa nie nadają się do żadnej interpretacji, poza wewnętrznym krokiem w analizie delimitacji gatunków. Odległości p to po prostu ułamek różnic między dwiema sekwencjami i nie uwzględniają charakteru zmian ewolucyjnych, takich jak różne częstotliwości zasad, współczynniki tranzykcji/transwersji lub różne tempa ewolucji pomiędzy taksonami.

W artykule 2 przedstawiono dłuższą dyskusję na temat wzorców biogeograficznych, która byłaby bardziej informatywna, gdyby została poparta formalnymi analizami biogeograficznymi.

[logo]

LIB Leibniz Institute for the Analysis of Biodiversity Change
[Instytut Leibniza ds. Analizy Zmian Bioróżnorodności (LIB)]

Ocena końcowa

Doktorant jest znakomitym morfologiem, który zwraca szczególną uwagę na ważne szczegóły morfologiczne. Część rozprawy dotycząca zagadnień molekularnych mogłaby być bardziej szczegółowa, jednak jest wystarczająco dobra, aby dostarczyć użytecznych informacji, które w połączeniu z doskonałą pracą morfologiczną dobrze wspierają wnioski. Rozprawa pokazuje, że doktorant posiada umiejętność samodzielnej pracy naukowej, analizowania danych i omawiania aspektów swoich ustaleń. Nie ulega wątpliwości, że doktorant wykonał i poprowadził większość prac. Wobec powyższego stwierdzam, że rozprawa doktorska Marcina Wiorka w pełni spełnia warunki określone w art. 187 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (tekst jednolity: Dziennik Ustaw z 2024 r., poz. 1571 z późn. zm.).

W związku z powyższym zwracam się do Rady Naukowej Instytutu Systematyki i Ewolucji Zwierząt Polskiej Akademii Nauk z prośbą o dopuszczenie Pana Marcina Wiorka do dalszych etapów przewodu doktorskiego.

(-) podpis nieczytelny

Dr Marianne Espeland

Ja, tłumacz przysięgły języka angielskiego, Katarzyna Dobrowolska, wpisana na listę tłumaczy przysięgłych prowadzoną przez ministra sprawiedliwości pod numerem TP/4306/05, niniejszym zaświadczam zgodność powyższego tłumaczenia z dokumentem w języku angielskim.

Sopot, 20 marca 2025

Rep. Nr 6318/2025