

Autoreferat

dr DANIEL STEC

**Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt
Polskiej Akademii Nauk**

Kraków 2022

1. Imię i nazwisko.

Daniel Stec

2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe – z podaniem podmiotu nadającego stopień, roku ich uzyskania oraz tytułu pracy.

- **2021** – doktor biologii, Uniwersytet Jagielloński (Instytut Zoologii i Badań Biomedycznych). Tytuł pracy doktorskiej: “Taxonomy and evolution of the *Macrobiotus hufelandi* complex (Tardigrada: Macrobiotidae)”.

Promotor: dr hab. Łukasz Michalczyk.

Uzyskany stopień naukowy doktora: 29.06.2021.

- **2015** – magister biologii, Uniwersytet Jagielloński (Instytut Zoologii). Tytuł pracy magisterskiej: „An integrative description of *Macrobiotus paulinae* sp. nov. (Tardigrada: Eutardigrada: Macrobiotidae: *hufelandi* group) from Kenya, with notes on the Kenyan tardigrade fauna”.

Promotor: dr Łukasz Michalczyk.

Uzyskany tytuł zawodowy magistra: 12.06.2015.

3. Informacja o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych.

- 2021-07-22 – obecnie; **adiunkt**, Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt Polskiej Akademii Nauk.

4. Omówienie osiągnięć, o których mowa w art. 219 ust. 1 pkt. 2 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2021 r. poz. 478 z późn. zm.).

A. Tytuł osiągnięcia

Współczesne badania taksonomiczne mikroskopijnych bezkręgowców – Tardigrada

B. Publikacje wchodzące w skład osiągnięcia, ze wskazaniem *impact factor* (IF) czasopisma z bazy JCR oraz liczby punktów ministerialnych, według list dla roku publikacji lub najnowszej dostępnej

(I) **Stec D.** 2022. An integrative description of two new *Mesobiotus* species (Tardigrada: Eutardigrada: Macrobiotidae) with updated genus phylogeny. *Zoological Studies* 61: 85. <https://doi.org/10.6620/ZS.2022.61-85>
IF₂₀₂₁ = 1,904. MEiN₂₀₂₂ = 70.

(II) **Stec D.**, Morek W. 2022. Reaching the monophyly: re-evaluation of the enigmatic species *Tenuibiotus hyperonyx* (Maucci, 1983) and the genus *Tenuibiotus* (Eutardigrada). *Animals* 12(3): 404. <https://doi.org/10.3390/ani12030404>
IF₂₀₂₁ = 3,231. MEiN₂₀₂₂ = 100.

(III) **Stec D.** 2022. Integrative taxonomy helps to revise systematics and questions the purported cosmopolitan nature of the type species within the genus *Diaforobiotus* (Eutardigrada: Richtersiusidae). *Organisms Diversity & Evolution*. <https://doi.org/10.1007/s13127-022-00592-6>
IF₂₀₂₁ = 2,663. MEiN₂₀₂₂ = 100.

(IV) **Stec D.**, Vecchi M., Dudziak M., Bartels P.J., Calhim S., Michalczyk Ł. 2021. Integrative taxonomy resolves species identities within the *Macrobiotus pallarii* complex (Eutardigrada: Macrobiotidae). *Zoological Letters* 7: 9. <https://doi.org/10.1186/s40851-021-00176-w>
IF₂₀₂₁ = 3,157. MEiN₂₀₂₁ = 140.

(V) Kiosya Y., **Stec D.** 2022. New species of the genus *Richtersius* Pilato & Binda, 1989 (Tardigrada: Eutardigrada: Richtersiusidae) from Uzbekistan. *Folia Biologica (Kraków)* 70: 141-150. https://doi.org/10.3409/fb_70-4.18
IF₂₀₂₁ = 0,714. MEiN₂₀₂₂ = 100.

C. Omówienie celu prac i osiągniętych wyników

WSTĘP

Poznanie i możliwość rozpoznawania organizmów, które nas otaczają, jest podstawą w wielu dyscyplinach naukowych jak na przykład ekologia, rolnictwo, medycyna, biologia ewolucyjna, fizjologia, czy też w badaniach bioróżnorodności (GRAY i CAVERS 2014, COWIE i in. 2022). Dzisiejsze rozumienie historii naturalnej ukształtowało się w okresie renesansu, a jej głównym celem jest po dziś dzień odkrywanie i przedstawienie wszystkich organizmów na Ziemi. W ramach poznania historii naturalnej to właśnie taksonomia, która zajmuje się odkrywaniem, nazywaniem i identyfikacją organizmów, pozwala rozpoznać różnice oraz powiązania pomiędzy nimi, pokazując nam obszerny i wyczerpujący obraz ewolucji oraz ekologii (PFENNINGER i in. 2014, ZAMANI i in. 2022). Od samego początku złotym standardem w badaniach taksonomicznych była i nadal jest morfologia. Dlatego też, niektóre z grup mikroskopijnych bezkręgowców uważane są za niezwykle wymagające z uwagi nie tylko na małe rozmiary ciała ale przede wszystkim małą liczbę cech wartościowych w kontekście ich taksonomii. Jako często obserwowany wynik tego stanu rzeczy jest klasyfikowanie kilku wyglądających podobnie gatunków jako jeden. Tym samym maskowane jest istnienie kompleksu gatunkowego a co za tym idzie, konglomerat wielu gatunków uznany za gatunek pojedynczy ma znacznie przeszacowany zasięg geograficzny i ekologiczny. Skala takich przeszacowań może dotyczyć całego globu, na co przykłady znane są u niesporczaków (Tardigrada; np. zob. STEC i in. 2018, STEC i in. 2020a, MOREK i MICHALCZYK 2020). Niesporczaki to organizmy mikroskopijnych rozmiarów, u których bardzo często naukowcy borykają się z problemem kompleksów gatunkowych grupujących trudne w identyfikacji gatunki. Zwierzęta te znajdują się na całym świecie występując zarówno w środowiskach lądowych jak i wodnych (słodkowodne i morskie). Pomimo tego, że Tardigrada mogą żyć na lądzie, pozostają aktywne tylko kiedy otacza je przynajmniej cienka warstwa wody. Kiedy jej zabraknie, okresy suszy niesporczaki mogą przeżyć dzięki swoim zdolnościom do przejścia w stan kryptobiozy, umożliwiając im przetrwanie niekorzystnych warunków środowiskowych (KACZMAREK i in. 2019).

W obecnych czasach globalnego kryzysu bioróżnorodności i przyspieszonego wymierania gatunków, dziedzina taksonomii znajduje się pod presją, aby przyspieszyć odkrywanie, opisywanie i nazywanie nowych gatunków, zanim znikną niezauważone (COWIE i in. 2022). Presja ta doprowadziła do gorących debat na

początku XXI wieku na temat użyteczności i ograniczeń barkodingu DNA w taksonomii. Jedną z odpowiedzi na tą debatę jest taksonomia integratywna jako sposób włączenia sekwencji DNA do odkrywania oraz identyfikacji gatunków, przy jednoczesnym utrzymaniu „tradycyjnych” sposobów przeprowadzania badań taksonomicznych, które mają fundamentalne znaczenie dla zrozumienia różnorodności gatunkowej. Integratywne podejście do taksonomii powinno łączyć jak najszersze spektrum różnych typów danych jak na przykład morfologiczne, molekularne czy ekologiczne (DAYRAT 2005, VINARSKI 2020). Dzięki temu możliwe jest rzetelniejsze wnioskowanie na temat hipotez gatunku, pokrewieństw pomiędzy gatunkami i ich ewolucji (STEC i in. 2022a).

Taksonomia niesporczaków, tak jak większości grup organizmów, opiera się od zawsze na ich morfologii i anatomii (RAMZZOTTI i MAUCCI 1983). Dopiero od niecałych 20 lat w badaniach Tardigrada zaczęto wykorzystywać metody molekularne rozwiązujące wątpliwości związane z klasyfikacją taksonów w obrębie tego typu zwierząt (np. JØRGENSEN i in. 2019). Dopiero jednak w czasie mniej więcej ostatnich ośmiu lat taksonomia niesporczaków została zrewolucjonizowana dzięki podejściu integratywnemu, które przyczyniło się do znacznie dokładniejszego poznania ewolucji i powiązań filogenetycznych pomiędzy większymi i mniejszymi grupami systematycznymi. Badanie różnorodności gatunkowej niesporczaków podobnie jak wielu innych grup meiofauny, jest uważane za działalność trudną nie tylko ze względu na mikroskopijny rozmiar tych zwierząt, ale w szczególności przez to, że większość rodzajów posiada bardzo ubogi zestaw cech wartościowych taksonomicznie, które często nie są też łatwe do zdiagnozowania (np. KOSZTYŁA i in. 2016, MOREK i in. 2016, SCHENK i FONTANETO 2020). Głównym wynikiem tego stanu rzeczy jest błędne uznanie wielu gatunków Tardigrada za szeroko rozsiadłe i występujące na wielu kontynentach, podczas gdy analizy integratywne wskazują jednoznacznie na istnienie kompleksów morfologicznie podobnych, ale genetycznie odrębnych gatunków (np. BERTOLANI i in. 2011, STEC i in. 2018, GUIDETTI i in. 2019). Odmienność fenotypowa nie zawsze ewoluuje w zgodzie z dywersyfikacją genetyczną, co skutkuje istnieniem kompleksów gatunkowych grupujących taksony trudne w identyfikacji, które stanowią główne wyzwanie dla dokumentowania rzeczywistej różnorodności biologicznej. Dlatego też rozwiązanie takich kompleksów ma ogromne znaczenie

dla poznania, dokumentacji oraz klasyfikacji istot żywych występujących na naszej planecie.

Moje badania są unikatowe w tym, że stosuję szeroki wachlarz metod taksonomii integratywnej do analizy danych pochodzących z badań populacji Tardigrada rozmieszczonych na całym świecie. Wiele z tych badań próbowało odpowiedzieć na pytanie dotyczące szczegółowych powiązań filogenetycznych wewnątrz kompleksów gatunkowych, rodzajów czy wyższych jednostek systematycznych. Ponadto, moje szczegółowe studia nad morfologią i morfometrią Tardigrada przyczyniły się do rozpoznania wiarygodnych i taksonomicznie istotnych cech bądź zestawów cech służących do wyróżniania gatunków w obrębie tej grupy zwierząt. W swojej dotychczasowej pracy naukowej skupiałem się w szczególności na niesporczakach należących do nadrodziny Macrobiotidea, ale w moim dorobku znajduje się również wiele prac naukowych dotyczących systematyki pozostałych grup niesporczaków (np. STEC i in. 2018, MOREK i in. 2019, GAŚIOREK i in. 2019, ZAWIERUCHA i in. 2023), badań eksperymentalnych czy ekologicznych na tych zwierzętach (np. STEC i in. 2016, BRYNDOVÁ i in 2020, TŮMOVÁ i in. 2022, VECCHI i in 2022) jak również kilka publikacji dotyczących innych grup bezkręgowców (np. STEC i KUSZEWSKA 2020, MILER i in. 2020, OSTAP-CHEC i in. 2021, ZAJĄC i STEC 2020).

W skład mojego osiągnięcia naukowego złożonego tu w celu uzyskania stopnia naukowego doktora habilitowanego wchodzi pięć oryginalnych prac naukowych dotyczących taksonomii niesporczaków. Są to prace obrazujące rozwiązania częstszych i rzadszych problemów przed jakimi stoi obecnie ta dziedzina wiedzy. Poniżej omówię skrótowo każdą z tych publikacji.

PUBLIKACJA I

Pierwsza publikacja wchodząca w skład mojego osiągnięcia habilitacyjnego dotyczy rodzaju *Mesobiotus* Vecchi i in., 2016 i pokazuje ona najczęściej spotykany problem w taksonomii jakim jest wyróżnienie oraz formalny opis gatunku nowego dla wiedzy. Badany przeze mnie rodzaj można uznać za stosunkowo dużą grupę niesporczaków liczącą obecnie 75 gatunków, z czego cztery desygnowane są jako *nomina inquirenda* (KACZMAREK i in. 2020, DEGMA i GUIDETTI 2022). Rodzaj *Mesobiotus* został podniesiony do swojej rangi systematycznej przy poparciu danych morfologicznych jak i genetycznych (VECCHI i in. 2016). Analizy

przeprowadzone w przytoczonych badaniach pokazały, że dwie wcześniej rozpoznane nieformalne grupy gatunkowe w obrębie rodzaju *Macrobotus* Schultze, 1934 (grupa *Macrobotus harmsworthi* oraz grupa *Macrobotus furciger*) tworzą kład monofiletyczny, grupujący gatunki fenotypowo odmienne od innych rodzajów wyróżnianych w rodzinie Macrobiotidae, zasługując tym samym na uzyskanie rangi rodzaju *Mesobiotus*. Jednakże, pierwsze studium nad bardziej szczegółowymi relacjami filogenetycznymi pomiędzy gatunkami rodzaju *Mesobiotus* przeprowadzone zostało przez KACZMARKA i in. (2018), które następnie zostało wsparte przez kolejne badania zajmujące się bezpośrednio bądź pośrednio tą tematyką (KACZMAREK i in. 2020, STEC 2021, STEC i in. 2021, STEC i in. 2022b, SHORT i in. 2022). Wszystkie z wymienionych badań zajmujące się filogenezą na poziomie rodziny potwierdziły jednoznacznie monofiletyzm rodzaju i wszystkie wykazały też brak kongruencji między morfologią i genetyką wewnątrz tej grupy niesporczaków. Mówiąc szerzej, obie nieformalne grupy rozróżniane morfologicznie (*harmsworthi* i *furciger*) w obrębie *Mesobiotus* nie stanowią grup monofiletycznych, gdyż przedstawiciele obu z nich są ze sobą przemieszani na drzewie filogenetycznym. Wyróżnienie wspomnianych grupy gatunków w obrębie rodzaju oparte jest mgliście na podstawie morfologii osłon jajowych, co zostało niedawno skrytykowane przez SHORT i in. (2022). W swoich badaniach autorzy wykazali dużą dywergencję pomiędzy antarktycznymi i nie-antarktycznymi taksonami *Mesobiotus*, proponując porzucenie użycia wspomnianych nieformalnych grup gatunkowych w obrębie rodzaju. Rozumowanie autorów opierało się na tym, że grupy te nie mają wartości systematycznej (nie są monofiletyczne) a ich użycie maskuje powiązania ewolucyjne oraz wzorce biogeograficzne pomiędzy gatunkami.

W PUBLIKACJI I opisałem dwa nowe dla wiedzy gatunki *Mesobiotus*. Opisy te mają charakter integratywny jako, że oprócz szczegółowych danych morfologicznych i morfometrycznych zebranych w mikroskopie świetlnym oraz skaningowym mikroskopie elektronowym zawierają one również dane genetyczne w postaci sekwencji fragmentów DNA. Opisy te stanowią również trafny przykład standardów obecnie panujących w badaniach taksonomicznych niesporczaków, gdzie kombinacja danych fenotypowych i molekularnych pozwala na wiarygodne testowanie hipotez dotyczących wyodrębniania nowych gatunków. Co więcej w PUBLIKACJI I przeprowadziłem wielogenową analizę filogenetyczną, która wskazała

pozycję badanych gatunków na drzewie rodowym *Mesobiotus* jak również pokrewieństwa pomiędzy jego poszczególnymi taksonami. Główne wnioski płynące z tej analizy pokrywają się z wnioskami badań poprzednich wymienionych powyżej, że gatunki reprezentujące grupę *furciger* i *hramsworthi* nie tworzą grup monofiletycznych. Oprócz populacji nowych gatunków w PUBLIKACJI I, przebadalem również populację znanego już, ale rzadkiego gatunku *Mesobiotus peterseni* (Maucci, 1991) występującego na Grenlandii, który charakteryzuje się dość unikatowymi globularnymi wyrostkami na jajach. Mając na uwadze krytykę rozróżniania nieformalnych grup morfologicznych w obrębie rodzaju ze względu na zbyt niejednoznaczne kryteria odnoszące się do cech osłon jajowych (SHORT i in. 2022), zaproponowałem ich uściślenie. Dogłębna analiza porównawcza ornamentacji osłon jajowych u gatunków *Mesobiotus* doprowadziła mnie do wyróżnienia nie dwóch a trzech grup morfologicznych w obrębie rodzaju, które szczegółowo zdefiniowałem w PUBLIKACJI I. Ponadto stwierdziłem, że utrzymanie użycia grup morfologicznych w obrębie *Mesobiotus*, pomimo tego że nie są one monofiletyczne, ma ogromną wartość praktyczną zarówno dla taksonomów, jak i innych użytkowników nazw gatunkowych, ułatwiając nawigację, identyfikację i komunikację dotyczącą taksonomii oraz systematyki tej grupy niesporczaków. Ponowne kompleksowe spojrzenie na różnorodność morfologiczną rodzaju *Mesobiotus* (w szczególności ogromną różnorodność ornamentów osłon jajowych) doprowadziło mnie z kolei do zaktualizowania i poprawienia klucza taksonomicznego, który przygotowałem wraz z moimi współautorami 2 lata temu (KACZMAREK i in. 2020). Zaprezentowany klucz zawiera 71 nominalnych gatunków *Mesobiotus* (z pominięciem czterech gatunków wyznaczonych jako *nomina inquirenda*) i stanowi cenne narzędzie dla innych badaczy ułatwiające identyfikację niesporczaków należących do tego rodzaju.

PUBLIKACJE II i III

Badania przedstawione w PUBLIKACJACH II i III dotyczą rodzaju *Diaforobiotus* Guidetti i in., 2016, który do niedawna posiadał jedynie dwa formalnie rozpoznane podgatunki (DEGMA i GUIDETTI 2022). Badania te pokazują również dobitnie, że pomimo, iż opisy nowych dla wiedzy gatunków są niezwykle ważnym wkładem w taksonomię danej grupy, to w wielu przypadkach integratywne rewizje bądź redeskrypcje pojedynczych gatunków bądź ich grup mogą odgrywać jeszcze

ważniejszą rolę (MEIER i DIKOW 2004, SIGWART 2018). Dostarczają one bowiem zaktualizowanych informacji na temat taksonów opisanych w przeszłości, które ze względu na niedokładną charakteryzację, stanowią dziś często duży problem gdyż uniemożliwiają szczegółowe porównania z dostępnymi jak i nowymi nomenami (VINARSKI 2020). Niesporczaki są grupą taksonomicznie wymagającą ze względu na częste występowanie gatunków kryptycznych, niedokładne i wątpliwe opisy gatunków dokonane w przeszłości oraz częsty przez brak materiału typowego. Pomimo tego, że problem ten dotyczy wszystkich gatunków nominalnych, to jego największy wpływ na poprawne rozpoznanie różnorodności niesporczaków jest widoczny w przypadku niejednoznacznych opisów gatunków typowych dla większych grup, jak na przykład rodziny, rodzaje czy kompleksy gatunkowe. Taka niedostateczna wiedza na temat wyglądu poszczególnych gatunków (w szczególności wspomnianych gatunków typowych) najczęściej skutkuje ogromnym przeszacowaniem zakresów ich występowania oraz znaczącym niedoszacowaniem prawdziwej różnorodności gatunkowej (np. KACZMAREK i in. 2015, KACZMAREK i in. 2016, MCINNES i in. 2017).

W pierwszej z omawianych tutaj prac (PUBLIKACJA II) dokonałem rewizji enigmatycznego gatunku *Tenuibiotus hyperonyx* (Maucci, 1983). Podobnie jak PUBLIKACJA I ta praca również dostarczyła szczegółowych danych fenotypowych jak i genetycznych dla nowo odkrytej populacji topotypowej. Wielogenowa analiza filogenetyczna wykazała jednoznacznie przynależność badanego gatunku do rodzaju *Diaforobiotus* a nie *Tenuibiotus* Pilato i Lisi, 2011. Analiza morfologiczna była zbieżna z wynikami genetycznymi dlatego formalnie przenieśliśmy badany gatunek do pierwszego z wymienionych rodzajów. Wyłączenie *Diaforobiotus hyperonyx* (Maucci, 1983) z rodzaju *Tenuibiotus* pozwoliło mi na szczegółową analizę składu gatunkowego rodzaju. Analiza porównawcza cech morfologicznych gatunków *Tenuibiotus* doprowadziła do poprawienia diagnozy *Tenuibiotus willardi* (Pilato, 1977) oraz *Tenuibiotus bozhkae* Pilato i in., 2011 co umożliwiło również poprawienie i zunifikowanie diagnozy całego rodzaju, który wcześniej raportowano jako polifiletyczny (STEC i in. 2021). Co ważne, ponowne dokładne zbadanie *D. hyperonyx* i wykazanie jego pozycji filogenetycznej pokazało kolejny przykład ewolucji konwergentnej dotyczącej wydłużania się pazurów na nogach niesporczaków żyjących w wilgotnych i lodowaciejących środowiskach. Obok gatunków z kompleksu *Macrobiotus ariekammensis* oraz gatunku *Mesobiotus*

barabanovi (Tumanov, 2005), *D. hyperonyx* obrazuje trzeci przypadek fenotypowej konwergencji pazurów w obrębie nadrodziny Macrobiotidea (STEC i in. 2022b, PUBLIKACJA II).

W PUBLIKACJI III prezentuję formalną integratywną redeskrypcję gatunku typowego dla rodzaju *Diaforobiotus*, mianowicie *Diaforobiotus islandicus* (Richters, 1904) oraz integratywny opis nowego dla wiedzy gatunku z tego samego rodzaju. Dane genetyczne dla obu badanych populacji zostały już wykorzystane wcześniej w moich poprzednich pracach do analiz filogenetycznych (STEC i in. 2020b, PUBLIKACJA II), jednakże bez szczegółowego odnoszenia się do ich morfologii. W PUBLIKACJI III na podstawie danych uzyskanych w mikroskopie świetlnym wyposażonym w kontrast fazowy jak również skaningowym mikroskopie elektronowym dokonałem dokładnej charakteryzacji morfologicznej i morfometrycznej badanych populacji. Jako, że oryginalny opis *D. islandicus* jest bardzo niedokładny i ogólnikowy, opisanie nowego dla wiedzy gatunku bez wcześniejszej redeskrypcji *D. islandicus* byłoby niemożliwe. Dlatego też, PUBLIKACJA III może być widziana jako konieczny pierwszy krok ku opisaniu różnorodności gatunkowej rodzaju *Diaforobiotus*, która do tego momentu była ukryta przez niejednoznaczny oryginalny opis gatunku oraz brak okazów typowych. Dokonana przeze mnie redeskrypcja oraz wyznaczenie neotypu stabilizuje taksonomię w obrębie badanego rodzaju. Ponadto, analiza porównawcza pozwoliła mi szczegółowo przedyskutować skład gatunkowy rodzaju *Diaforobiotus*. Dzięki niej wyznaczyłem *D. islandicus nicaraguensis* (Séméria, 1985) jako *nomen inquirendum*, poprawiłem diagnozę rodziny Richtersiidae, oraz przygotowałem klucz taksonomiczny dla czterech (niekwestionowanych) gatunków *Diaforobiotus*. Podsumowując, PUBLIKACJE II i III stanowią integratywną rewizję rodzaju, usuwając istniejące wcześniej niejasności i tym samym dając solidne podstawy do dalszych badań taksonomicznych i faunistycznych dotyczących tej grupy Tardigrada.

PUBLIKACJA IV

Całkowita liczba gatunków żyjących na Ziemi nie jest do dziś precyzyjnie oszacowana, jej zakresy wahają się od 3 do 15 milionów gatunków (COSTELLO i in. 2013, MORA i in. 2011). Ponadto, jak wspominałem powyżej, bioróżnorodność wydaje się być też znacząco niedoszacowana poprzez występowanie i

nierozpoznanie gatunków kryptycznych, których identyfikacja możliwa jest głównie w oparciu o dane genetyczne (HEBERT i in. 2003). Obecnie wiemy, że gatunki kryptyczne są powszechne we wszystkich grupach organizmów występujących na naszej planecie (PFENNINGER i SCHWENK 2007) i że dalsze ich badania są niezwykle potrzebne, gdyż istnienie takich gatunków może mieć poważne konsekwencje dla naszego rozumienia bioróżnorodności jak i zarządzania ochroną przyrody (BICKFORD i in. 2007).

Powszechnie występujące gatunki kryptyczne bądź pseudokryptyczne stanowią również spory problem w badaniach Tardigrada. PUBLIKACJA IV stanowi przykład gruntownego rozwiązania taksonomii i systematyki kompleksu gatunkowego *Macrobiotus pallarii*. Grupuje on blisko spokrewnione i niezwykle do siebie podobne gatunki, które z powodzeniem można byłoby uznać za gatunki kryptyczne bądź przynajmniej pseudokryptyczne, czyli praktycznie nieodróżnialne. W takich właśnie przypadkach podejście integratywne wykorzystujące dane genetyczne i szczegółowe dane morfologiczne jest niezwykle istotne. W omawianej pracy dokonałem integratywnej rewizji gatunku typowego dla badanego kompleksu tj. *Macrobiotus pallarii* Maucci, 1954, na podstawie nowo odkrytej populacji topotypowej. Zaktualizowanie danych na temat tego kluczowego gatunku pozwoliło na dokładne porównania genetyczne i morfologiczne z kolejnymi czterema badanymi populacjami wstępnie klasyfikowanymi jako *M. cf. pallarii*. Przeprowadzone analizy molekularnej delimitacji gatunków oraz szczegółowa morfologiczna i morfometryczna analiza porównawcza wykazały istnienie czterech odrębnych gatunków z czego trzy zostały w mojej pracy formalnie opisane jako nowe dla wiedzy. W pracy tej zaprezentowałem również klucz taksonomiczny dla sześciu gatunków które zaliczyłem do kompleksu gatunkowego *M. pallarii*. PUBLIKACJA IV jest swoistym wzorcem do badań nad innymi kompleksami blisko spokrewnionych i podobnych do siebie gatunków. Zaprezentowana integratywna rewizja z pewnością przysłuży się innym badaczom i będzie pomocna w dalszych badaniach nad różnorodnością rodzaju *Macrobiotus* jak i samego kompleksu. Świadczyć o tym może choćby niedawne odkrycie i opisanie kolejnego nowego gatunku z Chin, należącego właśnie do kompleksu *M. pallarii* (YUAN i in. 2022). Należy nadmienić, że autorzy najprawdopodobniej bez wyników prezentowanych w PUBLIKACJI IV nie byłiby w stanie wyodrębnić nowego gatunku *Macrobiotus hupingensis* Yuan i in., 2022.

PUBLIKACJA V

Współczesna systematyka jest dynamiczną i ekscytującą dziedziną nauki, która dzięki postępowi w biologii molekularnej przyciąga coraz większą uwagę taksonomów i biologów ewolucyjnych. Widocznym trendem jest włączanie informacji genetycznych w opisy gatunków, np. w formie sekwencji określonych fragmentów DNA. Skutkuje to tym, że systematyka ma do dyspozycji coraz większe zasoby danych pozwalających na dokładne rozróżnienie gatunków i konstrukcję rzetelnych drzew filogenetycznych. Dzięki temu możliwe jest odkrycie powiązań pomiędzy gatunkami w grupie, która leży w zakresie zainteresowań konkretnych badaczy. Niemniej jednak ciągle w zdecydowanej większości grup organizmów, cechy fenotypowe są dalej solidną i nieustępującą podstawą do opisu danego taksonu, gdzie najczęściej morfologia uznawana jest za złoty standard (PANTE i in. 2015, GOULDING i DAYRAT 2016).

Na podstawie publikacji dotyczących taksonomii niesporczaków na przestrzeni ostatniego dziesięciolecia można łatwo zauważyć, że taksonomia integratywna zrewolucjonizowała myślenie i rozumienie klasyfikacji systematycznej i ewolucji Tardigrada. Jednakże na przekór temu, piąta praca wchodząca w skład przedstawianego tutaj osiągnięcia habilitacyjnego (PUBLIKACJA V) dotyczy klasycznego opisu nowego gatunku niesporczaka opartego jedynie na morfologii. Opisany w niej nowy gatunek (*Richtersius mazepi* Kiosya i Stec, 2022), stanowi czwarty formalnie opisany gatunek w rodzaju *Richtersius* Pilato i Binda, 1989. Od trzech pozostałych gatunków odróżnia go głównie szczególna morfologia osłon jajowych. W niedawnej publikacji dotyczącej redeskrypcji gatunku typowego dla rodzaju *Richtersius*, STEC i in. (2020c) wyrazili nadzieję, że wszystkie kolejne opisy nowych gatunków w tym rodzaju będą integratywne. Wbrew temu, PUBLIKACJA V prezentuje nowy gatunek będący roboczą hipotezą (DE QUEIROZ 2007). W celu zdefiniowania i wyodrębnienia gatunku można zastosować wiele form dowodów takich jak morfologiczne, genetyczne, ekologiczne, reprodukcyjne, geograficzne, a także ich kombinacje. W przypadku PUBLIKACJI V, wyniesienie nowego gatunku poparte jest wyłącznie danymi morfologicznymi i morfometrycznymi, które wyraźnie pokazują, że badana populacja jest nowym dla wiedzy gatunkiem. Innymi słowy, dowody fenotypowe są tutaj wystarczające do wyodrębnienia tego gatunku od innych znanych już taksonów. Jako współautor wspomnianej rekomendacji

dotyczącej wartościowości opisów integratywnych zdecydowanie popieram badania tego typu w taksonomii niesporczaków szczególnie biorąc pod uwagę ich użyteczność w przypadkach podobnych do prezentowanych we wcześniejszych publikacjach mojego cyklu habilitacyjnego, czyli takich gdzie mamy do czynienia z gatunkami kryptycznymi bądź pseudokryptycznymi. Jednakże, sytuacje w których niektóre typy dowodów zostaną pominięte bądź będą niemożliwe do zaprezentowania w opisach gatunkowych (np. DNA, SEM, fizjologia) będą się na pewno pojawiać, a sama niezdolność do uwzględnienia wszystkich możliwych form dowodów nie unieważnia automatycznie ustanowienia nowego gatunku. Zakaz formułowania wystarczających i rzetelnych hipotez gatunkowych opartych tylko na niektórych typach dowodów, zaproponowany w niedawnej pracy GAŚIORKA i in. (2021), nie jest zasadny. Jak już opisywałem powyżej, prawdą jest, że niedokładne i nieaktualne opisy gatunków rzeczywiście stanowią poważną przeszkodę w badaniach taksonomicznych. Jednak takich przeszkód nie da się pokonać poprzez ustanowienie jednej reguły, która wskazuje pewne konfiguracje danych jako jedyne poprawne rozwiązanie. Ponadto rewizje i redeskrpcje stanowią stosunkowo łatwo dostępne narzędzia dla taksonomów, gdy opisy gatunków okazują się być niewystarczające i niezadowolające. Zapobieganie opisom gatunków, które nie zawierają niektórych arbitralnie wybranych rodzajów danych, może poważnie utrudnić nam zrozumienie różnorodności biologicznej. Na przykładzie PUBLIKACJI V, bez nowego opisu gatunku, wiedza o zróżnicowaniu morfologicznym ornamentacji jaj w rodzaju *Richtersius* byłaby zdecydowanie bardziej ograniczona. Nazewnictwo organizmów pozwala na skatalogowanie gatunków i gwarantuje, że zostaną one uwzględnione w przyszłych badaniach taksonomicznych (SEIFERT 2017). Niebezpieczeństwo związane z utrudnieniami inwentaryzacji żywej fauny i flory jest tym bardziej niepokojące obecnie, kiedy żyjemy w czasach tzw. szóstego masowego wymierania, a tempo opisów nowych gatunków jest niezwykle niskie (FONTAINE i in. 2012). Ponieważ nie ma jednego uniwersalnego rozwiązania i reguły wskazującej konkretne typy danych, które tym samym rządzą formalnym wyodrębnianiem organizmów, odpowiedzialność za przypisanie nazwy do danego organizmu spoczywa wyłącznie na autorach, którzy zawsze powinni starać się dostarczyć jak najlepszych dowodów przy testowaniu hipotez gatunkowych. Problem nie jest trywialny, ponieważ gatunki odgrywają kluczową rolę w biologii,

a nazwy gatunków mają ogromny wpływ na to, jak oceniamy oraz traktujemy te podstawowe elementy różnorodności biologicznej, ich ochronę i ewolucję.

UWAGI KOŃCOWE

Zaprezentowane publikacje stanowią istotny wkład w nasze zrozumienie taksonomii, systematyki i ewolucji niesporczaków. I tak PUBLIKACJA I pokazuje podstawowy problem taksonomii jakim jest formalny opis gatunku nowego dla wiedzy przy użyciu podejścia integratywnego. PUBLIKACJE II i III stanowią przykład integratywnej rewizji wyższej jednostki systematycznej na przykładzie rodzaju *Diaforobiotus*, podczas gdy PUBLIKACJA IV demonstruje gruntowną rewizję kompleksu gatunkowego i problem kryptyczności / pseudokryptyczności u niesporczaków. Z kolei PUBLIKACJA V stanowi przykład klasycznego opisu gatunku opartego wyłącznie na cechach morfologicznych i morfometrycznych, dyskutując również zasadność tzw. tradycyjnego podejścia do badań taksonomicznych. Innymi słowy, prezentowany cykl prac stanowiący moje osiągnięcie habilitacyjne demonstruje narzędzia i sposoby rozwiązywania problemów z jakimi spotyka się taksonomia i systematyka niesporczaków. Tardigrada nie są jedyną grupą organizmów jakie borykają się z uciążliwą i trudną taksonomią dlatego też, moje badania mogą posłużyć za wzorcowe dla innych grup mikroskopijnych bezkręgowców jak na przykład wrotki, nicienie, brzuchorzęski i wiele innych.

Cztery z włączonych tutaj prac powstały podczas mojego zatrudnienia w Instytucie Systematyki i Ewolucji Zwierząt PAN podczas gdy jedna z nich powstała na zakończenie moich studiów doktoranckich w Uniwersytecie Jagiellońskim. W dwóch z prezentowanych prac jestem jedynym autorem, podczas gdy w pozostałych jestem autorem wiodącym. Na podstawie oświadczeń o wkładzie autorskim zamieszczonych bezpośrednio w każdej publikacji współautorskiej widać, że moja rola była kluczowa. Chciałbym jednak zaznaczyć w tym miejscu, że doceniam wkład moich współautorów, których pomoc była dla mnie bardzo istotna i bez których powstanie tego cyklu prac byłoby o wiele trudniejsze.

LITERATURA CYTOWANA

- Bertolani, R., Rebecchi, L., Giovannini, I., Cesari, M. (2011) DNA barcoding and integrative taxonomy of *Macrobiotus hufelandi* C.A.S. Schultze 1834, the first tardigrade species to be described, and some related species. *Zootaxa*, 2997: 19-36.

- Bickford, D., Lohman, D.J., Sodhi, N.S., Ng, P.K., Meier, R., Winker, K., Ingram, K.K., Das, I. (2007) Cryptic species as a window on diversity and conservation. *Trends Ecology & Evolution* 22(3): 148-55.
- Bryndová, M., Stec, D., Schill, R.O., Michalczyk, Ł., Devetter, M. (2020) Tardigrade dietary preferences and diet effects on tardigrade life history traits. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 188(3): 865-877.
- Costello, M.J., May, R.M., Stork, N.E. (2013) Can we name Earth's species before they go extinct? *Science*, 339(6118): 413-416.
- Cowie, R.H., Bouchet, P., Fontaine, B. (2022) The Sixth Mass Extinction: fact, fiction or speculation?. *Biological Reviews*, 97: 640-663.
- Dayrat, B. (2005) Towards integrative taxonomy. *Biological Journal of the Linnean Society*, 85: 407-415.
- De Queiroz, K. (2007) Species concepts and species delimitation. *Systematic Biology*, 56(6): 879-86.
- Degma, P., Guidetti, R. (2022). Actual checklist of Tardigrada species. http://dx.doi.org/10.25431/11380_1178608
- Fontaine, B., Perrard, A., Bouchet, P. (2012) 21 years of shelf life between discovery and description of new species. *Current Biology*, 22(22): R943–R944.
- Gąsiorek, P., Morek, W., Stec, D., Michalczyk, Ł. (2019) Untangling the *Echiniscus* Gordian knot: paraphyly of the “*arctomys* group” (Heterotardigrada: Echiniscidae). *Cladistics*, 35(6): 633-653.
- Gąsiorek, P., Vončina, K., Nelson, D.R., Michalczyk, Ł. (2021) The importance of being integrative: a remarkable case of synonymy in the genus *Viridiscus* (Heterotardigrada: Echiniscidae). *Zoological Letters*, 7: 13.
- Goulding, T.C., Dayrat, B. (2016) Integrative taxonomy: Ten years of practice and looking into the future. *Archives of Zoological Museum of Lomonosov Moscow State University*, 54: 116-133.
- Gray, A., Cavers, S. (2014) Island biogeography, the Effects of taxonomic effort and the importance of Island niche diversity to single-Island endemic species. *Systematic Biology*, 63: 55-65.
- Guidetti, R., Cesari, M., Bertolani, R., Altiero T., Rebecchi, L. (2019) High diversity in species, reproductive modes and distribution within the *Paramacrobiotus richtersi* complex (Eutardigrada, Macrobiotidae). *Zoological Letters*, 5: 1.
- Hebert, P.D., Cywinska, A., Ball, S.L., deWaard, J.R. (2003) Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 270(1512): 313-321.
- Jørgensen, A., Kristensen, R.M., Møbjerg, N. (2019) Phylogeny and Integrative Taxonomy of Tardigrada. In: Schill, R.O. (Ed.) *Water Bears: The Biology of Tardigrades*, 95-114.
- Kaczmarek, Ł., Bartylak, T., Stec, D., Kulpa, A., Kepel, M., Kepel, A., Roszkowska, M. (2020) Revisiting the genus *Mesobiotus* Vecchi et al., 2016 (Eutardigrada, Macrobiotidae) – remarks, updated dichotomous key and an integrative description of new species from Madagascar. *Zoologischer Anzeiger*, 287: 121-146.
- Kaczmarek, Ł., Michalczyk, Ł., McInnes, S.J. (2015) Annotated zoogeography of non-marine Tardigrada. Part II: South America. *Zootaxa*, 3923(1): 1-107.

- Kaczmarek, Ł., Michalczyk, Ł., McInnes, S.J. (2016) Annotated zoogeography of non-marine Tardigrada. Part III: North America and Greenland. *Zootaxa*, 4203(1): 1-249.
- Kaczmarek, Ł., Roszkowska, M., Fontaneto, D., Jezierska, M., Pietrzak, B., Wieczorek, R., Poprawa, I., Kosicki, J.Z., Karachitos, A., Kmita, H. (2019) Staying young and fit? Ontogenetic and phylogenetic consequences of animal anhydrobiosis. *Journal of Zoology*, 309(1): 1-11.
- Kaczmarek, Ł., Zawierucha, K., Buda, J., Stec, D., Gawlak, M., Michalczyk, Ł., Roszkowska, M. (2018) An integrative redescription of the nominal taxon for the *Mesobiotus harmsworthi* group (Tardigrada: Macrobiotidae) leads to descriptions of two new *Mesobiotus* species from Arctic. *PLoS ONE*, 13(10): e0204756.
- Kosztyła, P., Stec, D., Morek, W., Gąsiorek, P., Zawierucha, K., Michno, K., Ufir, K., Małek, D., Hlebowicz, K., Laska, A., Dudziak, M., Frohme, M., Prokop, Z.M., Kaczmarek, Ł., Michalczyk, Ł. (2016) Experimental taxonomy confirms the environmental stability of morphometric traits in a taxonomically challenging group of microinvertebrates. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 178(4): 765-775.
- McInnes, S.J., Michalczyk, Ł., Kaczmarek, Ł. (2017) Annotated zoogeography of non-marine Tardigrada. Part IV: Africa. *Zootaxa*, 4284(1): 1-74.
- Meier, R., Dikow, T. (2004) Significance of specimen databases from taxonomic revisions for estimating and mapping the global species diversity of invertebrates and repatriating reliable specimen data. *Conservation Biology*, 18: 478-488.
- Miler, K., Stec, D., Czarnoleski, M. (2020) Heat wave effects on the behavior and life-history traits of sedentary antlions. *Behavioral Ecology*, 31(6): 1326-1333.
- Mora, C., Tittensor, D.P., Adl, S., Simpson, A.G.B., Worm, B. (2011) How many species are there on Earth and in the Ocean?. *PLOS Biology* 9(8): e1001127.
- Morek, W., Gąsiorek, P., Stec, D., Blagden, B., Michalczyk, Ł. (2016) Experimental taxonomy exposes ontogenetic variability and elucidates the taxonomic value of claw configuration in *Milnesium Doyère*, 1840 (Tardigrada: Eutardigrada: Apochela). *Contributions to Zoology*, 85(2): 173-200.
- Morek, W., Stec, D., Gąsiorek, P., Surmacz, B., Michalczyk, Ł. (2019) *Milnesium tardigradum* Doyère, 1840: the first integrative study of inter-population variability in a tardigrade species. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 57(1): 1-23.
- Ostap-Chec, M., Opalek, M., Stec, D., Miler, K. (2021) Discontinued alcohol consumption elicits withdrawal symptoms in honeybees. *Biology Letters*, 17: 20210182.
- Pante, E., Puillandre, N., Viricel, A., Arnaud-Haond, S., Aurelle, D., Castelin, M., Chenuil, A., Destombe, C., Forcioli, D., Valero, M., Viard, F., Samadi, S. (2015) Species are hypotheses: avoid connectivity assessments based on pillars of sand. *Molecular Ecology*, 24: 525-544.
- Pfenninger, M., Schwenk, K. (2007) Cryptic animal species are homogeneously distributed among taxa and biogeographical regions. *BMC Evolutionary Biology*, 19(7): 121.
- Pfenninger, M., Weigand, A., Bálint, M. and Klussmann-Kolb, A. (2014) Misperceived invasion: the Lusitanian slug (*Arion lusitanicus* auct. non-Mabille or *Arion vulgaris* Moquin-Tandon 1855) is native to Central Europe. *Evolutionary Applications*, 7: 702-713.

- Ramazzotti, G., Maucci, W. (1983) Il Phylum Tardigrada. *Memorie dell'Istituto Italiano di Idrobiologia*, 41: 1-1012.
- Schenk, J., Fontaneto, D. (2020) Biodiversity analyses in freshwater meiofauna through DNA sequence data. *Hydrobiologia*, 847: 2597-2611.
- Seifert, K.A. (2017) When Should We Describe Species?. *IMA Fungus*, 8: A37-A39.
- Short, K.A., Sands, C.J., McInnes, S.J., Pisani, D., Stevens, M.I., Convey, P. (2022) An ancient, Antarctic-specific species complex: large divergences between multiple Antarctic lineages of the tardigrade genus *Mesobiotus*. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 170: 107429.
- Sigwart, J.D. (2018) What Species Mean: A User's Guide to the Units of Biodiversity (1st ed.). CRC Press.
- Stec, D. (2021) Integrative descriptions of two new *Mesobiotus* species (Tardigrada, Eutardigrada, Macrobiotidae) from Vietnam. *Diversity*, 13: 605.
- Stec, D., Cancellario, T., Fontaneto, D. (2022a) Diversification rates in Tardigrada indicate a decreasing tempo of lineage splitting regardless of reproductive mode. *Organisms Diversity & Evolution*, 22: 965-974.
- Stec, D., Krzywański, Ł., Arakawa, K., Michalczyk, Ł. (2020c) A new redescription of *Richtersius coronifer*, supported by transcriptome, provides resources for describing concealed species diversity within the monotypic genus *Richtersius* (Eutardigrada). *Zoological Letters*, 6: 2.
- Stec, D., Krzywański, Ł., Zawierucha, K., Michalczyk, Ł. (2020a) Untangling systematics of the *Paramacrobiotus areolatus* species complex by an integrative redescription of the nominal species for the group, with multilocus phylogeny and species delineation within the genus *Paramacrobiotus*. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 188(3): 694-716.
- Stec, D., Kuszewska, K. (2020) CO2 narcosis influences the memory of honey bees. *Journal of Apicultural Research*, 59(4): 663-668.
- Stec, D., Morek, W., Gąsiorek, P., Kaczmarek, Ł., Michalczyk, Ł. (2016) Determinants and taxonomic consequences of extreme egg shell variability in *Ramazzottius subanomalous* (Biserov, 1985) (Tardigrada). *Zootaxa*, 4208(2): 176-188.
- Stec, D., Morek, W., Gąsiorek, P., Michalczyk, Ł. (2018) Unmasking hidden species diversity within the *Ramazzottius oberhaeuseri* complex, with an integrative redescription of the nominal species for the family Ramazzottiidae (Tardigrada: Eutardigrada: Parachela). *Systematics and Biodiversity*, 16(4): 357-376.
- Stec, D., Vecchi, M., Calhim, S., Michalczyk, Ł. (2021) New multilocus phylogeny reorganises the family Macrobiotidae (Eutardigrada) and unveils complex morphological evolution of the *Macrobiotus hufelandi* group. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 160: 106987.
- Stec, D., Vecchi, M., Maciejowski, W., Michalczyk, Ł. (2020b) Resolving the systematics of Richtersiidae by multilocus phylogeny and an integrative redescription of the nominal species for the genus *Crenubiotus* (Tardigrada). *Scientific Reports*, 10: 19418.
- Stec, D., Vončina, K., Kristensen, R.M., Michalczyk, Ł. (2022b) The *Macrobiotus ariekammensis* species complex provides evidence for parallel evolution of claw elongation in macrobiotid tardigrades. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 195: 1067-1099.

- Tůmová, M., Stec, D., Michalczyk, Ł., Devetter, M. (2022) Buccal tube dimensions and prey preferences in predatory tardigrades. *Applied Soil Ecology*, 170: 104303.
- Vecchi, M., Cesari, M., Bertolani, R., Jönsson, K.I., Rebecchi, L., Guidetti, R. (2016) Integrative systematic studies on tardigrades from Antarctica identify new genera and new species within Macrobiotoida and Echiniscoidea. *Invertebrate Systematics*, 30(4): 303-322.
- Vecchi, M., Ferrari, C., Stec, D., Calhim, S. (2022) Desiccation risk favours prevalence and diversity of tardigrade communities and influences their trophic structure in alpine ephemeral rock pools. *Hydrobiologia*, 849: 1995-2007.
- Vinarski, M.V. (2020). Roots of the taxonomic impediment: Is the “integrativeness” a remedy?. *Integrative Zoology*, 15: 2-15.
- Yuan, Z., Wang, Y., Liu, Q., Liu, L., Li, X. (2022) *Macrobotus hupingensis*, a new tardigrade species in the *Macrobotus pallarii* complex from China. *Zoological Studies*, 61: 86.
- Zajac, K., Stec, D. (2020) Molecular approach to identifying three closely related slug species of the genus *Deroceras* (Gastropoda: Eupulmonata: Agriolimacidae). *Zoological Studies*, 59(55).
- Zamani, A., Dal Pos, D., Faltýnek Fric, Z., Orfinger, A.B., Scherz, M.D., Sucháčková Bartoňová, A., Gante, H.F. (2022) The future of zoological taxonomy is integrative, not minimalist. *Systematics and Biodiversity*, 20(1): 1-14.
- Zawierucha, K., Stec, D., Dearden, P.K., Shain, D.H. (2023) Two new tardigrade genera from New Zealand’s Southern Alp glaciers display morphological stasis and parallel evolution. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 178: 107634.

D. Określenie indywidualnego wkładu w powstanie prac

Mój wkład w każdą z prac wchodzących w skład osiągnięcia był podobny i wiodący. Wkład ten potwierdzony jest moim odrębnym oświadczeniem (załącznik 5) oraz oświadczeniami w stosownych sekcjach zamieszczonych bezpośrednio w publikacjach wieloautorskich.

5. Informacja o pozostałej aktywności naukowo-badawczej.

A. WPROWADZENIE

Postanowiłem ubiegać się o przyznanie mi stopnia naukowego doktora habilitowanego w temacie taksonomii niesporczaków ze względu na to, że w mojej opinii jest to temat dobrze oddający moją samodzielność naukową. Moje prowadzone do tej pory badania w żadnym razie nie ograniczają się jednak do tej tematyki. Poniżej omówię krótko moją szerszą aktywność naukowo-badawczą

z podziałem na okres przed i po uzyskaniu stopnia naukowego doktora. W tym omówieniu wielokrotnie odnosić się będę do artykułów naukowych, wskazanych w wykazie osiągnięć (załącznik 4).

B. OKRES PRZED UZYSKANIEM STOPNIA NAUKOWEGO DOKTORA

Moje pierwsze doświadczenie z uprawianiem nauki przypada na czas studiów magisterskich podczas których byłem stypendystą i wykonawcą w projekcie naukowym finansowanym przez Fundację na rzecz Nauki Polskiej. Projekt dotyczył eksperymentalnych badań nad plastycznością fenotypową w cechach niesporczaków ważnych z punktu widzenia ich taksonomii. Podczas mojej pracy w okresie trwania projektu zdobyłem unikatowe doświadczenie związane z hodowlą niesporczaków w warunkach laboratoryjnych a także planowaniem badań eksperymentalnych. Wyniki uzyskane w przeprowadzonych badaniach zostały opublikowane w prestiżowych czasopismach naukowych (np. artykuły 52, 54-56). Podczas studiów magisterskich moje zainteresowanie zdobyła również taksonomia niesporczaków, a moja praca dyplomowa dotyczyła opisu nowego dla wiedzy niesporczaka należącego do kompleksu *Macrobotus hufelandi*, która została także opublikowana (artykuł 60)

Wspomniany kompleks gatunkowy niesporczaków umiłowalem sobie w szczególności. Dlatego podczas wykonywania własnych badań prowadzących do uzyskania stopnia naukowego doktora koncentrowałem się właśnie na taksonomii i ewolucji kompleksu gatunkowego *M. hufelandi*. Moja rozprawa doktorska składała się z czterech publikacji naukowych, które prezentowały badania znacznie poszerzające naszą wiedzę na temat różnorodności wspomnianego kompleksu (artykuły 3, 25, 35, 37). Jednakże w ramach tej tematyki opublikowałem również szereg innych oryginalnych prac naukowych (np. artykuły 2, 7, 16, 24, 33, 36), które łącznie z pracami z przewodu doktorskiego obrazują mój wysoki poziom jako eksperta zajmującego się systematyką rodzaju *Macrobotus*. Moje studia nad kompleksem *M. hufelandi* jakie prowadziłem w tym okresie, były finansowane w ramach projektu SONATA BIS. W projekcie tym pełniłem rolę wykonawcy/stypendysty a jednym z modeli badawczych w nim wykorzystywanych była właśnie wspomniana grupa niesporczaków. Moja praca doktorska obroniona została z wyróżnieniem, ale już wcześniej moje badania nad kompleksem *M. hufelandi* zostały docenione przez ekspertów. Mianowicie uzyskałem finansowanie

grantu ETIUDA 7 (NCN), który ma formę stypendium dla doktorantów z otwartym przewodem i ma pomóc aplikantom w finalizacji rozprawy doktorskiej.

Mniej więcej w połowie moich studiów doktoranckich zacząłem również rozszerzać swoje taksonomiczne zainteresowania badawcze na całą nadrodzinę Macrobiotoidea. W związku z tym, aplikowałem o finansowanie moich dodatkowych badań w konkursie NCN, PRELUDIUM 16. Mój projekt dotyczący integratywnej rewizji rodziny Macrobiotidae uzyskał finansowanie, a same badania były kontynuowane przez ponad rok po obronie pracy doktorskiej. W ramach tych studiów opublikowałem kilkanaście oryginalnych prac naukowych, z których artykuły 1, 3, 9, 14, 63, 64, 68 uważam za najważniejsze.

Ogółem w okresie przed uzyskaniem stopnia naukowego doktora opublikowałem 61 oryginalnych prac naukowych. Zdecydowana większość z nich dotyczyła taksonomii niesporczaków, ale wiedza, umiejętności oraz narzędzia analityczne jakie zdobyłem w tym czasie pozwoliła mi wziąć udział w kilku interesujących badaniach dotyczących innych grup bezkręgowców. Należy wymienić tutaj badania ślimaków nągich i muszlowych (artykuły 8 i 10) czy mrówkolwów (artykuł 11). Ponadto, byłem w stanie przekuć swoje początkowo czysto hobbystyczne zainteresowanie pszczelarstwem również w pracę naukową. Udział w projektach badawczych dotyczących pszczoły miodnej zaowocował kilkoma ciekawymi pracami dotyczącymi zachowania tego ważnego dla człowieka owada (np. artykuły 4-6, 22).

W okresie przed uzyskaniem stopnia naukowego doktora aktywnie uczestniczyłem w międzynarodowych i krajowych konferencjach naukowych, a także odbyłem kilka zagranicznych staży/wyjazdów badawczych, które opisane zostały dokładnie w odpowiednich sekcjach.

C. OKRES PO UZYSKANIU STOPNIA NAUKOWEGO DOKTORA

Po uzyskaniu stopnia naukowego doktora podjąłem pracę jako adiunkt w Instytucie Systematyki i Ewolucji Zwierząt Polskiej Akademii Nauk (ISEZ PAN). W jednostce tej intensywnie kontynuowałem i prowadzę do dziś badania nad niesporczakami. To właśnie w ciągu tego ponad rocznego okresu opublikowałem znaczną część badań wchodzących w skład mojego osiągnięcia habilitacyjnego. Obecnie w moim dorobku naukowym znajduje się 14 oryginalnych prac naukowych opublikowanych po uzyskaniu stopnia naukowego doktora (artykuły 62-75), a dwie

kolejne prace są na etapie recenzji w uznanych czasopismach naukowych indeksowanych na liście JCR. Opublikowane przeze mnie prace w znacznej mierze stanowią kontynuację skryształizowanych wcześniej nurtów badawczych dotyczących taksonomii integratywnej niesporczaków, ale także ich biologii i ekologii.

W ciągu pierwszego roku pracy w ISEZ PAN skryształizowały się u mnie również tematy badawcze, którymi chciałbym zająć się dokładniej w nadchodzących latach. Dotyczą one bioróżnorodności i ekologii niesporczaków. Wykorzystując swoją specjalistyczną wiedzę na temat taksonomii i identyfikacji Tardigrada chcę zająć się bliżej studiami dotyczącymi wzorców ich rozmieszczenia a także czynnikami jakie mogą na te wzorce wpływać. W związku z tym w 2022 roku przygotowałem wniosek projektu w ramach konkursu SONATINA 6 NCN, który uzyskał finansowanie i właśnie się rozpoczął. Mój projekt wykorzystuje w badaniach gradient wysokościowy dający unikalną możliwość na poznanie przyczyn bogactwa gatunkowego niesporczaków i ich rozmieszczenia. Kluczowym punktem projektu będzie identyfikacja Tardigrada z wykorzystaniem metod taksonomii integratywnej i metabarcodingu DNA. Projekt sam w sobie jest wysoce integratywny jako, że łączy w sobie analizę wielu różnych rodzajów danych jak dane morfologiczne, morfometryczne, ekologiczne, funkcjonalne i genetyczne.

W zakresie rozszerzenia swojej działalności naukowej o aspekt ekologiczny podjąłem współpracę z doktorantem BARTŁOMIEJEM SURMACZEM oraz moim dotychczasowym współpracownikiem doktorem MATTEO VECCHI, którzy pod moim kierunkiem napisali projekty w ramach konkursów PRELUDIUM 21 oraz POLONEZ BIS 2, które otrzymały finansowanie. Oprócz tego, wielokrotnie aktywnie uczestniczyłem w pracach czasopism, w których pełnię funkcje edytorskie, a także recenzowałem wiele artykułów dla różnych międzynarodowych czasopism dziedzinowych.

D. PLANY NA PRZYSZŁOŚĆ

W najbliższym czasie planuję kontynuację badań nad wszystkimi wspomnianymi wyżej wątkami pojawiającymi się w mojej dotychczasowej pracy badawczej. W ramach przyznanego mi grantu SONATINA 6 NCN będę badał wzorce rozmieszczenia niesporczaków z gradientem wysokościowym Włoskich Alp. Wraz z magistrem BARTŁOMIEJEM SURMACZEM (finansowanie w ramach grantu

PRELUDIUM 21 NCN) będę też badał wzorce rozmieszczenia niesporczaków w gradiencie intensywności wpływu człowieka w środowiskach leśnych w Polsce. Z kolei razem z doktorem MATTEO VECCHI (finansowanie w ramach grantu POLONEZ BIS 2 NCN) będę badał ekologię zgrupowań niesporczaków w efemerycznych środowiskach jakim są kociołki wietrzeniowe w Karkonoszach oraz Włoskich Apeninach. We wszystkich tych projektach oprócz zaawansowanych metod statystycznych i nowoczesnych technik sekwencjonowania DNA podstawą będzie przygotowanie referencyjnych baz morfologiczno-genetycznych opartych o dokładną identyfikację niesporczaków metodami taksonomii integratywnej. Dlatego też, nie planuję zaniechać moich studiów nad taksonomią, filogenezą i ewolucją Tardigrada, a raczej rozwijać je dalej w oparciu o materiał analizowany w ramach już otrzymanych jak i przyszłych projektów naukowych.

6. Informacja o wykazywaniu się istotną aktywnością naukową realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej, w szczególności zagranicznej.

Jak wspomniałem wyżej stopień naukowy doktora uzyskałem na Uniwersytecie Jagiellońskim, po czym do dzisiaj kontynuuję swoją aktywność naukową w Instytucie Systematyki i Ewolucji Zwierząt Polskiej Akademii Nauk (ISEZ PAN).

Przed uzyskaniem stopnia naukowego doktora zrealizowałem trzy zagraniczne wyjazdy naukowe. Dwa z nich odbyły się w ramach grantów SYNTHESYS+ Komisji Europejskiej gdzie prowadziłem badania w Muzeum Historii Naturalnej na Uniwersytecie Kopenhaskim pod opieką profesora REINHARDTA KRISTENSENA oraz profesora MARTINA SØRENSENA. Badania te skupiały się na taksonomii Tardigrada i do najważniejszych publikacji jakie powstały dzięki tym wyjazdom mogę zaliczyć artykuły: 14, 15, 16, 36, 44, 47, 67, 68. Ponadto odbyłem czteromiesięczny staż naukowy w Water Research Institute (CNR) we Włoszech w ramach grantu ETIUDA 7, gdzie moim opiekunem stażu był doktor DIEGO FONTANETO. Do jego rezultatów zaliczam przede wszystkim aktywne włączenie się w życie naukowe zespołu goszczącego i nawiązanie ścisłej współpracy z tym zespołem, naukę przeprowadzania analiz statystycznych oraz programowania w środowisku R, oraz rozwój swoich zainteresowań ekologią i ewolucją meiofauny. Pokłosiem tego wyjazdu jest publikacja naukowa dotycząca tempa dywersyfikacji w trzech dużych grupach niesporczaków

(artykuł 66) oraz ścisła współpraca naukowa w ramach obecnie realizowanego grantu SONATINA 6 NCN.

W czasie zatrudnienia w ISEZ PAN zrealizowałem do tej pory jeden wyjazd naukowy – miesięczną wizytę studyjną w Hiszpanii, w ramach stypendium START 2021 Fundacji na Rzecz Nauki Polskiej. Zaplanowany wyjazd studyjny zrealizowałem zgodnie z planem na Uniwersytecie w Barcelonie. Podczas wyjazdu zapoznałem się z zespołem badawczym profesora MIQUELA ARNEDO. W tym okresie byłem integralną częścią zespołu badawczego mojego opiekuna. Miałem tam możliwość interakcji ze wszystkimi jego członkami i dowiedzenia się o szczegółach ich badań oraz narzędziach analitycznych jakie wykorzystują. Zostałem zaznajomiony z koncepcją i protokołami badań genetycznych używanych w studiach nad bioróżnorodnością takich jak metabarcoding oraz low-coverage genome sequencing, które są implementowane w wizytowanym laboratorium. Poprzez interakcję z członkami zespołu zostałem również wprowadzony w badania dotyczące ekologii funkcjonalnej jak i ewolucji cech funkcjonalnych z wykorzystaniem koncepcji hiper-przestrzeni (objętości), jak również zaawansowanych technik analitycznych cech morfometrycznych. Pod nadzorem profesora ARNEDO, w krótkim czasie mojego wyjazdu studyjnego przeprowadziłem analizy filogenetyczne pajaków w celu datowania poszczególnych zdarzeń specjacji określonych kładów oraz zbadania tempa dywersyfikacji tych organizmów. Wyjazd studyjny umożliwił mi więc rzeczywiste nawiązanie współpracy z jednostką, do której wyjechałem, która to współpraca będzie kontynuowana przez możliwe przyszłe wspólne publikacje i aplikacje grantowe dyskutowane szczegółowo z moim opiekunem i jego zespołem. Jak wspomniałem wyżej ramach moich przyszłych badań chciałbym zająć się rozmieszczeniem i różnicowaniem się meiofauny. Dlatego też, nawiązanie współpracy z grupą badawczą mającą szerokie doświadczenie w tym zakresie jest dla mnie niezwykle cenne i przyczyni się do wzrostu moich szans przy aplikacjach o kolejne finansowania badań.

Ponadto, mam już zaplanowane dwa kolejne wyjazdy zagraniczne. Pierwszy będzie miał miejsce na początku 2023 roku w ramach grantu SYNTHESYS+ Komisji Europejskiej gdzie przeprowadzę badania dotyczące rewizji taksonomicznej enigmatycznej rodziny Eohypsiybioidea w Muzeum Historii Naturalnej na Uniwersytecie Kopenhaskim. Z kolei drugi wyjazd to półroczny pobyt stażowy w jednostce z którą współpracuję w ramach projektu SONATINA 6 – Water Research Institute (CNR) we Włoszech. Podczas tego stażu będę opracowywał dane zebrane w

pierwszych dwóch latach realizacji projektu i przygotowywał ostateczne wersje publikacji naukowych czerpiąc jak najwięcej z umiejętności oraz wiedzy zespołu goszczącego, w którym pracują światowej sławy naukowcy zajmujący się ekologią, bioróżnorodnością oraz ewolucją meiofauny.

7. Informacja o osiągnięciach dydaktycznych, organizacyjnych oraz popularyzujących naukę.

Z uwagi na to, że od czasu uzyskania stopnia naukowego doktora jestem zatrudniony na stanowisku naukowym, moje doświadczenie dydaktyczne jest mocno ograniczone. W czasie studiów doktoranckich w Uniwersytecie Jagiellońskim prowadziłem kursy dla studentów studiów licencjackich na kierunku biologia. Były to kursy „Zoologia - zajęcia terenowe - bezkręgowce” (w roku akademickim 2015/2016, 2016/2017, 2017/2018, 2018/2019) oraz kurs „Fauna i Flora Polski” (w roku akademickim 2016/2017, 2017/2018, 2019/2020). Łącznie było to 381 godzin dydaktycznych. Kilka razy brałem też wtedy udział w wydarzeniach popularyzujących naukę, takich jak Małopolska Noc Naukowców. W dorobku z okresu przed uzyskaniem stopnia naukowego doktora mam również jeden artykuł popularnonaukowy.

Po uzyskaniu stopnia naukowego doktora przez pierwszy rok pracy w ISEZ PAN nie prowadziłem zajęć o charakterze dydaktycznym. Jednakże, nadmienić należy tutaj, że od 2023 roku będę pełnił rolę opiekuna i mentora kierowników dwóch wcześniej wspomnianych projektów (PRELUDIUM 21, POLONEZ BIS 2), które realizowane będą w ISEZ PAN. Do tej pory moja rola odnośnie tych projektów skupiała się nad współpracą z ich kierownikami nad wnioskami aplikacyjnymi, co dotyczyło koncepcji, planowania i metodyki proponowanych badań. Ponadto, od początku 2023 roku obejmę funkcję opiekuna dwóch studentów, którzy będą realizować roczne staże w ISEZ PAN pracując również w realizowanych grantach. Dodatkowo w ramach działalności popularyzacyjnej po uzyskaniu stopnia naukowego doktora w styczniu 2023 roku będę prowadził pogadankę z pokazem interaktywnym zatytułowaną „Sekrety pszczelej rodziny” w ramach ogólnopolskiej Nocy Biologów. Na tych zajęciach uczestnicy poznają podstawy biologii pszczoły miodnej oraz dowiedzą się, na czym polega gospodarka pasieczna. Uczestnicy zapoznają się też z elementami ula i zobaczą, co się na niego składa i jak to się dzieje, że otrzymujemy produkty pszczele takie jak miód czy pyłek. Jeśli chodzi o moją działalność organizacyjną w ramach pracy w ISEZ PAN

należy tu wymienić pełnienie funkcji przewodniczącego komisji ds. wdrażania Europejskiej Karty Naukowca i Kodeksu postępowania przy rekrutacji pracowników naukowych w ISEZ PAN, oraz przedstawiciela pracowników niesamodzielných w Radzie Naukowej Instytutu w kadencji 2023-2026.

Artykuły popularnonaukowe:

1. **Stec, D.** (2014) Co gryzie nasze pszczoły? *Wszechświat*, 115(4-6): 95-99.

8. Inne informacje.

Moje badania z okresu przed uzyskaniem stopnia naukowego doktora zostały kilka razy wyróżnione stypendiami, w tym raz rocznym stypendium Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego dla wybitnych studentów (w 2014 roku), trzy razy rocznym stypendium Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego dla wybitnych doktorantów (w latach 2016–2018), rocznym stypendium w ramach grantu ETIUDA 7 (w latach 2019–2020) oraz rocznym stypendium START ufundowanym przez Fundację na Rzecz Nauki Polskiej (przyznany w 2021 roku i zrealizowanym w całości po uzyskaniu stopnia naukowego doktora w ISEZ PAN). Z kolei w okresie przejściowym między uzyskaniem stopnia naukowego doktora i po nim moje badania zostały wyróżnione przyznaniem mi trzyletnim stypendium dla wybitnych młodych naukowców finansowanym przez Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego (w latach 2020–2023). Niezwykle ważnym wyróżnieniem jest dla mnie także Nagroda Prezesa Rady Ministrów za wyróżniającą się rozprawę doktorską, którą otrzymałem w pierwszej połowie grudnia 2022 roku.

Niesporczaki zaskarbiły sobie serca wielu ludzi na całym świecie o czym świadczą częste wzmianki o nich w artykułach popularnonaukowych pojawiających się w sieci. Dotyczy to również badań prowadzonych przeze mnie bądź badań, w których brałem udział. Poniżej podaję kilka przykładów:

- <https://tech.wp.pl/odkryto-nowy-gatunek-niesporczaka-z-zadziwiajacymi-zdolnosciami,6841262768687648a>
- <https://dzienniknaukowy.pl/planeta/odkryto-nowy-gatunek-niesporczaka-z-zadziwiajacymi-zdolnosciami>
- <https://www.rnz.co.nz/news/national/476420/new-species-of-microscopic-creatures-found-living-in-new-zealand-s-glaciers>

- <https://www.sci.news/biology/glacier-tardigrades-11270.html>
- <https://www.sciencealert.com/scientists-have-literally-unearthed-a-whole-new-species-of-tardigrade>
- <https://www.sciencealert.com/brand-new-species-tardigrade-discovered-rock-japan-carpark-macrobiotus-shonaicus-hufelandi>
- <https://www.sci.news/biology/new-species-tardigrade-japan-05784.html>
- <https://blog.pensoft.net/2021/05/31/guest-blog-post-new-tardigrade-species-honours-eurovision-song-contest-winner/>
- <https://www.ibtimes.com/new-tardigrade-species-named-after-eurovision-winner-3213632>

We wszystkich niedawno przyznanych projektach badawczych NCN, o których wspominałem powyżej, zaplanowane są również akcje mające na celu popularyzację wyników naszych badań a tym samym wiedzy o niesporczakach (warsztaty, prelekcje, artykuły popularnonaukowe). Dlatego też, jestem przekonany, że zaprezentowane powyżej doniesienia prasowe o badaniach, które prowadzę bądź w których uczestniczę, nie są ostatnimi.