



WYDZIAŁ BIOLOGII
I OCHRONY
ŚRODOWISKA
Uniwersytet Łódzki



AUTOREFERAT

Dr Tomasz Rewicz

Katedra Zoologii Bezkręgowców i Hydrobiologii,
Wydział Biologii i Ochrony Środowiska,
Uniwersytet Łódzki

Łódź, 2026

1. Imię i nazwisko: Tomasz Rewicz
2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe lub artystyczne – z podaniem podmiotu nadającego stopień, roku ich uzyskania oraz tytułu rozprawy doktorskiej:

2015: Stopień doktora nauk biologicznych w zakresie ekologii. Stacjonarne Studium Doktoranckie Ekologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki. Tytuł pracy: **“Phylogeography of an invasive amphipod, *Dikerogammarus villosus*, in Europe”**. Rozprawa doktorska w języku angielskim. Promotor: prof. dr hab. Michał Grabowski, Katedra Zoologii Bezkręgowców i Hydrobiologii, Uniwersytet Łódzki. Kopromotor: prof. Thierry Rigaud, Equipe Ecologie Evolutive, Biogeosciences, Universite de Bourgogne

2009: Tytuł zawodowy magistra w zakresie ekologii i ochrony wód, Uniwersytet Łódzki, Katedra Zoologii Bezkręgowców i Hydrobiologii. Tytuł pracy magisterskiej: **„Strategie łowieckie dwóch gatunków trzyszczu: *Cicindela hybrida hybrida* Linnaeus, 1758 i *Calomera littoralis nemoralis* Olivier, 1890 (Coleoptera: Cicindelidae)”**. Promotor: dr Radomir Jaskuła, Katedra Zoologii Bezkręgowców i Hydrobiologii, UŁ.

3. Informacja o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych lub artystycznych.

Od marca 2018: Zatrudniony na stanowisku adiunkta w Katedrze Zoologii Bezkręgowców i Hydrobiologii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki

Od września 2017 do lutego 2018: zatrudniony na stanowisku biologa w grupie pracowników naukowo-technicznych w Katedrze Zoologii Bezkręgowców i Hydrobiologii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki

Od października 2014 do sierpnia 2017: zatrudniony na stanowisku biologa w grupie pracowników naukowo-technicznych w Pracowni Obrazowania Mikroskopowego i Specjalistycznych Technik Biologicznych, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki

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.).

4.1 Tytuł osiągnięcia naukowego:

Główne osiągnięcie naukowe stanowi cykl siedmiu (P1 – P7) powiązanych tematycznie publikacji naukowych z lat 2020-2025 pod wspólnym tytułem:

Ocena różnorodności gatunkowej i dynamiki populacji wybranych stawonogów przy pomocy markerów DNA

- 4.2 Wykaz publikacji naukowych stanowiących podstawę osiągnięcia naukowego

Tabela 1 *Lista publikacji wchodzących w skład osiągnięcia naukowego zgłoszonego we wniosku habilitacyjnym wraz z opisem mojego udziału w ich powstaniu. Dane dotyczące wskaźników IF za 2024 rok pochodzą z Journal Citation Reports z bazy Clarivate (<https://jcr.clarivate.com/>).*

L.p.	Publikacje oraz wkład w ich powstanie	IF2024
P1.	<p>Rewicz, T*, Tończyk, G., Trębicki, Ł., Gadawski, P., Mamos, T., Pešić, V., Zawal, A., & Grabowski, M. (2023). DNA barcode-based survey documents underestimated diversity and intricate phylogeographic patterns of aquatic Heteroptera in an endangered Balkan biodiversity hotspot: ancient Lake Skadar basin. <i>Biodiversity and Conservation</i>, 32(12), 4111-4138. DOI: 10.1007/s10531-023-02686-9.</p> <p>Wkład: współudział w przygotowaniu koncepcji pracy, zbieranie materiału w terenie, udział w pracy laboratoryjnej, zarządzanie danymi oraz wykonanie analiz, przygotowanie części rycin, wiodąca rola w interpretacji wyników, współprzygotowanie pierwszej wersji manuskryptu. Jako pierwszy autor publikacji i autor korespondencyjny odpowiadałem za przygotowanie odpowiedzi na recenzje oraz korektę pracy po recenzjach.</p>	3.1
P2.	<p>Rewicz, T*, Móra, A., Tończyk, G., Szymczak, A., Grabowski, M., Calleja, E. J., Perneckner, B., & Csabai, Z. (2021). First records raise questions: DNA barcoding of Odonata in the middle of the Mediterranean. <i>Genome</i>, 64(3), 196-206. DOI: 10.1139/gen-2019-0226</p>	1.7

	<p>Wkład: współudział w przygotowaniu koncepcji pracy, zbieranie materiału w terenie, nadzorowanie i wykonanie części pracy laboratoryjnej, zarządzanie danymi, przygotowanie rycin i tabel, wiodąca rola w interpretacji wyników, przygotowanie pierwszej wersji manuskryptu. Jako pierwszy autor publikacji i autor korespondencyjny odpowiadałem za przygotowanie odpowiedzi na recenzje oraz korektę pracy po recenzjach.</p>	
P3.	<p>Rewicz, A., Monzalvo, R., Myśliwy, M., Tończyk, G., Desiderato, A., Ruchisansakun, S., & Rewicz, T*. (2024). Pollination biology of <i>Impatiens capensis</i> Meerb. in non-native range. PLoS ONE, 19(6), e0302283. DOI: 10.1371/journal.pone.0302283</p> <p>Wkład: współudział w opracowaniu koncepcji badań, zbieranie materiału w terenie, wykonanie prac laboratoryjnych, wykonanie analiz dotyczących danych molekularnych, zarządzanie danymi molekularnymi, pozyskanie części funduszy na badania, współudział w powstaniu pierwszej wersji manuskryptu, jako autor korespondencyjny odpowiadałem za koordynację przygotowania odpowiedzi na recenzję oraz korekty pracy po recenzjach.</p>	2.6
P4.	<p>Jażdżewska, A. M., Rewicz, T., Mamos, T., Wattier, R., Bącela-Spychalska, K., & Grabowski, M. (2020). Cryptic diversity and mtDNA phylogeography of the invasive demon shrimp, <i>Dikerogammarus haemobaphes</i> (Eichwald, 1841), in Europe. NeoBiota, 57, 53-86. DOI: 10.3897/neobiota.57.46699</p> <p>Wkład: współudział w przygotowaniu koncepcji pracy, zebranie części prób w terenie, kuracja i zarządzanie danymi w bazach danych, zapewnienie części finansowania badań, wykonanie części analiz (IBD, MSN) i rycin, współprzygotowanie pierwszej wersji manuskryptu.</p>	3
P5.	<p>Copilaș-Ciocianu, D., Rewicz, T., Sands, A. F., Palatov, D., Marin, I., Arbačiauskas, K., Hebert, P.D.N., Grabowski, M., & Audzijonyte, A. (2022). A DNA barcode reference library for endemic Ponto-Caspian amphipods. Scientific Reports, 12(1), 11332. DOI: 10.1038/s41598-022-15442-w</p> <p>Wkład: współudział w przygotowaniu koncepcji pracy, zebranie części prób w terenie, zapewnienie części finansowania badań, wykonanie części prac laboratoryjnych, interpretacja wyników, wykonanie części odpowiedzi na recenzję.</p>	3.9

P6.	<p>Rewicz, T*, Desiderato, A., Barthel Svedén, J., Bacela-Spychalska, K., Mamos, T., & Bjelke, U. (2025). Ponto-Caspian amphipods (Crustacea, Amphipoda) and their microsporidian parasites recently established in Sweden. <i>Neobiota</i>, 101:243-275. DOI: 10.3897/neobiota.101.153292</p> <p>Wkład: wiodąca rola w przygotowaniu koncepcji pracy, nadzór nad pracą laboratoryjną, zarządzanie danymi oraz wykonanie części analiz (sieci haplotypowe), przygotowanie części rycin i map, wiodąca rola w interpretacji wyników, zapewnienie środków na badania, przygotowanie pierwszej wersji manuskryptu. Jako pierwszy autor publikacji i autor korespondencyjny miałem wiodącą rolę w przygotowaniu odpowiedzi na recenzję oraz korektę pracy po recenzjach.</p>	3
P7.	<p>Csapó, H., Krzywoźniak, P., Grabowski, M., Wattier, R., Bącela-Spychalska, K., Mamos, T., Jelić, M., & Rewicz, T*. (2020). Successful post-glacial colonization of Europe by single lineage of freshwater amphipod from its Pannonian Plio-Pleistocene diversification hotspot. <i>Scientific Reports</i>, 10(1), 18695. DOI: 10.1038/s41598-020-75568-7</p> <p>Wkład: współudział w przygotowaniu koncepcji pracy, zebranie części prób w terenie, nadzór nad pracą laboratoryjną, kuracja i zarządzanie danymi w bazach danych, współprzygotowanie pierwszej wersji manuskryptu. Jako ostatni autor publikacji i autor korespondencyjny miałem wiodącą rolę w przygotowaniu odpowiedzi na recenzję oraz korektę pracy po recenzjach.</p>	3.9

Oświadczenia współautorów publikacji składających się na osiągnięcie naukowe oraz kopie publikacji zostały umieszczone w załącznikach: oświadczenia współautorów (Załącznik 4), kopie publikacji (Załącznik 5)

4.3. Omówienie celu naukowego ww. prac i osiągniętych wyników

4.3.1. Wprowadzenie

Różnorodność biologiczna stawonogów jest kluczowym komponentem funkcjonowania wodnych i lądowych ekosystemów. W ostatnich dekadach obserwujemy jednocześnie dwa silne i przeciwstawne trendy. Z jednej strony – gwałtowny spadek liczebności gatunków rodzimych, w tym zapylaczy i organizmów wodnych wrażliwych na zmiany środowiskowe (Potts i in., 2010; Dudgeon i Strayer 2025); z drugiej – dynamiczny

wzrost liczby gatunków inwazyjnych w lokalnych ekosystemach (MacDougall i Turkington 2005). Te dwie tendencje zagrażają integralności sieci troficznych, strukturze populacji i stabilności biologicznej wielu siedlisk. Szybka i precyzyjna identyfikacja gatunków oraz ich struktury filogeograficznej, wykrywanie różnorodności kryptycznej, jak również śledzenie dróg i mechanizmów kolonizacji przez gatunki obce stają się dziś fundamentalnymi wyzwaniami badawczymi i wdrożeniowymi w zakresie ochrony bioróżnorodności (Hending 2025).

Jedną z ważnych odpowiedzi na te wyzwania są rozwijane już od ponad 30 lat metody molekularne, w tym barkoding DNA (DNA barcoding) oparty głównie na analizie fragmentu genu COI (cytochrom c oksydaza podjednostka I) oraz wykorzystanie innych markerów molekularnych, głównie fragmentów mitochondrialnego i jądrowego DNA (np. 16S, ATP8, ND5, 28S, ITS), do analiz filogeograficznych. Barkoding DNA, jako metoda szacowania zróżnicowania gatunkowego, został zdefiniowany i wprowadzony do badań nad bioróżnorodnością ponad dwie dekady temu przez Paula Heberta (Hebert i in., 2003). Publiczna baza Barcode of Life Data Systems (BOLD) zawiera już ponad 19 milionów sekwencji barkodów DNA o długości co najmniej 400 par zasad, przypisanych do około 1,5 miliona jednostek Barcode Index Number (BIN, Ratnasingham i Hebert 2013) – molekularnych jednostek operacyjnych, które w wielu przypadkach odpowiadają gatunkom biologicznym, choć nie zawsze są z nimi tożsame. Barkoding DNA umożliwia szybkie, powtarzalne i skuteczne rozróżnianie gatunków, w tym takich, których budowa morfologiczna jest niewystarczająca do dokładnej diagnozy taksonomicznej. Umożliwia ona identyfikację na podstawie fragmentów organizmów, stadiów młodocianych i nie posiadających wykształconych cech taksonomicznych. Inne markery DNA są szeroko stosowane w badaniach filogeograficznych oraz populacyjnych.

Na swojej drodze naukowej miałem szczęście dołączyć do zespołu zajmującego się biologią, ekologią i taksonomią skorupiaków obunogich, w skład którego wchodził prof. Krzysztof Jażdżewski, dr Alicja Konopacka oraz przede wszystkim moi opiekunowie i mentorzy – prof. Michał Grabowski i prof. Karolina Bącela-Spychalska. Grupa ta, działająca w Katedrze Zoologii Bezkręgowców i Hydrobiologii Uniwersytetu Łódzkiego, jest rozpoznawalna w skali światowej. Rozpocząłem studia doktoranckie i przygotowałem rozprawę pt. **Phylogeography of an invasive amphipod, *Dikerogammarus villosus*, in Europe** w ramach projektu „Co-phylogeography of the invasive amphipod *Dikerogammarus villosus* and its intracellular parasite *Cucumispora dikerogammari*”, finansowanego przez Ministerstwo Nauki

i Szkolnictwa Wyższego (N N304 350139) i kierowanego przez prof. Karolinę Bącelę-Spychalską, w którym pełniłem rolę głównego wykonawcy. Doświadczenie w badaniach molekularnych, które prof. Grabowski zdobył podczas pobytu w Gulf Coast Research Laboratory w Stanach Zjednoczonych, a prof. Bącela-Spychalska w University of Burgundy we Francji, umożliwiło mi rzetelne opanowanie tych technik w nowo tworzonego przez nasz zespół laboratorium molekularnym. Wcześniejsza współpraca członków zespołu z badaczami z Francji zaowocowała moimi licznymi pobytami na Uniwersytecie Burgundzkim w Dijon, gdzie pod kierunkiem dr. Rémięgo Wattiera i prof. Thierry'ego Rigauda rozwijałem kompetencje w zakresie genetyki populacyjnej oraz pracy w międzynarodowym zespole. W ramach pracy doktorskiej zajmowałem się filogeografią oraz strukturą populacyjną wybranego gatunku obunoga w jego rejonie rodzimym i nowo skolonizowanym w Europie, wykorzystując mitochondrialne markery COI i 16S oraz jądrowe markery mikrosatelitarne (Rewicz i in., 2015a, 2015b, 2017).

W przedstawionym osiągnięciu naukowym postanowiłem skupić się na: (1) Zastosowanie barkodingu DNA w ocenie różnorodności, identyfikacji gatunkowej i monitoringu rozmieszczenia stawonogów lądowych i wodnych w wybranych regionach Europy (Publikacje P1, P2, P3); (2) Zastosowanie markerów molekularnych w identyfikacji gatunkowej, badaniach filogeograficznych i populacyjnych inwazyjnych obunogów słodkowodnych w Europie (Publikacje P4, P5, P6, P7).

4.3.2. Cel naukowy badań

Cel 1. Zastosowanie barkodingu DNA w ocenie różnorodności, identyfikacji gatunkowej i monitoringu rozmieszczenia stawonogów lądowych i wodnych w wybranych regionach Europy

Wprowadzenie

Celem przedstawionego osiągnięcia było zastosowanie barkodowania DNA do analizy różnorodności gatunkowej wybranych makrobezkręgowców. Metoda ta została wykorzystana w badaniach nad pluskwiakami wodnymi z rejonu Jeziora Szkoderskiego na Bałkanach (Rewicz i in., 2023) oraz nad ważkami występującymi na archipelagu Malty (Rewicz i in., 2021).

Dodatkowo, barkodowanie DNA posłużyło do identyfikacji fauny zapylającej obcego niecierpka pomarańczowego (*Impatiens capensis*) w Polsce (Rewicz i in., 2024).

Celem badań przedstawionych w publikacji **Rewicza i in., (2023)** było stworzenie kompleksowej biblioteki barkodów DNA dla wodnych pluskwiaków (Heteroptera: Nepomorpha, Gerromorpha) zasiedlających rejon Jeziora Szkoderskiego – obszaru uznawanego za jedno z najważniejszych śródlądowych centrów endemizmu w Europie. Wyniki ujawniły niedoszacowaną różnorodność – wykryto 28 unikalnych BIN-ów dla 24 gatunków, co stanowi 63% znanej fauny tych organizmów w Czarnogórze, oraz dostarczyły pierwszych stwierdzeń dla czterech gatunków: *Micronecta poweri* (Douglas & Scott, 1869), *Hesperocorixa sahlbergi* (Fieber, 1848), *Notonecta viridis* Delcourt, 1909 oraz *Gerris lateralis* Schummel, 1832. Trzy gatunki, w których zidentyfikowano po dwa BIN-y, charakteryzowały się stosunkowo wysokimi wewnątrzgatunkowymi dystansami genetycznymi: *Notonecta maculata*, *Hydrometra stagnorum*, oraz *Nepa cinerea*, co sugeruje możliwą obecność gatunków kryptycznych. Wykazano również obecność niezidentyfikowanego gatunku z rodzaju *Velia* sp., który może być nowy dla nauki.

Badanie dostarczyło pierwszej tak rozbudowanej bazy referencyjnej barkodów DNA dla lokalnych populacji wodnych Heteroptera, wspierając działania konserwatorskie w regionie co prawda objętym ochroną w randze Parku Narodowego, jednak zagrożonym presją turystyczną, urbanizacyjną i kłusowniczą. Praca ta była efektem badań terenowych prowadzonych z Vladimirem Pešiciem w 2018 roku oraz realizowanego pod jego kierownictwem w latach 2019-2021 projektu ‘DNA barcode reference library as a tool for sustainable management of freshwater ecosystems in the highly threatened Lake Skadar Basin’, finansowanego przez Ministerstwo Nauki Czarnogóry, realizowanego we współpracy. Wieloletnia współpraca z prof. Pešiciem umożliwiła mi udział w badaniach dotyczących wodopójek z tego regionu, z rodzaju *Hygrobatas* Koch (Pešić i in., 2023a) oraz *Mideopsis* Neuman, 1880 (Pešić i in., 2023b), jak również w opracowaniu niedawno opublikowanej zbiorczej liście gatunkowej i bazy referencyjnej dla wodopójek Bałkanów (Pešić i in., 2025a) i Madery (Pešić i in., 2025b).

Brałem także udział w opisie nowego gatunku pijawki *Dina nesemanni* sp. nov., z rejonu Jeziora Szkoderskiego (Grosser i in., 2023). Choć nie były to prace, w których pełniłem wiodącą rolę, moje zaangażowanie – obejmujące częściowe dostarczenie i analizę danych molekularnych

(barkodów COI) – znacząco podniosło wartość tych opracowań i przyczyniło się do rozbudowy bazy referencyjnej dla Czarnogóry i regionu Bałkanów Zachodnich.

W pracy **Rewicz i in., (2021)** przedstawiłem pierwszą analizę zróżnicowania genetycznego ważek (Odonata) występujących na Malcie – wyspie charakteryzującej się bardzo ograniczonymi zasobami wodnymi oraz, z uwagi na izolację, unikatową fauną. W lutym 2018 roku przeprowadziliśmy dwutygodniowe badania terenowe na Malcie, kierowane przez Zoltána Csabaia i jego zespół z Uniwersytetu w Peczu (Węgry), we współpracy z lokalnym badaczem Emanem Calleją z Malta College of Arts, Science and Technology (Paola, Malta). Dzięki jego doskonałej znajomości terenu badań oraz kontaktom z lokalnymi mieszkańcami uzyskaliśmy dostęp do większości naturalnych i sztucznych zbiorników wodnych na zamieszkałych wyspach archipelagu maltańskiego – Malcie, Gozo i Comino – co pozwoliło osiągnąć wysoką reprezentatywność pobieranych prób.

Podczas ekspedycji zebraliśmy bogaty materiał fauny słodkowodnej z ponad 80 stanowisk. Szczegółowej analizie molekularnej poddano 80 larw ważek, należących do 10 gatunków oznaczonych wcześniej morfologicznie, co stanowi 53% znanej fauny ważek Malty. Dla ośmiu gatunków jednoznacznie przypisano sekwencje DNA do odpowiednich BIN-ów (Barcode Index Numbers). W przypadku dwóch gatunków – *Ischnura genei* oraz *Anax parthenope* – wykazano współdzielenie BIN-ów z blisko spokrewnionymi taksonami. W przypadku *I. genei* dotyczy to kompleksu gatunkowego obejmującego *I. elegans*, *I. graellsii* oraz *I. saharensis*, natomiast u *A. parthenope* obserwuje się współdzielenie BIN-a z *Anax imperator*. Zjawisko to może wynikać z introgresji mitochondrialnej w wyniku hybrydyzacji między gatunkami lub z niepełnego rozdziału linii rodowych, typowego dla stosunkowo młodych ewolucyjnie taksonów.

Utworzona baza danych stanowi istotny wkład w rozwój referencyjnej biblioteki barkodów DNA dla regionu śródziemnomorskiego – obszaru silnie przekształconego przez działalność człowieka, w tym intensywną urbanizację, nadmierne wykorzystywanie zasobów wodnych w rolnictwie oraz nasilające się zmiany klimatyczne. Zgromadzony materiał może służyć jako punkt wyjścia do przyszłych badań monitoringowych oraz pogłębionych analiz taksonomicznych w ekosystemach śródziemnomorskich. Co istotne, praca ta podkreśla

znaczenie budowania lokalnych bibliotek referencyjnych DNA w celu lepszego poznania rozmieszczenia oraz procesów ewolucyjnych kształtujących faunę wodnych owadów.

Badania te umożliwiły mi także nawiązanie i rozwinięcie współpracy międzynarodowej – ich efektem był m.in. mój udział w opublikowanej w tym samym roku zbiorczej pracy zawierającej sekwencje referencyjne dla ważek Europy Środkowej i Północnej (Geiger i in., 2021). Dwutygodniowy pobyt na Malcie przyczynił się również do zacieśnienia współpracy z Zoltánem Csabai, z którym kontynuuję badania nad różnorodnością bezkręgowców wodnych z wykorzystaniem barkodowania DNA.

Aktualnie trwają prace nad analizą pozostałych grup makrobezkręgowców z Malty. Równocześnie, dzięki mojej opiece nad studentem Uniwersytetu w Peczu, Zsoltem Kovácsem (opiekunem jest Zoltán Csabai), możliwa była realizacja wspólnych projektów dotyczących ochotkowatych (Chironomidae) Europy Środkowej (Boózi in., 2024) oraz taksonomicznych zawiałości w obrębie *Agabus uliginosus* i *A. lotti* (Dettner i in., 2024).

Praca **Rewicz i in., (2024)** koncentruje się na analizie zespołu zapylaczy północnoamerykańskiego gatunku niecierpka pomarańczowego (*Impatiens capensis*), introdukowanego do Europy i uznawanego w niektórych jej krajach za gatunek inwazyjny (Rewicz i in. 2022). Badaniami objęto cztery populacje zlokalizowane w północno-zachodniej Polsce, w rejonie Zalewu Szczecińskiego – jedynym (jak dotąd) obszarze występowania tego gatunku w naszym kraju. Bezkręgowce zbierano z kwitnących roślin metodą „na upatrzonego”, a następnie zastosowano podejście integrujące identyfikację morfologiczną i molekularną przy użyciu barkodingu DNA. Zidentyfikowano molekularnie 18 gatunków (dla pozostałych 2 nie udało się uzyskać sekwencji, zostały oznaczone morfologicznie). Spośród nich 17 uznano za efektywnych zapylaczy, a trzy za rabusiów nektaru (ang. *nectar robbers*).

Badania wykazały dominację owadów z rzędu błonkoskrzydłych (Hymenoptera, 75%) oraz muchówek (Diptera, 21%) w zespole odwiedzającym, a także potwierdziło wysoką komplementarność morfologiczną cech zapylaczy względem budowy kwiatów. Wyniki te dostarczyły danych na temat dostosowania lokalnych zapylaczy do nowo wprowadzonego, inwazyjnego gatunku rośliny oraz potwierdziło to użyteczność identyfikacji organizmów przy pomocy barkodowania DNA, przy dobrze rozbudowanej, porównawczej bibliotece referencyjnej. W tej pracy wykorzystałem metody molekularne by zilustrować złożoność interakcji roślina–zwierzę. Dodatkowym, praktycznym efektem było wzbogacenie krajowej

bazy referencyjnej barkodów DNA w ramach działań sieci PolBOL (Polish Barcode of Life, <https://www.polbol.uni.lodz.pl/> - omówione w pkt. 5).

Badania nad bezkręgowcami lądowymi z wykorzystaniem barkodowania DNA i markerów molekularnych rozwijałem już na wczesnym etapie kariery. W 2016 roku, w badaniach kierowanych przez promotora mojej pracy magisterskiej – dr. Radomira Jaskułę (Jaskuła i in., 2016), odpowiadałem za część molekularną, obejmującą uzyskanie i analizę wyników dotyczących filogeografii trzyszczka – *Calomera littoralis* – w regionie śródziemnomorskim i pontyjskim. Był to w pewnym sensie powrót do materiałów z czasów mojej pracy magisterskiej, gdyż zajmowałem się tym gatunkiem, a część materiału została zebrana przeze mnie podczas wspólnych wypraw, organizowanych przez dr. Jaskułę do Grecji (2008), Ukrainy (2011), Mołdawii, Rumunii i Bułgarii (2012). Barkodowanie DNA wykorzystałem także w kolejnej pracy, ukazującej bogactwo fauny zawleczonej w domowych terrariach (Jaskuła i in., 2019).

Kolejnym etapem mojego zaangażowania było pełnienie funkcji promotora pomocniczego w badaniach mgr Aleksandry Janiszewskiej, której rozprawa doktorska pt. ‘Czynniki warunkujące występowanie poliksenicznego ektopasożyta u ptaków zasiedlających odmienne nisze ekologiczne’ została złożona we wrześniu 2025 roku. Moje wsparcie dotyczyło zaprojektowania i selekcji markerów mikrosatelitarnych o wystarczającym poziomie zmienności dla pasożyta ptaków z rodziny wpleszczowatych – *Ornithomya avicularia* (Janiszewska i in., 2023), oraz opieka nad pracami laboratoryjnymi, oraz pomoc przy analizie danych na temat zróżnicowania genetycznego wpleszcza - *Ornithomya avicularia* zebranego z różnych grup (pod względem ekologii i siedlisk) ptaków żywicielskich (Janiszewska i in., 2025).

Obecnie aktywnie uczestniczę w rozwoju biblioteki barkodów DNA dla fauny bezkręgowców Polski. Mam również swój udział w niedawno opublikowanej pracy dotyczącej pierwszych stwierdzeń trzech gatunków muchówek z rodzaju *Sciophila* (Mycetophilidae) w Polsce (Pełczyńska i in., 2025), w której odpowiadałem za opracowanie danych barkodingowych.

Cel 2 Zastosowanie markerów molekularnych w identyfikacji gatunkowej, badaniach filogeograficznych i populacyjnych inwazyjnych obunogów słodkowodnych w Europie

Wprowadzenie

Celem przedstawionego osiągnięcia było zastosowanie markerów molekularnych do identyfikacji gatunkowej, analiz filogeograficznych oraz badań genetycznej struktury populacji inwazyjnych obunogów słodkowodnych w Europie. Markery mitochondrialne i jądrowe wykorzystano w analizie filogeografii *Dikerogammarus haemobaphes*, inwazyjnego gatunku z rejonu pontokaspjskiego, co pozwoliło na wykrycie zróżnicowania genetycznego w obrębie europejskich populacji oraz ujawnienie obecności kryptycznych linii filogenetycznych (Jażdżewska i in., 2020). Kolejnym etapem było stworzenie referencyjnej biblioteki barkodów DNA dla endemicznych pontokaspjskich obunogów, która umożliwi ich szybką identyfikację i stanowi podstawę do dalszych analiz biogeograficznych (Copilaş-Ciocianu i in., 2022). Metody molekularne zostały również zastosowane w badaniach nad kolonizowaniem wód śródlądowych Szwecji przez obunogi pontokaspjskie oraz towarzyszące im pasożyty wewnątrzkomórkowe (mikrosporidia) (Rewicz i in., 2025). Uzupełnieniem powyższych badań była analiza postglacialnej kolonizacji Europy przez słodkowodnego obunoga *Gammarus roeselii*, gdzie tylko jedna linia filogenetyczna wywodząca się z panońskiego centrum dywersyfikacji, skutecznie skolonizowała Europę Zachodnią i Środkową (Csapó i in., 2020).

Wiedzę na temat inwazyjnych gatunków obunogów zacząłem zdobywać wraz z rozpoczęciem badań do rozprawy doktorskiej, czerpiąc z bogatego doświadczenia członków zespołu, w którym pracowałem. Już na wczesnym etapie kariery, podczas realizacji pobocznego projektu pod kierownictwem prof. Michała Grabowskiego, dość nieoczekiwanie okazało się, że gatunek opisany z doliny Wisły pod Warszawą — nomen omen *Gammarus varsoviensis* — pochodzi z regionu pontyjskiego (tereny obecnej Ukrainy), a jego obecność na Niżu Środkowoeuropejskim to prawdopodobnie rezultat kolonizacji poprzez kanał Prypeć-Bug i dalej w kierunku zachodnim (Grabowski i in., 2012). Dalsze badania taksonomiczne i molekularne, prowadzone na bogatej kolekcji Amphipoda zgromadzonej przez członków zespołu z Katedry Zoologii Bezkręgowców i Hydrobiologii, umożliwiły pogłębienie wiedzy na temat rozmieszczenia geograficznego tych skorupiaków. Efektem tych prac była publikacja Rewicza i in. (2016) opisująca pierwsze stwierdzenie *Spirogammarus major* (wcześniej *Echinogammarus trichiatus* (Martynov, 1932)) oraz *Dikerogammarus villosus* (Sovinsky, 1894) w Turcji. Kolekcja ta była i nadal jest rozwijana głównie dzięki pracy prof. Michała Grabowskiego, prof. Karoliny Bąceli-Spychalskiej, dr. hab. Tomasza Mamosa, prof. Uł, a także mojemu osobistemu zaangażowaniu.

Wraz z dr hab. Anną Jażdżewską prowadziłem badania nad strukturą filogeograficzną populacji kolejnego gatunku z rodzaju *Dikerogammarus* – *D. haemobaphes*. Materiał zebrany podczas licznych wypraw terenowych pozwolił rozwinąć i dopełnić dane z pracy magisterskiej dr Jażdżewskiej, co umożliwiło publikację pracy **Jażdżewska i in., (2020)**. Przeanalizowanych zostało ponad 300 osobników z zarówno rejonu rodzimego, jak i nowo skolonizowanego (41 stanowisk) z wykorzystaniem mitochondrialnych markerów COI, 16S oraz nuklearnego 28S. Pozwoliło to na pełniejszą rekonstrukcję historii ewolucyjnej tego gatunku. W toku analiz molekularnych wykryto obecność dwóch głęboko zróżnicowanych genetycznie linii w obrębie badanego taksonu, których rozdzielenie oszacowano na około 5,1 miliona lat. Jedna z tych linii występuje wyłącznie w dorzeczu dolnego Dunaju, Dniestru oraz w rzekach uchodzących do północno-zachodniego rejonu Morza Czarnego. Druga linia, o szerszym zasięgu, obecna jest zarówno w regionie pierwotnego występowania (częściowo sympatrycznie z pierwszą), jak i w Europie Środkowej i Zachodniej – m.in. w dorzeczach Renu, Menu, Mozeli oraz dolnej Odry. Pomimo intensywnych badań morfologicznych nie udało się wskazać cech pozwalających jednoznacznie odróżnić te dwie linie. W obrębie tej drugiej, szerzej rozprzestrzenionej linii, zidentyfikowano dodatkowo sub-populację pochodzącą z rejonu Morza Kaspijskiego. Rozdział na odrębne linie czarnomorskie i kaspijskie występuje u wielu hydrobiontów pontokaspijskich (Cristescu i in., 2003; 2004; Cristescu i Hebert 2005) i wynika z burzliwej historii geologicznej tego rejonu. Poziom zmienność genetycznej w obszarach skolonizowanych pozostał na stosunkowo wysokim poziomie, co sugeruje, że *D. haemobaphes* rozprzestrzenia się nie tylko przez pojedyncze introdukcje, ale także przez wielokrotne i niezależne epizody kolonizacyjne (brak efektu bottle-neck).

Jednym z najważniejszych etapów mojej kariery było otrzymanie stypendium NAWA w ramach programu im. Bekkera. Możliwość realizacji projektu pt. "DNA barcoding and phylogeography of alien Ponto-Caspian amphipods, as a proxy to understand different invasion dynamics in main invasion corridors across Europe", pod opieką prof. Paula Heberta w Centre for Biodiversity Genomics w Guelph, Kanada, była nie tylko niezwykłą podróżą do światowego centrum badań nad barkodowaniem DNA, ale również spotkała się z dużym entuzjazmem ze strony samego prof. Heberta. Jest on bowiem współautorem, wraz z Melanią Cristescu, przełomowych prac dotyczących hydrobiontów pontokaspijskich (m.in. Cristescu i in., 2003; 2004; Cristescu i Hebert, 2005).

Badania przeprowadzone podczas tego pobytu umożliwiły opublikowanie wspólnej pracy z Denisem Copilașem-Ciocianu, moim bliskim współpracownikiem z Nature Research Centre w Wilnie (Litwa), poświęconej stworzeniu biblioteki referencyjnej DNA obunogów pontokaspijskich (**Copilaș-Ciocianu i in., 2022**). Główne cele tej pracy obejmowały opracowanie kompleksowej bazy barkodów DNA dla przedstawicieli obunogów z regionu pontokaspijskiego oraz ocenę ich wewnątrzgatunkowego zróżnicowania genetycznego i obecności potencjalnych dywergentnych linii filogenetycznych. Próbki pozyskano z 62 lokalizacji w basenach Morza Czarnego i Kaspijskiego, a dane zostały uzupełnione o dostępne sekwencje publiczne (m.in. Csabai i in., 2020). Uzyskano 239 sekwencji COI dla 57 morfogatunków, w tym wszystkich tych, które skolonizowały obszary poza swoim naturalnym zasięgiem geograficznym (inwazyjne w Europie).

Wyniki potwierdziły, że barkodowanie DNA jest skutecznym narzędziem do identyfikacji gatunków obunogów pontokaspijskich, a metody delimitacji gatunków oparte na odległościach genetycznych wykazują największą zgodność z klasyfikacją morfologiczną. Badania ujawniły również błędnie oznaczone taksonomicznie sekwencje DNA w publicznych bazach referencyjnych oraz obecność ukrytej różnorodności i niespójności taksonomicznych w niektórych gatunkach, które wymagają dalszych analiz. W rezultacie praca ta stanowi istotny wkład w europejską bazę referencyjną barkodów DNA dla organizmów wodnych, torując drogę do lepszego poznania taksonomii niezbędnej dla skutecznego monitoringu biologicznego i działań ochronnych.

Denis Copilaș-Ciocianu realizował w tym czasie staż podoktorski w Wilnie, koncentrujący się na różnorodności molekularnej obunogów pontokaspijskich. Nasza współpraca umożliwiła publikację tej znaczącej pracy oraz kontynuację wspólnych badań w ramach kolejnych projektów. Efektem tej współpracy była seria prac faunistycznych wykorzystujących dane molekularne, zrealizowanych m.in. we współpracy z Haliną Morhun (Gabrielczak) z (National Academy of Sciences of Ukraine, Institute of Marine Biology, Odessa, Ukraina). Po rozpoczęciu przez Rosję pełnoskalowej inwazji w lutym 2022 roku, została ona ewakuowana z Odessy i kontynuowała działalność naukową w Katedrze Zoologii Bezkręgowców i Hydrobiologii Uniwersytetu Łódzkiego (Morhun i in., 2022a; 2022b; Gabrielczak i in., 2025). Kolejną istotną publikacją była praca Copilaș-Ciocianu i in. (2023), która uporządkowała systematykę inwazyjnego w Europie gatunku *Spirogammarus major*,

przez wiele lat błędnie identyfikowanego jako *Chaetogammarus trichiatus*. Większość z wymienionych badań była możliwa dzięki wcześniej opublikowanej referencyjnej bibliotece barkodów i danych uzyskanych podczas stażu w Guelph.

Kolejnym etapem badań nad pontokaspijskimi hydrobiontami było uzyskanie przeze mnie finansowania z NCN w ramach projektu *Sonata*, pt. „Czy złe może stać się gorszym? Eksperymentalna ocena sukcesu dwóch zróżnicowanych genetycznie frontów inwazji skorupiaka *Dikeroqammarus villosus* i możliwości powstania superhybrydy o wyższym potencjale inwazyjnym”. Już wcześniejsze prace (Rewicz i in., 2015a, 2015b, 2016, 2017) wykazały bardzo niewielką zmienność wewnątrzgatunkową w obrębie markerów mitochondrialnych 16S i COI. Jednocześnie znane były dwie odrębne populacje, jedna pochodząca z Dunaju a druga z Dniepru, które niezależnie skolonizowały europejskie wody, lecz jak dotąd nie doszło do ich kontaktu.

Projekt zakładał eksperymentalne skrzyżowanie tych populacji i oszacowanie ich potencjału inwazyjnego – zarówno dla linii czystych, jak i hybrydowych. Ze względu na wysokie koszty i skomplikowaną metodologię, nie planowałem ponownego genotypowania przy użyciu markerów mikrosatelitarnych (Rewicz i in., 2015a, 2015b, 2017), potrzebne było nowe narzędzie, które pozwoliłoby na skuteczne rozróżnienie tych pochodzących z Dniepru i Dunaju populacji, które nadal pozostawały izolowane w skolonizowanych przez nie wodach Europy. Kluczowym etapem było uzyskanie pełnych genomów mitochondrialnych przedstawicieli obu populacji (Mamos i in. 2021). Były one podstawą do wytypowania zmiennych fragmentów mitogenomu zawierających charakterystyczne pojedyncze mutacje (SNP), umożliwiające jednoznaczne rozróżnienie populacji występujących w izolacji geograficznej.

Idealnym materiałem do testów okazały się próbki *Dikerogammarus villosus* pochodzące ze Szwecji, przesłane przez Ulfa Bjelke z Swedish Species Information Centre, z Uppsali. Było to pierwsze stwierdzenie tego gatunku w tym kraju, obok *Dikerogammarus haemobaphes* i *Pontogammarus robustoides*. W pracy **Rewicza i in. (2025)** udokumentowałem pierwsze stwierdzenia i pochodzenie geograficzne tych trzech inwazyjnych gatunków w wodach Szwecji, na podstawie barkodowania COI oraz dwóch nowo zaprojektowanych markerów mitochondrialnych (ATP8, ND5), wykazujących odpowiedni poziom zmienności u *D. villosus*.

Wyniki uzyskane z markerów mitochondrialnych sugerują, że wszystkie trzy gatunki zostały najprawdopodobniej wprowadzone do Szwecji w wyniku pojedynczych introdukcji, obejmujących niewielką liczbę osobników, na co wskazuje bardzo niska różnorodność genetyczna lokalnych populacji. Wskazano przy tym dwa potencjalne wektory introdukcji: rekreacyjne jednostki pływające oraz żeglugę z rejonu Morza Bałtyckiego. Nowo opracowane markery molekularne pozwoliły zidentyfikować populację źródłową *D. villosus* jako pochodzącą z Dunaju, która skolonizowała następnie Europę Zachodnią i jeziora w Alpach. Uzyskane lokalnie informacje wskazują na możliwość przemieszczenia jachtów z jezior alpejskich bezpośrednio do jeziora Wetter w Szwecji. Zarówno struktura genetyczna populacji z jezior alpejskich (Rewicz i in., 2017), jak i dane dotyczące zdolności przetrwania transportu przez ten gatunek (Bącela-Spychalska i in., 2013), potwierdzają wysokie prawdopodobieństwo takiego scenariusza.

Rozkład haplotypów oraz potencjał dyspersyjny *D. haemobaphes* i *P. robustoides* wskazują natomiast na wschodnie lub południowe rejony Bałtyku – takie jak państwa bałtyckie, Zalew Wiślany i Zalew Szczeciński – jako najbardziej prawdopodobne źródła ich introdukcji do Szwecji.

W kręgu moich zainteresowań, jak również zespołu, w którym pracuję, znajdują się także gatunki spoza regionu pontokaspjskiego. Praca Grabowskiego i in., (2017), dotycząca paleogeografii, kryptycznej różnorodności oraz geograficznego rozmieszczenia linii filogenetycznych gatunku *Gammarus roeselii* na Półwyspie Bałkańskim, stanowiła znakomitą podstawę do dalszych badań nad tym gatunkiem, obejmujących jego filogeografię w rejonach nowo skolonizowanych. Badania przedstawione w pracy **Csapó i in., (2020)** objęły próbki z ponad 70 lokalizacji w Europie. Zastosowano marker mitochondrialny COI (dla 663 osobników) oraz jądrowy ITS2 (dla 137 osobników). Wyniki potwierdziły hipotezę, że Kotliną Panońska była ważnym refugium glacialnym dla *G. roeselii*, a także centrum jego dywergencji sięgającej pliocenu. Wykazano, że jedna z linii filogenetycznych opuściła Basen Panoński po ostatnim zlodowaceniu, inicjując kolonizację znacznych obszarów Europy Środkowej i Zachodniej. Badania sugerują, że ekspansja ta mogła rozpocząć się już we wczesnym holocenie, a jej przebieg – widoczny we współczesnych wzorcach rozmieszczenia oraz przestrzennym rozkładzie różnorodności genetycznej – wskazuje na kontynuację również w czasach historycznych. Istotnym czynnikiem sprzyjającym dalszemu rozprzestrzenianiu tej

jednostki był rozwój sieci sztucznych dróg wodnych na terenie Europy, który znacząco ułatwił migrację organizmów wodnych między izolowanymi wcześniej zlewniami. Ostatecznie, przedstawiono dowody wskazujące na asymetryczne przypadki introgresji między dywergentnymi liniami filogenetycznymi, które mogą być znacznie powszechniejsze wśród bezkręgowców, niż wcześniej sądzono.

Badania nad innymi inwazyjnymi gatunkami obunogów kontynuowałem, dokumentując m.in. nowe stanowiska północnoamerykańskiego gatunku *Gammarus tigrinus* na Bornholmie (Rewicz i in., 2019), oraz występowanie ziemnowodnego, inwazyjnego obunoga *Cryptorochestia garbinii* w górnej Odrze (Rewicz i in., 2020). Dzięki zastosowaniu barkodowania DNA udało się również oznaczyć gatunek *Apocorophium lacustre*, który nieoczekiwanie został odnaleziony w górnej Odrze, oraz w zasolonych wodach kopalnianych tego regionu (Krodkiewska i in., 2021).

W badaniach nad nieinwazyjnymi gatunkami uczestniczyłem jako członek zespołu, który opublikował znaczącą pracę dotyczącą kryptycznej różnorodności *Gammarus fossarum* w Europie (Wattier i in., 2020); w ramach tego projektu odpowiadałem za zebranie części materiału terenowego, wykonanie części prac laboratoryjnych oraz przeprowadzenie wybranych analiz. Ta obszerna analiza, oparta na niemal 5000 sekwencjach COI z prawie 500 lokalizacji, ujawniła ogromną różnorodność genetyczną w obrębie tego kompleksu gatunków – od 84 do 152 Molecular Operational Taxonomic Units (MOTU) - operacyjna jednostka taksonomiczna wyznaczona na podstawie podobieństwa sekwencji DNA, traktowana jako molekularny odpowiednik gatunku w analizach barkodowych i metabarkodowych. Wyniki te różniące się w zależności od zastosowanej metody delimitacji podkreślają konieczność stworzenia kompleksowej, paneuropejskiej biblioteki referencyjnej barkodów DNA dla *G. fossarum*.

Dość odległym tematycznie, lecz wartościowym rozszerzeniem tych badań była publikacja poświęcona słodkowodnym kielżom Tunezji, opracowana w 2023 roku przez tunezyjsko-francusko-polski zespół (Ayati i in., 2023). Praca w dużej mierze opierała się na materiale zebranym przeze mnie w 2010 roku; odpowiadałem za ich identyfikację taksonomiczną, wytworzenie danych molekularnych, przeprowadzenie analiz delimitacji gatunków, oraz opracowanie map, a także współuczestniczyłem w przygotowaniu pierwotnej wersji manuskryptu.

W badaniach nad słonowodnymi przedstawicielami rzędu Amphipoda uczestniczyłem jako współautor zbiorczej pracy Hupało i in. (2019), poświęconej gatunkom *Gammarus aequicauda* i *G. insensibilis*. Odpowiadałem za zebranie większości materiału z basenu Morza Czarnego i Azowskiego, wygenerowanie danych molekularnych, wykonanie części analiz oraz opracowanie wybranych rycin, a także – wspólnie z pierwszym autorem – przygotowanie pierwszej wersji manuskryptu.

Podsumowanie osiągnięcia naukowego

Oba moje cząstkowe osiągnięcia naukowe koncentrują się na zastosowaniu narzędzi molekularnych – przede wszystkim barkodowania DNA i innych markerów molekularnych w badaniach nad stawonogami. Pierwsze z nich dotyczyło szeroko pojętej **oceny różnorodności gatunkowej i identyfikacji stawonogów lądowych i wodnych w wybranych regionach Europy**. W ramach tego celu prowadziłem badania nad pluskwiakami wodnymi z rejonu Jeziora Szkoderskiego, ważkami z archipelagu Malty oraz zespołami zapylaczy niecierpka pomarańczowego w Polsce. Dzięki zastosowaniu barkodowania DNA udało się nie tylko uzupełnić wiedzę o rozmieszczeniu gatunków i wykryć przypadki potencjalnych gatunków kryptycznych, ale także stworzyć lokalne biblioteki referencyjne DNA. Takie biblioteki są kluczowe dla dalszych działań monitoringowych w zagrożonych ekosystemach, opartych na środowiskowym DNA i metabarkodingu. Szczególną wartością tych prac było ich silne osadzenie w badaniach terenowych oraz rozwijanie międzynarodowej współpracy naukowej – m.in. z badaczami z Malty, Czarnogóry czy Węgier. Byłem również zaangażowany w projekty edukacyjne i wspierałem rozwój młodszych badaczy, wdrażając ich w metody molekularne i analizy bioinformatyczne. Badania te nie tylko przyniosły konkretne wyniki naukowe, ale również pomogły rozwijać infrastrukturę genetyczną w regionach, gdzie do tej pory była ona słabo rozpoznana.

Drugie osiągnięcie skupiało się na **badaniach taksonomicznych, filogeograficznych i populacyjnych dotyczących inwazyjnych obunogów słodkowodnych, ze szczególnym uwzględnieniem gatunków pochodzących z regionu pontokaspijskiego**. Pracując nad tym tematem od czasu doktoratu, krok po kroku poszerzałem wiedzę o rozprzestrzenianiu się tych organizmów w Europie. Przeprowadziłem analizy molekularne *Dikerogammarus haemobaphes* i *D. villosus*, a także *Gammarus roeselii*, badając zasięg ich występowania, różnorodność genetyczną i możliwe drogi inwazji. **Kluczowym etapem było uzyskanie przeze**

mnie stypendium NAWA w programie im. Bekkera, które pozwoliło mi pracować w Centre for Biodiversity Genomics w Kanadzie pod okiem prof. Paula Heberta. Wspólnie z Denisem Copilașem-Ciocianu opublikowaliśmy referencyjną bibliotekę barkodów DNA dla obunogów pontokaspjskich, stanowiącą podstawę dla dalszych badań inwazyjnych i endemicznych gatunków. W kolejnych pracach zidentyfikowałem źródła introdukcji gatunków do Szwecji oraz wdrożyłem nowe markery mitochondrialne pozwalające rozróżniać geograficzne linie inwazyjnych skorupiaków. Wyniki te mają nie tylko wartość systematyczną i filogeograficzną, ale są też ważnym narzędziem w zarządzaniu i monitorowaniu gatunków inwazyjnych. Dzięki tym badaniom, często realizowanym we współpracy z międzynarodowymi zespołami z Litwy, Ukrainy, Szwecji czy Kanady, mogłem przyczynić się do pogłębienia wiedzy o historii ewolucyjnej i dynamice inwazji ważnych ekologicznie gatunków wodnych.

Podsumowując, oba osiągnięcia łączy **skuteczne wdrożenie technik molekularnych w ocenie bioróżnorodności.** Pierwsze z nich miało **charakter eksploracyjny i wspierający ochronę przyrody w ekosystemach lądowych i wodnych,** drugie – składa się z **pogłębionych badań filogeograficznych, z istotnym wpływem na rozumienie dynamiki biologicznych inwazji w Europie.**

5. Informacja o wykazywaniu się istotną aktywnością naukową albo artystyczną realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej.

Doświadczenia międzynarodowe i rozwój badań molekularnych

Pierwsze doświadczenia w pracy naukowej poza granicami kraju zdobywałem w ***Equipe Ecologie Evolutive, Biogeosciences, Université de Bourgogne we Francji***, jeszcze w trakcie prowadzenia badań do pracy doktorskiej. W latach 2010–2021 odbyłem sześć pobytów w tym ośrodku, o łącznej długości ośmiu i pół miesiąca (najdłuższy trwający semestr). Moimi opiekunami i mentorami byli dr Rémi Wattier oraz prof. Thierry Rigaud. Profesor Rigaud pełnił również funkcję kopromotora mojej rozprawy doktorskiej, obronionej w 2015 roku.

W Dijon zdobyłem cenne doświadczenie w pracy laboratoryjnej i w zespole międzynarodowym, a także uzyskałem większość wyników do rozprawy doktorskiej – w szczególności komplet danych z markerów mikrosatelitarnych. Badania prowadzone we Francji ugruntowały moje zainteresowanie tematyką gatunków inwazyjnych obunogów,

szczególnie - *Dikerogammarus villosus*, ich ekologią oraz wykorzystaniem markerów molekularnych w badaniach filogeograficznych. Zainteresowanie to rozszerzyło się również na mikrosporidia, metody ich molekularnej detekcji oraz wpływ tych pasożytów na procesy inwazyjne i zachowania żywicieli.

Współpraca z francuskim zespołem trwa nieprzerwanie od 15 lat i jest rozwijana w kolejnych projektach badawczych — m.in. w ramach realizowanego w latach 2019–2020 projektu „Biogeography of the dynamic of host-parasite relationships: from old associations to emergent diseases”, finansowanego przez Narodową Agencję Wymiany Akademickiej w ramach programu Polonium. W wyniku współpracy z ośrodkiem w Dijon, opublikowanych zostało dziewięć artykułów z listy JCR (Bacela-Spychalska i in. 2013, 2018; Rewicz i in. 2015a, 2015b, 2017; Grabowski i in. 2017; Jażdżewska i in. 2020; Wattier i in. 2020; Csapó i in. 2020).

Współpraca krajowa i projekt SONATA

Kluczową rolę w planowaniu i realizacji projektu SONATA odegrała również wieloletnia współpraca z prof. Jarosławem Kobakiem oraz dr hab. Łukaszem Jermaczem z Uniwersytetu Mikołaja Kopernika w Toruniu, jak i prof. Karoliną Bącela-Spychalską. Współpracę, rozpocząłem od wspólnej realizacji projektu pt. „Testing invasional meltdown hypothesis with the Ponto-Caspian exotic community in inland Polish waters as a model system”, finansowanym przez NCN w ramach konkursu SONATA BIS, którym kierowała prof. Karolina Bącela-Spychalska. Wynikiem współpracy był złożony i otrzymany przeze mnie projekt „Czy złe może stać się gorszym? Eksperymentalna ocena sukcesu dwóch zróżnicowanych genetycznie frontów inwazji skorupiaka *Dikerogammarus villosus* i możliwości powstania superhybrydy o wyższym potencjale inwazyjnym”, którego byłem kierownikiem i który zrealizowałem w ramach programu NCN **SONATA** w latach 2019-2024. Ich doświadczenie w biologii eksperymentalnej oraz w hodowli obunogów pontokaspijskich było nieocenione przy realizacji zaplanowanych zadań projektowych. Jego formalne rozliczenie miało miejsce w lipcu 2025 roku. Wyniki eksperymentów i analiz wykazały, że dwie genetycznie odmienne populacje *Dikerogammarus villosus* różnią się istotnie pod względem cech metabolicznych, tempa wzrostu, oraz reakcji na stres środowiskowy. Eksperymentalne krzyżowania wykazały, że mieszańce między liniami mogą łączyć korzystne cechy obu populacji, a w określonych warunkach środowiskowych wykazywać podwyższoną wydolność fizjologiczną i zdolność kolonizacyjną, wskazując na realną możliwość powstania „superhybrydy”. Wyniki projektu

potwierdziły, że wtórny kontakt odmiennych linii genetycznych może zwiększać ryzyko dalszej intensyfikacji inwazji i rozszerzenie zakresu tolerancji środowiskowej, co ma istotne konsekwencje dla prognozowania dynamiki ekspansji gatunków inwazyjnych. **Efektom współpracy oraz realizacji projektu jest dziewięć opublikowanych artykułów** (Jermacz i in., 2025; Mamos i in. 2021; Podwysocki i in., 2024, 2025a, 2025b, 2025c, 2025d, Rewicz i in. 2020, 2025).

Rozwój badań z wykorzystaniem barkodingu DNA

Zainteresowanie wykorzystaniem barkodingu DNA w szacowaniu różnorodności biologicznej oraz w molekularnej identyfikacji organizmów stało się drugą, wiodącą aktywnością naukową po uzyskaniu stopnia doktora. W 2018 roku kierownik zespołu, w którym pracuję — prof. Michał Grabowski — został zaproszony do komitetu naukowego międzynarodowego konsorcjum badawczego International Barcode of Life (iBOL). W tym samym roku otrzymałem prestiżowe stypendium Narodowej Agencji Wymiany Akademickiej (program im. Bekkera), finansujące roczny staż podoktorski w Centre for Biodiversity Genomics (CBG) na University of Guelph w Kanadzie.

Pobyt ten, zrealizowany od 1 sierpnia 2019 do 31 lipca 2020 roku pod opieką prof. Paula Heberta — twórcy koncepcji barkodingu DNA i światowego lidera w tej dziedzinie — umożliwił mi poznanie najnowocześniejszych procedur laboratoryjnych oraz funkcjonowania globalnego centrum badawczego, które generuje ponad 3 miliony barkodów rocznie. Podczas stażu zrealizowałem projekt naukowy pt. “DNA barcoding and phylogeography of alien Ponto-Caspian amphipods, as a proxy to understand different invasion dynamics in main invasion corridors across Europe” oraz uzyskałem około 6000 barkodów dla makrobezkręgowców z Jeziora Szkoderskiego. Wyniki projektu pokazały, że inwazyjne obunogi pochodzenia pontokaspijskiego rozprzestrzeniające się wzdłuż głównych korytarzy inwazji w Europie różnią się strukturą genetyczną i historią demograficzną, co odzwierciedla odmienne scenariusze kolonizacji oraz wielokrotne źródła introdukcji. Zastosowanie barkodingu DNA oraz analiz filogeograficznych umożliwiło identyfikację linii inwazyjnych, rekonstrukcję ich pochodzenia oraz wykazanie złożonych wzorców wtórnego kontaktu i mieszania populacji. Dodatkowo sekwencje COI dla makrobezkręgowców z Jeziora Szkoderskiego istotnie poszerzyło referencyjną bazę danych dla regionu Bałkanów, ujawniając wysoką, częściowo kryptyczną i niepiisaną różnorodność, dostarczając narzędzi do skuteczniejszego monitoringu, poznania

i ochrony tego rejonu. **Efektym tego pobytu jest dotychczas 13 opublikowanych prac** (m.in. Csabai i in., 2020; Rewicz i in., 2020, 2021, 2023; Jażdżewska i in., 2020; Copilaş-Ciocianu i in., 2022; Grosser i in., 2023; Gabrielczak i in., 2025), **z czego 11 opublikowałem z podwójną afiliacją** — również do Centre for Biodiversity Genomics, University of Guelph.

PolBOL i nowe technologie sekwencjonowania

Doświadczenie zdobyte w Kanadzie umożliwiło mi zaangażowanie się w tworzenie polskiej inicjatywy barkodingowej PolBOL, oficjalnie działającej od 2020 roku przy Katedrze Zoologii Bezkręgowców i Hydrobiologii Uniwersytetu Łódzkiego. Moją główną rolą w PolBOL jest administrowanie bazami danych oraz ich integracja z globalną bazą BOLD. W 2022 roku (wrzesień–listopad) odbyłem kolejny, siedmiodniowy staż w Guelph, którego celem było poznanie i wdrożenie procedur sekwencjonowania przy użyciu technologii Oxford Nanopore Sequencing. Po powrocie do kraju, wraz z dr hab. Tomaszem Mamosem przeprowadziliśmy w naszym laboratorium testowanie oraz wdrożenie wybranego protokołu sekwencjonowania, obejmujące jego optymalizację, przeskalowanie oraz dostosowanie do naszych potrzeb badawczych i oczekiwanej przepustowości. Proces ten obejmował również adaptację infrastruktury sprzętowej, organizację zaplecza laboratoryjnego oraz dostosowanie logistyki pracy z próbkami do lokalnych warunków. Obecnie opracowane i wdrożone procedury są z powodzeniem stosowane w rutynowej działalności naszego laboratorium. Pokłosiem tej aktywności jest również udział zespołu, którego jestem częścią, w międzynarodowych projektach finansowanych przez program **Horyzont Europa**. Są to skupiony na środowiskowym **DNA - A Plan towards an eDNA reference library and data repository for Aquatic Organisms, navigating Europe towards the next generation biodiversity monitoring Europe Programme (eDNAqua-Plan, 2023-2026)**, oraz projekt **Biodiversity Genomics Europe (BGE, 2022-2026)** – zwiększający zdolności europejskich partnerów do generowania i wykorzystywania barkodów DNA.

W projekcie **eDNAqua-Plan** uczestniczyłem w pracach analitycznych obejmujących przygotowanie inwentaryzacji, przeglądu oraz analizy luk w istniejących inicjatywach DNA barkodingu i bibliotekach referencyjnych, a także analogicznej analizy dotyczącej inicjatyw i repozytoriów eDNA. Brałem również udział w identyfikacji i porównaniu aktualnie stosowanych schematów działania (workflows) wykorzystywanych w monitoringu

bioróżnorodności opartego na metodach molekularnych, co stanowiło podstawę do opracowania rekomendacji dla standaryzacji działań na poziomie europejskim.

W projekcie **Biodiversity Genomics Europe (BGE)** zaangażowany jestem w działania wzmacniające krajowy węzeł PolBOL, w tym w budowę krajowej biblioteki referencyjnej i jej organizację w portalu BOLD. Koordynowałem również zadanie polegające na poborze prób zapylaczy w Polsce z wykorzystaniem pułapek Malaise w ramach zadania BGE – Pollinator Communities. Moja rola obejmuje organizację i nadzór nad zbieraniem materiału, współpracę z partnerami terenowymi oraz integrację uzyskanych danych z europejską infrastrukturą genomiki bioróżnorodności.

Inne współpracy międzynarodowe i projekty regionalne

Wykorzystanie barkodowania DNA w praktyce umożliwiło nawiązanie i rozwój kolejnych międzynarodowych współprac. Jedną z nich, jest kontakt z prof. Vladimirem Pešiciem z Katedry Biologii Uniwersytetu w Czarnogórze w Podgoricy. Początkowo dotyczyła ona różnorodności makrobezkręgowców Jeziora Szkoderskiego. Zaowocowała wspólnymi badaniami jeziora i jego okolic podczas dwu-tygodniowych badań terenowych w 2018 roku, następnie sformalizowała się w ramach projektu realizowanego w latach 2021–2023 „DNA barcode reference library as a tool for sustainable management of freshwater ecosystems in the highly threatened Lake Skadar Basin”, finansowanego przez **Ministerstwo Nauki Czarnogóry**. Współpraca ta nadal się rozwija, czego efektem jest seria wspólnych publikacji na temat różnorodności makrobezkręgowców tego regionu, wraz z opisami nowych gatunków (Pešić i in. 2023a, 2023b; Grosser i in. 2023; Pešić i in., 2025a, 2025b).

Realizuję również wspólne projekty z prof. Zoltánem Csabaiem z Uniwersytetu w Peczu, na Węgrzech. Po wspólnych, dwutygodniowych badaniach terenowych na Malcie w lutym 2018 roku powstała publikacja dotycząca ważek tego kraju (**Rewicz i in., 2021**), a obecnie przygotowana jest kompleksowa praca na temat referencyjnej biblioteki barkodów dla słodkowodnych makrobezkręgowców Malty. Równolegle prowadzimy działania mające na celu utworzenie kompletnej biblioteki referencyjnej organizmów wodnych dla Węgier, czego rezultatem są obecnie trzy publikacje (Csabai i in., 2020; Boóz i in., 2023; Dettner i in., 2023). Jako kolejny etap przygotowuję zestaw barkodów dla wodnych skorupiaków Węgier. Dwukrotnie Zoltán Csabai składał także wnioski o dofinansowanie tych badań do węgierskiej agencji grantowej – niestety dotychczas bez sukcesu. Byłem również opiekunem naukowym

Zsolta Kovácsa – jego studenta z Uniwersytetu w Peczu, który odbywał staż naukowy w naszej katedrze.

Kolejną współpracą zagraniczną, którą obecnie rozwijam, jest ta z Ulfem Bjelke (Swedish Species Information Centre, Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala) oraz Jennie Barthel Svedén (County Administrative Board of Stockholm). Współpraca ta rozpoczęła się od wiadomości e-mail, którą otrzymałem w lutym 2023 roku z prośbą o pomoc w identyfikacji nieznanymi wówczas skorupiaków – jak się później okazało, były to osobniki *Dikerogammarus villosus* pochodzące ze Szwecji. Nawiązany kontakt szybko przerodził się we wspólne badania, których rezultatem była publikacja artykułu (**Rewicz i in., 2025**). Obecnie prowadzimy analizy kolejnego zestawu materiału – tym razem obejmującego inne inwazyjne gatunki o pochodzeniu pontokaspijskim zebranych w wodach Szwecji – w celu ich precyzyjnej identyfikacji, oszacowania różnorodności genetycznej oraz ustalenia potencjalnego źródła pochodzenia poszczególnych populacji.

6. Informacja o osiągnięciach dydaktycznych, organizacyjnych oraz popularyzujących naukę lub sztukę.

Doświadczenie dydaktyczne

Podczas studiów doktoranckich zdobyłem doświadczenie dydaktyczne poprzez współprowadzenie zajęć w wymiarze określonym Regulaminem Studium Doktoranckiego Wydziału Biologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Łódzkiego. Przez cztery lata realizowałem co najmniej 60 godzin zajęć rocznie, prowadząc ćwiczenia i zajęcia dydaktyczne głównie dla studentów kierunków Ochrona Środowiska oraz Biologia.

Współprowadziłem zajęcia z przedmiotów: **Filogenetyka i ekologia molekularna, Zoologia bezkręgowców, Różnorodność biologiczna – zwierzęta** oraz **Biologia człowieka z elementami ergonomii**. W ramach obowiązków dydaktycznych uczestniczyłem również w licznych zajęciach terenowych, w tym w kursach **Ćwiczenia terenowe z ekologii** oraz **Interdyscyplinarne ćwiczenia terenowe**, podczas których odpowiadałem za realizację części merytorycznej oraz wsparcie organizacyjne zajęć w terenie.

Po uzyskaniu stopnia doktora w 2015 roku, moje zatrudnienie nie miało charakteru dydaktycznego – najpierw, do lutego 2018 roku, byłem pracownikiem naukowo-technicznym, a od marca 2018 roku jestem adiunktem naukowym.

Po objęciu stanowiska adiunkta sprawowałem opiekę nad gośćmi przyjeżdżającymi do Katedry Zoologii Bezkręgowców i Hydrobiologii, m.in. nad dr. Romanem Godunko (Biology Centre of the Czech Academy of Sciences, Institute of Entomology), który w dniach 8 stycznia – 15 lutego 2019 roku odbywał staż w ramach STSM finansowanego przez COST Action CA15219 DNAqua-Net, oraz nad Zsoltem Kovácsem, studentem z Węgier (University of Pécs, Department of Hydrobiology), który przebywał na stażach w okresach: 1 czerwca – 31 lipca 2023 roku (program Erasmus) oraz 4–24 marca 2024 roku (program CEEPUS).

Sprawowałem również opiekę nad studentkami Wydziału Biologii i Ochrony Środowiska odbywającymi staże w naszej katedrze w ramach programów:

- *Student Power* (11 kwietnia – 6 czerwca 2023): Amelia Paszkowska,
- *Get Smarted* (26 lutego – 10 czerwca 2024): Amelia Paszkowska,
- *Get Smarted* (11 marca – 19 kwietnia 2024): Julita Nawrocka.

Od 2018 roku byłem recenzentem dwóch prac licencjackich oraz pięciu prac magisterskich.

W okresie od 30 października 2020 do 11 marca 2025 roku pełniłem funkcję **promotora pomocniczego** w realizacji pracy doktorskiej dr. Krzysztofa Podwysockiego pt. Assessment of the invasion potential of two genetically distinct populations of the Ponto-Caspian amphipod - *Dikeroqammarus villosus*. Praca została obroniona z wyróżnieniem w dniu 11 marca 2025 roku.

Od marca 2021 roku sprawuję opiekę jako **promotor pomocniczy** nad realizacją pracy doktorskiej mgr Aleksandry Janiszewskiej pt. Czynniki warunkujące występowanie poliksenicznego ektopasożyta u ptaków zasiedlających odmienne nisze ekologiczne. Praca została złożona w dniu 30 września 2025 roku.

Działalność organizacyjna

Byłem członkiem komitetu organizacyjnego trzech konferencji międzynarodowych oraz dwóch krajowych.

Od 2018 roku formalnie pełnię funkcję menedżera Laboratorium Ekologii Molekularnej w Katedrze Zoologii Bezkręgowców i Hydrobiologii. Odpowiadam za wdrażanie protokołów laboratoryjnych, utrzymanie sprzętu, realizację zamówień oraz udzielanie wsparcia merytorycznego osobom pracującym w laboratorium.

Przygotowałem i współprowadziłem szereg szkoleń z zakresu barkodingu DNA, w tym z wykorzystaniem technologii sekwencjonowania Oxford Nanopore Technology, stosowanej w badaniach nad różnorodnością biologiczną organizmów (głównie stawonogów). Do najważniejszych wydarzeń, w których uczestniczyłem jako prowadzący, należą:

- XXVI Ogólnopolskie Warsztaty Bentologiczne (2019, Spała),
- szkolenie w Katedrze Zoologii Bezkręgowców i Hydrobiologii (2023),
- warsztaty w Tatrzańskim Parku Narodowym (2024) pt. Genomika Różnorodności – Perspektywa dla parków narodowych w Polsce,
- kurs BRIGHT – Biodiversity Research Integrating Barcoding, Genomics and High-throughput Technologies (2025), zorganizowany w ramach projektu Biodiversity Genomics Europe (BGE),
- szkolenie w Karkonoskim Parku Narodowym (2025) pt. Bioróżnorodność entomofauny ekosystemów łąkowych KPN – badania pilotażowe przy użyciu metod molekularnych.

Brałem również udział jako uczestnik w kursach:

- 12-14 października 2023 - Train the trainers – developing a training framework in Biodiversity Genomics, Saloniki, Grecja
- 17–21 października 2022 – Species distribution and ecological niche modelling in R, organizowany przez Physalia-courses, prowadzący: dr A. Marcia Barbosa,
- 1–5 czerwca 2015 – The Fifth DNA Metabarcoding Spring School, Białowieża.

Działalność popularyzatorska

Aktywnie uczestniczę w działaniach popularyzatorskich już od czasu studiów I stopnia. Byłem aktywnym członkiem Sekcji Zoologii Bezkręgowców Studenckiego Koła Naukowego Biologów (SZB SKNB), biorąc udział w licznych inicjatywach popularyzujących naukę. Uczestniczyłem m.in. w Piknikach Naukowych, Festiwalach Nauki, pokazach, Dniach Otwartych oraz obozach naukowych.

W 2023 roku współprowadziłem zajęcia edukacyjne pt. Mimetyzm, czyli przebrania w świecie bezkręgowców, skierowane do uczniów klasy IA Szkoły Podstawowej nr 139 w Łodzi.

Znacząca część mojej działalności naukowej została również dostrzeżona i nagłośniona w mediach – zarówno w artykułach prasowych, jak i w reportażach telewizyjnych oraz materiałach promocyjnych. Do najważniejszych publikacji i materiałów medialnych należą:

- 2018 – PAP Nauka w Polsce: „Łódzki naukowiec w Kanadzie poprowadzi badania inwazyjnych kielży”
<https://naukawpolsce.pl/aktualnosci/news%2C32002%2Clodzki-naukowiec-w-kanadzie-poprowadzi-badania-inwazyjnych-kielzy.html>
- 2020 – Teleexpress, TVP1: Wywiad pt. „Inwazyjny skorupiak panoszy się w naszych wodach”
<https://teleexpress.tvp.pl/51394189/inwazyjny-skorupiak-panoszy-sie-w-naszyc-wodach>
- 2020 – TVP3 Łódź – Łódzkie Wiadomości Dnia: Reportaż pt. „Zabójcza krewetka. W polskich wodach trwa inwazja drapieżnego kielża”
<https://lodz.tvp.pl/51529189/zabojcza-krewetka-w-polskich-wodach-trwa-inwazja-drapieznegokielzaZab%C3%B3jcz>
- 2023 – Multiportal Uniwersytetu Łódzkiego: Film promocyjny projektu
<https://www.uni.lodz.pl/aktualnosc/szczegoly/czy-grozi-nam-inwazja-super-hybrydy-obunogow>
- 2023 – YouTube: Film promocyjny
<https://www.youtube.com/watch?v=9S-cJTUAQV8>
- 2023 – PAP Nauka w Polsce:
„Biolodzy UŁ badają, czy dojdzie do inwazji zagrażającego faunie polskich rzek”
<https://naukawpolsce.pl/aktualnosci/news%2C96221%2Cbiolodzy-ul-badaja-czy-dojdzie-do-inwazji-zagrazajacego-faunie-polskich-rzek>
- 2023 – Forum Akademickie: „Czy grozi nam inwazja superhybrydy obunogów?”
<https://forumakademickie.pl/badania/czy-grozi-nam-inwazja-super-hybrydy-obunogow/>
- 2023 – PAP: „Żywi się rybią ikrą. Czy w polskich rzekach dojdzie do niebezpiecznej inwazji?”
<https://www.pap.pl/aktualnosci/news%2C1562554%2Czywi-sie-rybia-ikra-czy-w-polskich-rzekach-dojdzie-do-niebezpiecznej>

- 2023 – Dziennik.pl: „Drapieżnik zagraża polskim wodom – badania naukowców”
<https://wiadomosci.dziennik.pl/wydarzenia/artykuly/8701205,badania-naukowcy-drapieznik.html>

Jestem współautorem siedmiu prac popularno-naukowych:

- **Rewicz, T.**, Mamos, T. (2012). Mniej znana Andaluzja-Park Narodowy Donana. *Wszechświat*, 113(07-09).
- Jaskuła, R., **Rewicz, T.**, Gotwald, D. (2012). Park Narodowy Prespa – kraina pelikanów. *Wszechświat*, 113(4-6), 132-137.
- Jaskuła, R., **Rewicz, T.**, Hikisz, J. (2010). Park Narodowy Aszkal – oaza zieleni w pustynnym kraju. *Wszechświat*, 111(10-12), 301-306.
- Jaskuła, R., Józwiak, P., **Rewicz, T.**, Stępień, A. (2010). Pamukkale - 'Bawelniany Zamek' z historia starożytną w tle. *Wszechświat*, 111(04-06), 150-153.
- Józwiak, P., **Rewicz, T.**, & Pabis, K. (2010). Inspiracje i osobliwości naukowego nazewnictwa zoologicznego. *Kosmos*, 59(1-2), 39-59.
- Jaskuła, R., **Rewicz, T.**, Hikisz, J. (2009). Park Narodowy Tubkal - korona północnej Afryki. *Wszechświat*, 110(10-12), 60-64.
- Jaskuła, R., Hikisz, J., **Rewicz, T.** (2009). Park Narodowy Souss-Massa - ostoja przyrody w zlewisku dwóch rzek. *Wszechświat*, 110(07-09), 66-69.

7. Oprócz kwestii wymienionych w pkt. 1-6, wnioskodawca może podać inne informacje, ważne z jego punktu widzenia, dotyczące jego kariery zawodowej.

2014 - Stypendium Ministra Nauki i Wyższej Edukacji dla najlepszych doktorantów

2015 - wyróżnienie pracy doktorskiej, Uniwersytet Łódzki

2018 - stypendium Short Term Scientific Mission (STSM) w ramach projektu COST, Action CA15219

2019 - grant konferencyjny European Cooperation in Science and Technology (COST, Action CA15219) inclusiveness target countries (ITC)

2019 - Nagroda Zespołowa I Stopnia Rektora Uniwersytetu Łódzkiego za cykl publikacji.

2019 - stypendium Bekkera Narodowej Agencji Wymiany Akademickiej, Warszawa

2020 - Nagroda Indywidualna Dziekana Wydziału Biologii i Ochrony Środowiska za wysoką aktywność w 2020 roku w zakresie upowszechniania badań w grupie 10% najlepszych czasopism z bazy JCR.

Brałem udział w **ponad 15 ekspedycjach naukowych** (również jako organizator), obejmujących Europę (Płw. Bałkański, Europa Zachodnia, Europa Wschodnia), Afrykę Północną (Tunezja, Maroko), oraz Bliski Wschód (Syria). Zebrany materiał stanowi znaczną część kolekcji Katedry Zoologii Bezkręgowców i Hydrobiologii Uniwersytetu Łódzkiego, i był podstawą do powstania wielu publikacji naukowych.

Literatura:

Ayati, K., Hupało, K., Dhaouadi, S., **Rewicz, T.**, Grabowski, M., Piscart, C. (2023). Conservation of freshwater biodiversity in Tunisia in a climate change context: combining amphipod distribution data and molecular analyses to improve priorities. *Biodiversity and Conservation*, 32(7), 2539-2559.

Bacela-Spychalska, K., Grabowski, M., **Rewicz, T.**, Konopacka, A., Wattier, R. (2013). The 'killer shrimp' *Dikerogammarus villosus* (Crustacea, Amphipoda) invading alpine lakes: overland transport by recreational boats and scuba-diving gear as a potential entry vectors? *Aquatic Conservations: Marine and Freshwater Ecosystems* 23(4): 606-618.

Bacela-Spychalska, K., Wróblewski, P., Mamos, T., Grabowski, M., Rigaud, T., Wattier, R., **Rewicz, T.**, Konopacka, A., Ovcharenko, M. (2018). Europe-wide reassessment of *Dictyocoela* (Microsporidia) infecting native and invasive amphipods (Crustacea): molecular versus ultrastructural traits. *Scientific Reports* 8(1):8945.

Boóz, B., Kovács, Z., Bartalovics, B., Boda, P., Miliša, M., Pernecker, B., Pařil, P., **Rewicz, T.**, Boglárka Simon, A., Csabai, Z., Móra, A. (2024). Chironomids (Diptera) from Central European stream networks: new findings and taxonomic issues. *Biodiversity Data Journal*, 12, e136241.

Copilaș-Ciocianu, D., Palatov, D., **Rewicz, T.**, Sands, A. F., Arbačiauskas, K., Van Haaren, T., Hebert, P.D.N., Grabowski, M., Marin, I. (2023). A widespread Ponto-Caspian invader with a mistaken identity: integrative taxonomy elucidates the confusing taxonomy of *Trichogammarus trichiatus* (= *Echinogammarus*)(Crustacea: Amphipoda). *Zoological Journal of the Linnean Society*, 198(3), 821-846.

Copilaș-Ciocianu, D., **Rewicz, T.**, Sands, A. F., Palatov, D., Marin, I., Arbačiauskas, K., Hebert, P. D. N., Grabowski, M., Audzijonyte, A. (2022). A DNA barcode reference library for endemic Ponto-Caspian amphipods. *Scientific Reports* 12, 11332.

Cristescu, M.,E.,A., Hebert, P.,D.,N. (2005) The "Crustacean Seas" – an evolutionary perspective on the Ponto-Caspian peracarids. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 62:505–517.

Cristescu, M.,E.,A., Hebert, P.,D.,N., Onciu, T.,M. (2003) Phylogeography of Ponto-Caspian crustaceans: a benthic-planktonic comparison. *Molecular Ecology* 12: 985–996.

Cristescu, M.,E.,A., Witt, J.,D.,S., Grigorovich, I.,A., Hebert, P.,D.,N., MacIsaac, H.,J. (2004) Dispersal of the Ponto-Caspian amphipod *Echinogammarus ischnus*: invasion waves from the Pleistocene to the present. *Heredity* 92: 197–203.

Csapó, H., Krzywoźniak, P., Grabowski, M., Wattier, R., Băcela-Spychalska, K., Mamos, T., Jelić, M., Rewicz, T. (2020). Successful post-glacial colonization of Europe by single lineage of freshwater amphipod from its Pannonian Plio-Pleistocene diversification hotspot. *Scientific Reports*, 10:18695.

Dettner, K., Kovács, Z., **Rewicz, T.**, & Csabai, Z. (2024). Age-dependent variation of aedeagal morphology in *Agabus uliginosus* and the status of *A. lotti* (Coleoptera, Dytiscidae). *ZooKeys*, 1212, 153.

Dudgeon, D., & Strayer, D. L. (2025). Bending the curve of global freshwater biodiversity loss: what are the prospects?. *Biological Reviews*, 100(1), 205-226.

Gabrielczak, H., Copilaș-Ciocianu, D., Grabowski, M., Son, M. O., **Rewicz, T.** (2025). The amphipod *Amathillina cristata* Sars, 1894 is an overlooked native species in the Black Sea basin: insights from molecular data, historical records and SEM imaging. *The European Zoological Journal*, 92(1), 292-307.

Geiger, M., Koblmüller, S., Assandri, G., Chovanec, A., Ekrem, T., Fischer, I., Galimberti, A., Grabowski, M., Haring, E., Hausmann, A., Hendrich, L., Koch, S., Mamos, T., Rothe, U., Rulik, B., **Rewicz, T.**, Sittenthaler, M., Stur, E., Tonczyk, G., Zangl, L., Moriniere, J. (2021). Coverage and quality of DNA barcode references for Central and Northern European Odonata. *PeerJ*, 9:e11192

Grabowski, M., **Rewicz, T.**, Băcela-Spychalska, K., Konopacka, A., Mamos, T., Jazdzewski, K. (2012). Cryptic invasion of Baltic lowlands by freshwater amphipod of Pontic origin. *Aquatic Invasion* 7(3): 337-346.

Grabowski, M., Mamos, T., Băcela-Spychalska, K., **Rewicz, T.**, Wattier, R. (2017). Neogene paleogeography provides context for understanding the origin and spatial distribution of cryptic diversity in a widespread Balkan freshwater amphipod. *PeerJ* 5:e3016.

Grosser, C., **Rewicz, T.**, Jovanović, M., Zawal, A., Pešić, V. (2023). Integrative taxonomy reveals a new species of the leech genus *Dina* R. Blanchard, 1892 (Annelida, Hirudinida: Erpobdellidae) from the ancient Skadar Lake basin in Montenegro. *The European Zoological Journal*, 90(1), 383-394.

Hebert, P. D., Ratnasingham, S., & De Waard, J. R. (2003). Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 270(suppl_1), S96-S99.

Hending, D. (2025). Cryptic species conservation: a review. *Biological Reviews*, 100(1), 258-274.

- Hupało, K., Teixeira, M.A.L., **Rewicz, T.**, Sezgin, M., Iannilli, V., Karaman, G.S., Grabowski, M., Costa, F.O. (2019). Persistence of phylogeographic footprints helps to understand cryptic diversity detected in two marine amphipods widespread in the Mediterranean basin. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 132: 53–66.
- Janiszewska, A., Bartos, M., Trębicki, Ł., Remisiewicz, M., Cierlik, G., Minias, P., **Rewicz, T.** (2023). Development of a novel molecular tool to study molecular ecology of *Ornithomya* (Hippoboscidae) avian louse flies. *Experimental Parasitology*, 255, 108652.
- Janiszewska, A., **Rewicz, T.**, Minias, P., Włodarczyk, R., Kamiński, M., Fiutek, P., Jakubas, D., Rapczyński, J., Remisiewicz, M., Sztwiernia, H., Bartos, M. (2025). Host-related genetic differentiation of a polyxenic avian ectoparasite, *Ornithomya avicularia* (Hippoboscidae). *International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife*, 27, 101081.
- Jaskuła, R., **Rewicz, T.**, Płóciennik, M., Grabowski, M. (2016). Pleistocene phylogeography of tiger beetle, *Calomera littoralis*, in North-Eastern Mediterranean and Pontic regions inferred from mitochondrial COI gene sequence. *PeerJ* 4:e2128.
- Jaskuła, R., Sulikowska-Drozd, A., Jabłońska, A., Banaś, K., **Rewicz, T.** (2019). Undesirable immigrants: hobbyist vivaria as a potential source of alien invertebrate species. *PeerJ* 7:e7617.
- Jążdżewska, A. M., **Rewicz, T.**, Mamos, T., Wattier, R., Bącela-Spychalska, K., Grabowski, M. (2020). Cryptic diversity and mtDNA phylogeography of the invasive demon shrimp, *Dikerogammarus haemobaphes* (Eichwald, 1841), in Europe. *NeoBiota* 57: 53–86.
- Jermacz, Ł., Podwysoki, K., Desiderato, A., Bącela-Spychalska, K., **Rewicz, T.**, Szczerkowska-Majchrzak, E., Augustyniak, M., Gjoni, V., Kobak, J. (2025). The same species, not the same invader: Metabolic responses of genetically distinct invasive populations of *Dikerogammarus villosus* and their intraspecific hybrid to environmental stresses. *Journal of Animal Ecology*, 94, 1665–1679.
- Krodkiewska, M., **Rewicz, T.**, Cebulska, K., Koczorowska, A., Konopacka, A. (2021). Distribution pattern of the brackish *Apocorophium lacustre* (Vanhoffen, 1911) (Amphipoda: Corophiidae) and the structure of the amphipod assemblages in the upper Oder River catchment. *International Review of Hydrobiology* 106: 149–163.
- MacDougall, A. S., & Turkington, R. (2005). Are invasive species the drivers or passengers of change in degraded ecosystems?. *Ecology*, 86(1), 42-55.
- Mamos, T., Grabowski, M., **Rewicz, T.**, Bojko, J., Strapagiel, D., Burzynski, A. (2021). Mitochondrial Genomes, Phylogenetic Associations, and SNP Recovery for the Key Invasive Ponto-Caspian Amphipods in Europe. *International Journal of Molecular Sciences*, 22, 10300.
- Morhun, H., Copilas-Ciocianu, D., **Rewicz, T.**, Son, M. O., Khomenko, A., Huseynov, M., Utevsky, S., Grabowski, M. (2022a). Molecular markers and SEM imaging reveal pseudocryptic diversity within the Ponto-Caspian low-profile amphipod invader *Dikerogammarus bispinosus*. *The European Zoological Journal*, 89(1): 87-101.

Morhun, H., Son, M. O., **Rewicz, T.**, Kazanavičiūtė, E., Copilas-Ciocianu, D. (2022b). The first records of *Niphargus hrabei* and *N. potamophilus* in Ukraine and Bulgaria significantly enlarge the ranges of these species. *The European Zoological Journal*, 89(1): 1191–1200.

Pełczyńska, A., Mielczarek, Ł., Kjærandsen, J., **Rewicz, T.**, Soszyńska, A. (2025). Urban areas as overlooked reservoirs of insect diversity: first records of three Sciophila species (Diptera: Mycetophilidae) from Poland with DNA sequence data. *North-Western Journal of Zoology*, 21(2), e251307.

Pešić, V., Esen, Y., Gülle, P., Zawal, A., Jovanović, M., **Rewicz, T.**, Smit, H. (2023a). An appraisal of the water mite genus *Hygrobat* Koch, 1837 from Türkiye, based on morphological and molecular data (Acariformes, Hydrachnidia, Hygrobatidae). *Systematic and Applied Acarology*, 28(4), 742-754.

Pešić, V., Bańkowska, A., Zawal, A., **Rewicz, T.**, Smit, H. (2023b). Molecular diversity and species delimitation in the genus *Mideopsis* Neuman, 1880 in Europe (Acari, Hydrachnidia, Mideopsidae). *Ecologica Montenegrina*, 70, 101-115.

Pešić, V., Bankowska, A., Goldschmidt, T., Hårsaker, K., Jovanović, M., Kaitetzidou, E., Krakowiak, M., Kozłowska, A., Michaloudi, E., Michoński, G., Miliša, M., Pozojević, I., **Rewicz, T.**, Rusiniak, O., Sobolak, K., Szućko, I., Stryjeki, R., Stur, E., Szlauer-Łukaszewska, A., Zawal, A. (2025a). Checklist of water mites from the Balkan Peninsula: second supplement, new DNA barcodes and description of a new species. *Zootaxa*, 5676(1), 1-74.

Pešić, V., Zawal, A., Bankowska, A., Araujo, R., Sługocki, Ł., **Rewicz, T.**, Krakowiak, M., Michoński, G., Girão, D., da Silva, L.P., Orfao, I., Raposeiro, P.M., Ballini, L., Stryjecki, R., Ekrem, T., Ferreira, S. (2025b). Exploring the water mite fauna (Acari, Hydrachnidia) of the Madeira archipelago: DNA Barcoding reveals a remarkable species endemism. *Zootaxa*, 5621(5), 501-513

Podwysoki, K., Desiderato, A., Mamos, T., **Rewicz, T.**, Grabowski, M., Konopacka, A., & Bącela-Spychalska, K. (2024). Recent invasion of Ponto-Caspian amphipods in the Masurian Lakeland associated with human leisure activities. *NeoBiota*, 90, 161-192.

Podwysoki, K., Bącela-Spychalska, K., Desiderato, A., **Rewicz, T.**, Copilas-Ciocianu, D. (2025a). Environment, intraspecific lineages and geographic range jointly shape the high morphological variability of *Dikerogammarus villosus* (Sowinsky, 1894)(Crustacea, Amphipoda): a successful aquatic invader across Europe. *Hydrobiologia*, 852(8), 2081-2099.

Podwysoki, K., Szczerkowska-Majchrzak, E., Jermacz, Ł., Kobak, J., Bącela-Spychalska, K., **Rewicz, T.**, & Desiderato, A. (2025b). Predation or Omnivory—Two Different Feeding Patterns Displayed by Two Intraspecific Groups of the Invasive Ponto–Caspian Amphipod—*Dikerogammarus villosus*. *Freshwater Biology*, 70(3), e70021.

Podwysoki, K., Kobak, J., Szczerkowska-Majchrzak, E., Jermacz, Ł., Desiderato, A., Bącela-Spychalska, K., **Rewicz, T.** (2025c). I eat what my mother eats. Maternal effects in food preferences in invasive amphipods. *Neobiota*, 104: 225-250.

Podwysocki, K., Desiderato, A., Szczerkowska-Majchrzak, E., Jermacz, Ł., Kobak, J., Bącela-Spychalska, K., **Rewicz, T.** (2025d). Population-dependent dispersal potential of freshwater invasive amphipods: a case study of *Dikerogammarus villosus*. *Animal Behaviour*, 229, 123355.

Potts, S. G., Biesmeijer, J. C., Kremen, C., Neumann, P., Schweiger, O., & Kunin, W. E. (2010). Global pollinator declines: trends, impacts and drivers. *Trends in ecology & evolution*, 25(6), 345-353.

Ratnasingham S., Hebert, P. D. N. (2013). A DNA-Based Registry for All Animal Species: The Barcode Index Number (BIN) System. *PLOS ONE* 8(7): e66213.

Rewicz, A., Monzalvo, R., Myśliwy, M., Tończyk, G., Desiderato, A., Ruchisansakun, S., **Rewicz, T.** (2024). Pollination biology of *Impatiens capensis* Meerb. in non-native range. *Plos one*, 19(6), e0302283.

Rewicz, T., Wattier, R. A., Rigaud, T., Bącela-Spychalska, K., Grabowski, M. (2015a). Isolation and characterization of 8 microsatellite loci for the "killer shrimp", an invasive Ponto-Caspian amphipod *Dikerogammarus villosus* (Crustacea: Amphipoda). *Molecular Biology Reports* 9: 1-5 .

Rewicz, T., Wattier, R., Grabowski, M., Rigaud, T., Bącela-Spychalska, K. (2015b). Out of the Black Sea: Phylogeography of the Invasive Killer Shrimp across Europe. *PLoS ONE* 10(2): e0118121.

Rewicz, T., Konopacka, A., Bącela-Spychalska, K., Özbek, M., Grabowski, M. (2016). First records of two formerly overlooked Ponto-Caspian amphipods from Turkey, *Echinogammarus trichiatus* (Martynov, 1932) and *Dikerogammarus villosus* (Sovinsky, 1894). *Turkish Journal of Zoology* 40: 328-335.

Rewicz, T., Wattier, R., Grabowski, M., Rigaud, T., Mamos, T., Bącela-Spychalska, T. (2017). The killer shrimp *Dikerogammarus villosus* invading the Alpine Lakes: A single main source but independent founder events, suspicion of secondary introductions and overall loss of genetic diversity. *Freshwater Biology*, 62(6) 1036-1051.

Rewicz, T., Grabowski, M., Tończyk, G., Konopacka, A., Bącela-Spychalska, K. (2019). *Gammarus tigrinus* Sexton, 1939 continues its invasion in the Baltic Sea: first record from Bornholm (Denmark). *Bioinvasions records*, 8 (4): 862–870.

Rewicz, T., Brodecki, J., Bącela-Spychalska, K., Konopacka, A., Grabowski, M. (2020). Further steps of *Cryptorchestia garbinii* invasion in Polish inland waters with insights into its molecular diversity in Central and Western Europe. *Knowledge and Management of Aquatic Ecosystems*, 421, 17.

Rewicz, T., Móra, A., Tończyk, G., Szymczak, A., Grabowski, M., Calleja, E.J, Pernecker, B., Csabai, Z. (2021). First records raise questions: DNA barcoding of Odonata in the middle of the Mediterranean. *Genome*, 64: 196–206.

Rewicz, T., Tończyk, G., Trębicki, Ł., Gadawski, P., Mamos, T., Pešić, V., Zawal, A., Grabowski, M. (2023). DNA barcode-based survey documents underestimated diversity and intricate

phylogeographic patterns of aquatic Heteroptera in an endangered Balkan biodiversity hotspot: ancient Lake Skadar basin. Biodiversity and Conservation, 32(12), 4111-4138.

Rewicz, T., Desiderato, A., Svedén, J. B., Bacela-Spychalska, K., Mamos, T., Bjelke, U. (2025). Ponto-Caspian amphipods (Crustacea, Amphipoda) and their microsporidian parasites recently established in Sweden. NeoBiota, 101, 243-275.

Wattier, R., Mamos, T., Copilaş-Ciocianu, D., Jelić, D., Ollivier, A., Chaumot, A., Danger, M., Felten, V., Piscart, C., Žganec, K., **Rewicz, T.**, Wysocka, A., Rigaud, T., Grabowski, M. (2020). Continental-scale patterns of hyper-cryptic diversity within the freshwater model taxon *Gammarus fossarum* (Crustacea, Amphipoda). Scientific Reports, 10:16536.

T. Rewicz

.....
(podpis wnioskodawcy)