

Robert Lenartowski
Katedra Biologii Komórkowej i Molekularnej
Wydział Nauk Biologicznych i Weterynaryjnych
Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu
ul. Lwowska 1, 87-100 Toruń
rlenart@umk.pl

Toruń 05.03.2021

RECENZJA

osiągnięcia habilitacyjnego oraz aktywności naukowej Pani dr Barbary Uszczyńskiej-Ratajczak w związku z postępowaniem o nadanie stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauk biologicznych

Podstawa prawna i ocena formalna

Poniższa recenzja została przygotowana w oparciu o następującą dokumentację: dane kontaktowe, kopię dokumentu potwierdzającego nadanie stopnia doktora, autoreferat w języku polskim i angielskim, wykaz opublikowanych prac naukowych lub twórczych prac zawodowych oraz informacje o współpracy naukowej, odbytych stażach, działalności dydaktycznej i popularyzującej naukę, oświadczenia współautorów określających indywidualny wkład w powstanie publikacji wchodzących w skład osiągnięcia naukowego, kopie publikacji wchodzące w skład osiągnięcia naukowego oraz potwierdzenie odbycia stażu podoktorskiego w CRG w Barcelonie. Przedstawiona dokumentacja (także w wersji elektronicznej) jest kompletna i spełnia wymogi formalne, co umożliwiło przygotowanie oceny i zajęcie stanowiska w postępowaniu o nadanie stopnia doktora habilitowanego Pani dr Barbarze Uszczyńskiej-Ratajczak.

Sylwetka Habilitantki

Doktor Barbara Uszczyńska-Ratajczak jest absolwentką Wydziału Chemicznego Politechniki Wrocławskiej oraz Wydziału Biologii Uniwersytetu Adama Mickiewicza w Poznaniu. Pierwsza z dwóch prac magisterskich pt. "si-RNA mediated gene silencing of integrin $\beta 3$ expression inhibits metastatic potential of A459 cells" została obroniona w 2008 roku na kierunku Biotechnologia Wydziału Chemicznego, natomiast druga pt. "Wirtualne laboratorium genomyczne" w 2011 roku na kierunku Bioinformatyka Wydziału Biologii. Swoje zainteresowania z obszaru problematyki dotyczącej metod wysokoprzepustowych Habilitantka rozwijała w Instytucie Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk, w którym otrzymała stopień doktora. Podstawą jego nadania była rozprawa doktorska pt. „Optymalizacja ścieżek analizy danych niestandardowych uzyskiwanych przy użyciu mikromacierzy DNA”. W latach 2013-2016 dr Uszczyńska-Ratajczak odbyła staż podoktorski w Centre for Genomic Regulation z siedzibą w Barcelonie (Hiszpania), po czym była zatrudniona na stanowisku adiunkta w Centrum Nowych Technologii Uniwersytetu Warszawskiego (2017-2019). Od 2019 roku do chwili obecnej dr Uszczyńska-Ratajczak kontynuuje karierę naukową jako starszy badacz w Międzynarodowym Instytucie Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie.

Ocena osiągnięcia habilitacyjnego

Przedstawione do oceny osiągnięcia naukowe pt. „Genomiczna charakterystyka długich niekodujących RNA w genomach człowieka i myszy” składa się z trzech współautorskich prac - dwie z nich obejmują oryginalne wyniki badań (H1 i 2), natomiast jedna jest pracą przeglądową (H3).

H1. Julien Lagarde*, Barbara Uszczyńska-Ratajczak*, Javier Santoyo-Lopez, Jose Manuel Gonzalez, Electra Tapanari, Jonathan M. Mudge, Charlie Steward, Laurens Wilming, Andrea Tanzer, Cédric Howald, Jacqueline Chrast, Alicia Vela-Boza, Antonio Rueda, Francisco J. Lopez-Domingo, Joaquin Dopazo, Alexandre Reymond, Roderic Guigó & Jennifer Harrow, Extension of human lncRNA transcripts by RACE coupled with long read high-throughput sequencing (RACE-Seq) *Nat Commun.* 17(7), 12339, 2016. IF (2016): 12,454, punkty MNiSW: 45, liczba cytowań: 27

H2. Julien Lagarde*, Barbara Uszczyńska-Ratajczak*, Silvia Carbonell, Silvia Perez-Lluch, Amaya Abad, Carrie Davis, Thomas Gingeras, Adam Frankish, Jennifer Harrow, Roderic Guigó, Rory Johnson High-throughput annotation of full-length long noncoding RNAs with capture long-read sequencing, *Nat Genet.* 49(12),1731-1740, 2017. IF (2017): 27,125, punkty MNiSW: 50, liczba cytowań: 64

H3. Barbara Uszczyńska-Ratajczak, Julien Lagarde, Adam Frankish, Roderic Guigó and Rory Johnson, Towards a complete map of the human long non-coding RNA transcriptome, *Nat Rev Genet.* 19(9), 535-548, 2018. IF (2018): 43,704, punkty MNiSW: 50, liczba cytowań: 83

Prace zostały opublikowane w latach 2016-2018 w czasopismach znajdujących się w bazie Journal Citation Reports (JCR). Sumaryczny współczynnik oddziaływania (IF) dla tych trzech prac jest równy 83,283, liczba punktów zgodnie z wykazem czasopism naukowych wraz z liczbą punktów przyznanych za publikacje naukowe w tych czasopismach MNiSW wynosi 145, a liczba cytowań wg Web of Science to 174. Natomiast łączny indeks Hirsch'a jest równy 9 (włączając prace spoza osiągnięcia habilitacyjnego). Wszystkie wartości wskaźników podano zgodnie z rokiem opublikowania prac bez uwzględnienia nowej punktacji. Należy podkreślić, że wskaźniki bibliometryczne każdej publikacji są bardzo wysokie. Kandydatka dwukrotnie jest jednym z dwóch autorów wiodących, natomiast w pracy przeglądowej jej nazwisko znajduje się na pierwszej pozycji. Z oświadczeń dr Uszczyńskiej-Ratajczak wynika, że jej wkład w badania oraz proces publikacyjny waha się w zakresie 30-50%. Z obowiązku recenzenta, muszę zwrócić uwagę na opis wykonanych przez dr Uszczyńską-Ratajczak działań na etapie powstawania i publikacji pracy H1, który jest niezwykle lapidarny. Dopiero lektura dokumentów przedłożonych przez współautorów, a także deklaracja równego udziału zawarta w samej publikacji, uzupełnia ten pierwotnie nieco niekompletny obraz. Kandydatka uczestniczyła w planowaniu części eksperymentalnej i bioinformatycznej wykonywanych projektów, przygotowaniu narzędzi niezbędnych do analizy jak i w samej analizie danych oraz brała aktywny udział w procesie powstawania manuskryptów. Uwzględniając powyższe fakty, udział dr Uszczyńskiej-Ratajczak w publikacjach stanowiących osiągnięcie habilitacyjne oceniam jako znaczący. Na szczególną uwagę zasługuje ich wartość naukowa, gdyż były publikowane na łamach prestiżowych czasopismach, takich jak *Nature Communications*, *Nature Genetics* czy *Nature Reviews Genetics*, znanych z bardzo restrykcyjnego procesu recenzji. Pewien niedosyt może powodować jedynie liczba prac eksperymentalnych stanowiących osiągnięcie habilitacyjne, co bez wątpienia wzmocniłoby moją i tak wysoką ocenę.

Tematyka osiągnięcia habilitacyjnego wpisuje się w nurt niezwykle istotnego lecz mało poznanego zagadnienia, jakim jest biologiczna funkcja długich niekodujących RNA (lncRNA). Wykazano, że przynajmniej część z całej populacji dotychczas poznanych lncRNA ma znaczenie funkcjonalne i jest zaangażowana w przebieg istotnych procesów komórkowych, a także patogenezę. Napotykanie podczas opisywania lncRNA trudności wynikają z niskiego poziomu zachowania ewolucyjnego ich sekwencji oraz braku elementów uważanych za strukturalne dla tych cząsteczek. Okoliczność ta uniemożliwia sprawne powiązanie budowy lncRNA z pełnią funkcji u spokrewnionych jak i odrębnych filogenetycznie organizmów. Podstawą rozwiązania tego złożonego problemu biologii lncRNA jest sprawny proces identyfikacji tych cząsteczek zależny od zastosowanej metody sekwencjonowania oraz dalszych etapów analizy bioinformatycznej pozyskanych odczytów.

Odpowiednio dobrana metodologia przekłada się bowiem na dwa niezwykle ważne aspekty - reprezentatywność tworzonego katalogu lncRNA oraz jakość zdeponowanych w nim modeli.

Dlatego głównym celem naukowym Habilitantki było otrzymanie map genowych lncRNA wysokiej jakości dla myszy i człowieka. Założony cel dr Uszczyńska-Ratajczak osiągnęła w wyniku realizacji następujących zadań:

1. opracowania ukierunkowanych, wysokoprzepustowych metod opartych na technice sekwencjonowania trzeciej generacji za pomocą długich odczytów oraz uproszczeniu i zautomatyzowaniu procesu konstruowania wysokiej jakości katalogu lncRNA, przy zachowaniu parametru dokładności;
2. poprawę jakości istniejących modeli transkryptów oraz uzupełnienie katalogu referencyjnego GENCODE o brakujące lncRNA myszy i człowieka;
3. weryfikację genomowych cech lncRNA z użyciem ulepszonych katalogów;
4. ocenę i systematyczną analizę porównawczą dostępnych katalogów lncRNA.

H1. Habilitantka opracowała metodę identyfikacji i katalogowania lncRNA - RACE-seq, która była pierwszą udaną próbą zastosowania celowanego sekwencjonowania RNA do analizy lncRNA. Polegała ona na połączeniu techniki RACE z sekwencjonowaniem metodą odczytów o średniej długości (RACE-seq). Zaproponowane podejście metodyczne, w którym posłużono się tą czułą metodą sekwencjonowania pozwoliło na usprawnienie procesu opisu lncRNA, identyfikację nowych transkryptów, wydłużenie jednego lub obu końców modeli lncRNA oraz granic *loci* lncRNA w badanych tkankach ludzkich. Zmapowano także wcześniej nieopisane elementy lncRNA oraz miejsca startu transkrypcji (TSS), z których część została pozytywnie zweryfikowana przez dane CAGE. Tym samym, otrzymane wyniki potwierdziły, że lncRNA człowieka zebrane w katalogu GENCODE v7 były niekompletne zarówno pod względem jakościowym jak i ilościowym. Dane transkryptomiczne uzupełniły wiedzę dotyczącą lncRNA i stały się podstawą do sformułowania przez Habilitantkę krytycznych wniosków dotyczących ograniczeń stosowanej przez nią metody RACE-seq. Jest to m.in. niekompletność pozyskiwanych sekwencji, niska średnia długość odczytu transkryptów oraz niedoreprezentowanie tych, które ulegały ekspresji na niskim poziomie. Dr Uszczyńska-Ratajczak zarekomendowała użycie innych metod do pełniejszej charakterystyki transkryptów lncRNA i kodujących je genów.

H2. Pokonanie ograniczeń związanych ze skalowalnością metody RACE-seq wymagało od Habilitantki zastosowania techniki CLS – (RNA Capture Long Sequencing), polegającej na połączeniu procesu wzbogacania wybranych regionów z sekwencjonowaniem metodą długich odczytów PacBio. W oparciu o sondy komplementarne do wybranych, niekodujących regionów genomowych myszy i człowieka, Habilitantka wyłoniła unikalne transkrypty lncRNA oraz lncRNA pełnej długości w badanych strukturach/tkankach/liniach komórkowych obu gatunków, które nie były dotąd opisane w literaturze fachowej. To pionierskie podejście pozwoliło na ulepszenie istniejących modeli lncRNA, co potwierdzono w trakcie porównania transkryptów otrzymanych tą metodą ze zrekonstruowanymi z danych Illumina HiSeq. Uzupełniono również wiedzę dotyczącą sekwencji lincRNA oraz poprawiono jakość modeli tych cząsteczek. Co niemniej istotne, weryfikacja manualna walidacja wyników otrzymanych przez Habilitantkę, wykonana przez zespół konsorcjum GENCODE, wykazała wysoką jakość opublikowanych danych. W końcowym etapie utworzono testowy katalog GENCODE+, powstały z połączenia zestawów lncRNA z GENCODE v20 i CLS dla myszy i człowieka. W ramach automatyzacji procesu analizy odczytów, opracowano wysokoprzepustowe narzędzie do katalogowania genów, na podstawie szeregu istotnych dla utworzenia takiego katalogu parametrów bioinformatycznych,

stosując jednocześnie strategię „kontrolowanego łączenia”. Metoda ta umożliwiła uzyskanie większej liczby transkryptów w porównaniu ze standardowymi metodami łączenia odczytów. Otrzymanie wysokiej jakości katalogu lncRNA pozwoliło na weryfikację poglądów dotyczących budowy tych cząsteczek. Wyniki dr Uszczyńskiej-Ratajczak dokumentują około dwukrotnie większą długość lncRNA oraz liczbę budujących je eksonów w porównaniu z opisywanymi w literaturze, a także niewielki potencjał kodowania białka w obrębie zanalizowanej populacji transkryptów. Jednocześnie wykazano, że eksony lncRNA są zachowywane w toku ewolucji na niskim poziomie, inaczej niż obszary w obrębie TSS. Analiza porównawcza promotorów genów lncRNA i kodujących białka, obejmująca potencjalne interakcje z czynnikami regulatorowymi oraz zmiany epigenetyczne w ich sekwencji, pozwoliła na wskazanie uniwersalnych (obecność histonów H3K4me3 i H3K9ac) jak i unikalnych dla lncRNA cech dotyczących architektury tych obszarów (wiązanie białka CTCF, obecność histonów H3K9me3 i H3K27me3). To bardzo ważne informacje uzupełniające dotychczasową wiedzę nt. lncRNA. W podsumowaniu tej publikacji dr Uszczyńska-Ratajczak wskazała możliwość ewentualnych modyfikacji znoszących ograniczenia metody CLS pod kątem niekompletności końców transkryptu.

H3. Praca przeglądowa Habilitantki została zamieszczona w czasopiśmie *Genetics* o bardzo wysokich wskaźnikach bibliometrycznych. Poruszane w niej zagadnienia dotyczą faktów/problemów związanych z tworzeniem katalogu lncRNA, oceną jego jakości, właściwymi sposobami wykorzystania zdeponowanych w nim danych oraz wskazaniem standardów ilościowych umożliwiających ocenę i porównanie katalogów lncRNA. Omówiono także problem rozwoju technik głębokiego sekwencjonowania w kontekście wpływu na proces poprawnego opisanie i definiowania transkryptomu lncRNA badanego organizmu. W oparciu o przyjęte parametry, Habilitantka wykonała test jakości wybranych katalogów lncRNA (NONCODE, MiTranscriptome, FANTOM CAT, RefSeq, GENCODE, BIGTranscriptome i GENCODE+). Miało to na celu oszacowanie poziomu kompletności, kompleksowości jak i stopnia wyczerpania *locus* dla lncRNA. Posługując się autorskim oprogramowaniem buildLoci definiującym granice genów, dr Uszczyńska-Ratajczak wykazała brak korelacji między kompleksowością a kompletnością analizowanego katalogu. Katalogi o wysokim stopniu kompleksowości, tj. wysokiej liczbie genów, charakteryzował niski odsetek kompletnych modeli, podczas gdy te o wysokim odsetku takich modeli okazywały się być najmniej kompleksowe. Jednocześnie podjęta w pracy przeglądowej analiza wskazuje, że katalog GENCODE (po zastosowaniu nowych metod sekwencjonowania trzeciej generacji) może stać się kluczowym narzędziem w badaniach lncRNA. Wynik ten potwierdza także trafność zastosowania techniki CLS do analizy lncRNA oraz wskazuje na jakość otrzymanych przez dr Uszczyńską-Ratajczak danych. Ponadto, w pracy omówiono problemy techniczne wpływające na proces pozyskania, identyfikacji i opisu lncRNA, które determinują jakość tworzonego katalogu. Habilitantka zwraca uwagę, że badanie organizmów wielokomórkowych naraża szereg trudności ze względu na nie w pełni zdeterminowany wzorzec ekspresji genów, upatrując usprawnienie procesu identyfikacji transkryptów w metodzie sekwencjonowania pojedynczej komórki. Omawiana praca przeglądowa znalazła uznanie w środowisku naukowym zajmującym się poruszaną w niej problematyką, na co bezpośrednio wskazuje wysoki współczynnik jej cytowań.

Podsumowując, przedłożone do oceny osiągnięcia habilitacyjne to dwie eksperymentalne prace naukowe i jedna przeglądowa powiązane tematycznie i podejmujące problem genomycznej charakterystyki długich niekodujących RNA myszy i człowieka. Habilitantka skupiła swoją uwagę na rozwinięciu oryginalnej metodyki badawczej pozwalającej na usprawnienie procesu identyfikacji i opisywania lncRNA. Zastosowała efektywne metody sekwencjonowania wysokoprzepustowego

powiązane z analizą *in silico* otrzymanych odczytów, co znalazło swoje odzwierciedlenie w ulepszeniu istniejących modeli transkryptów, wyłonieniu nowych lncRNA oraz ich *locus*, a także weryfikację genomycznych cech lncRNA. Otrzymane wyniki zostały opublikowane w prestiżowych czasopismach specjalistycznych i spotkały się z zainteresowaniem świata nauki, o czym świadczy łączna, wysoka liczba cytowań. W mojej ocenie Habilitantka wniosła istotny wkład w rozwój wiedzy dotyczącej przedmiotu badań. Ponadto, prezentowane przez dr Uszczyńską-Ratajczak podejście badawcze sprawia, że jest specjalistką konsekwentnie i twórczo rozwijającą swój warsztat badawczy. Jestem przekonany, że w najbliższej przyszłości, w oparciu o zdobyte doświadczenia, aspekt rozwoju kolejnych metod identyfikacji lncRNA, w którym porusza się z takim powodzeniem, zostanie zrównoważony przez oryginalną tematykę badawczą zespołu, któremu będzie przewodzić Habilitantka.

Ocena aktywności naukowej

Poza artykułami stanowiącymi osiągnięcia habilitacyjne w skład dorobku naukowego dr Uszczyńskiej-Ratajczak wchodzi 13 prac, w tym jedna bez współczynnika IF w roku jej wydania. Wszystkie prace są współautorskie i zostały opublikowane w latach 2012-2019. Habilitantka dwukrotnie była pierwszym autorem, czterokrotnie jednym z dwóch autorów wiodących oraz czterokrotnie jej nazwisko znalazło się na drugiej pozycji. Udział procentowy wahający się między 10 a 50% wskazuje na zróżnicowany stopień zaangażowania dr Uszczyńskiej-Ratajczak w proces publikacyjny. Tematyka prac dotyczyła szeregu istotowych problemów biologii molekularnej w różnych układach modelowych zespolonych wspólnym mianownikiem, jakim są analizy wysokoprzepustowe. Pomijając dotychczasowe zainteresowania, Habilitantka pracowała również nad: identyfikacją nowych wariantów eksonowych genów zaangażowanych w encefalopatie, wpływem dysfunkcji mitochondriów na proces ontogenezy, diagnostyką ostrej białaczki szpikowej, analizą transkryptomu zwierzęcego modelu choroby Alzheimera i wyłonieniem homologów włączonych w ten proces u człowieka, wykrywaniem i identyfikacją bakteryjnych i wirusowych patogenów kukurydzy, opracowaniem metody badania zmienności liczby kopii wybranych segmentów DNA, badaniem roli integryn $\beta 3$ w procesie przetrwania komórek czerniaka myszy. W trakcie tych badań Habilitantka była konsekwentnie zaangażowana w roli bioinformatyka oraz eksperymentatora i odpowiadała za przeprowadzenie analiz oraz opisywanie danych pozyskanych metodami wysokoprzepustowymi. Brała aktywny udział w pisaniu manuskryptów, analizie wyników eksperymentów z użyciem spektroskopii mas, przygotowaniu i testowaniu mikromacierzy, w tym otrzymanych metodą „click”, planowaniu eksperymentów wyciszenia genów integryn $\beta 3$, klasyfikacji próbek za pomocą algorytmu Expectation Maximization czy opracowaniu schematu postępowania prowadzącego do wyłaniania najefektywniejszej metody normalizacji dla danych pozyskanych w eksperymentach z użyciem mikromacierzy. W pracy przeglądowej analizowała mechanizmy odpowiedzialne za regulację procesu translacji w odpowiedzi na stres mitochondrialny.

Sumaryczna wartość współczynnika IF dla publikacji, które nie stanowią osiągnięcia habilitacyjnego wynosi 57,032, natomiast liczba cytowań według bazy Web of Science to 287. Należy podkreślić, że oba wskaźniki bibliometryczne oraz sama liczba prac wchodzących w skład pozostałego dorobku naukowego zasługują na uwagę na tym etapie rozwoju naukowego Habilitantki.

Dr Uszczyńska-Ratajczak realizowała z powodzeniem istotną aktywność naukową poza macierzystą jednostką badawczą, co jest wymogiem ustawowym w ubieganiu się o stopień dr. habilitowanego. Warunek ten został przez Kandydatkę spełniony dobitnie. Habilitantka obroniła doktorat w Instytucie Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu. Wyniki prac H1 i 2 stanowiące osiągnięcia habilitacyjne zostały uzyskane w trakcie stażu podoktorskiego w CRG w Barcelonie, zaś w

pracy przeglądowej H3 dr Uszczyńska-Ratajczak wykazuje afiliację Centrum Nowych Technologii Uniwersytetu Warszawskiego. Podobne jak wyżej, wymienione afiliacje są wykazywane w publikacjach, które nie wchodziły w skład osiągnięcia habilitacyjnego. Fakty te dokumentują bardzo wysoką mobilność Habilitantki i jej zdolność do pracy w różnych zespołach badawczych.

Wyniki badań, w których uczestniczyła dr Uszczyńska-Ratajczak były przedstawiane na 12. międzynarodowych i krajowych konferencjach naukowych. Pięciokrotnie były to doniesienia w formie prezentacji, w tym wykonanych podczas warsztatów dotyczących problematyki związanej z lncRNA, sześciokrotnie w formie plakatów i jednokrotnie podczas udziału w dyskusji naukowej. Od 2013 roku Habilitantka jest także członkiem sieci GENCODE Gene Annotation Project, który jest organem finansującym projekty badawcze.

Podczas stażu podoktorskiego Habilitantka była wykonawcą projektu GENCODE dotyczącego identyfikacji lncRNA człowieka i myszy (faza II projektu). Jej umiejętności, wiedza oraz zdolność do pracy w międzynarodowym zespole naukowym zostały przyjęte z uznaniem i skutkowały zaproszeniem do współpracy także w III fazie realizacji projektu. Na szczególną uwagę zasługuje aktywność w procesie zdobywania środków pozauczelnianych na prowadzone przez siebie badania. Habilitantka była kierownikiem dwuletniego projektu badawczego POLONEZ 3 pt. „Principles of mitochondrial protein compartmentalization in vertebrates”, a obecnie kieruje trzyletnim grantem otrzymanym w konkursie OPUS16 pt. „Po ciemnej stronie genomu: Identyfikacja długich, niekodujących RNA w genomie *Danio rerio*”.

Działalność dr Uszczyńskiej-Ratajczak na rzecz środowiska naukowego dotyczyła ponadto procesu kształcenia kadry naukowej oraz pacy w roli eksperta. Habilitantka jest promotorem przewodu doktorskiego, pełniła opiekę naukową nad trójką doktorantów, w tym dwóch podczas stażu podoktorskiego odbywanego w CGR w Barcelonie. Ponadto, dr Uszczyńska-Ratajczak jest ekspertem ds. projektów wdrożeniowych w Narodowym Centrum Badań i Rozwoju (NCBiR) oraz SMEI Komisji Europejskiej, przewodniczy pracom w panelu zajmującym się projektami wdrożeniowymi NCBiR, a także wykonała dwie recenzje manuskryptów dla redakcji czasopism *Communications Biology* i *Frontiers in Genetics*.

Osiągnięcia na polu badawczym dr Uszczyńskiej-Ratajczak były zauważane i doceniane przez gremia naukowe. Habilitantka otrzymała wsparcie finansowe dla doktorantów w ramach programu „Wsparcie stypendialne dla doktorantów na kierunkach uznanych za strategiczne z punktu widzenia rozwoju Wielkopolski”, nagrodę dyrektora Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN za najlepszą pracę eksperymentalną oraz prestiżowe stypendium naukowe dla wybitnego młodego naukowca ufundowane przez MNiSW w latach 2018-2021.

Całokształt działalności naukowej Habilitantki oceniam pozytywnie. Dr Uszczyńska-Ratajczak wykazuje wysoką aktywność w ramach współpracy naukowej i dyskontuje jej wyniki w formie publikacji, efektywnie pozyskuje fundusze na prowadzone przez siebie projekty badawcze oraz bierze udział w kształceniu nowych kadr naukowych.

Podsumowując, uważam że dr Barbara Uszczyńska-Ratajczak posiada w dorobku osiągnięcia habilitacyjne, stanowiące znaczny wkład w rozwój dyscypliny oraz wykazuje się istotną aktywnością naukową realizowaną w więcej niż jednej uczelni/instytucji naukowej. W związku z tym stwierdzam, że Habilitantka spełnia wymagania stawiane osobom ubiegającym się o nadanie stopnia doktora habilitowanego, określone w art. 219 ustawy z dnia 20 lipca 2018 roku Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U, z 2018 r, poz. 1668 ze zm.) i popieram wnioszek o nadanie Kandydatce stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne.