

dr hab. Rafał Ruta

Wrocław, 18.08.2026

Zakład Bioróżnorodności i Taksonomii Ewolucyjnej

Wydział Nauk Biologicznych

Uniwersytet Wrocławski

ul. Przybyszewskiego 65, 51-148 Wrocław

Recenzja rozprawy doktorskiej Pana mgr. Ryana Lumena pt. „Phylogeny and Taxonomic Revision of Subtribe Eurynotina (Coleoptera: Tenebrionidae) / Filogeneza i rewizja taksonomiczna chrząszczy z podplemienia Eurynotina (Coleoptera: Tenebrionidae)”

Pan Ryan Lumen studiował na University of Minnesota w Duluth (B.A., 2015), a następnie na Northern Arizona University (M.Sc., 2019), po czym przez dwa lata (2020-2021) pracował jako technik laboratoryjny w Zakładzie Entomologii w Purdue University. W 2021 r. rozpoczął kształcenie w szkole doktorskiej Bioplanet Muzeum i Instytutu Zoologii PAN w Warszawie pod opieką prof. dr. hab. Marcina Kamińskiego. Zainteresowania naukowe Ryana Lumena skupiają się na taksonomii i filogenezie chrząszczy z rodziny Tenebrionidae i ten nurt badań doktorant rozwijał w szkole doktorskiej.

Przedstawiona do oceny rozprawa pod tytułem „Phylogeny and Taxonomic Revision of Subtribe Eurynotina (Coleoptera: Tenebrionidae)” liczy 361 stron, nie wliczając oświadczeń współautorów publikacji. Jej układ jest spójny, prawidłowy i przemyślany. Początkowe rozdziały (wstęp, cele badań, materiał i metody) zajmują 22 strony rozprawy, po czym Doktorant syntetycznie, na 9 stronach, przedstawia wyniki, dyskusję oraz konkluzje przeprowadzonych badań. Rozprawę zamyka wykaz literatury, po czym następują dołączone publikacje zawierające wyniki badań.

Są to:

- [1*] Lumen, R. & Kamiński, M.J. (2023) Taxonomic revision of the genus *Phylacastus* Fairmaire (Tenebrionidae, Eurynotina): shortfalls of anatomical nomenclature with notes on aedeagal homology. *Zookeys*, 1138, 1–27.

* numerację zastosowano odwołując się do publikacji w dalszych częściach recenzji

- [2] Lumen, R. & Kamiński, M.J. (2024a) Revision of the darkling beetle genus *Eurynotus* (Blaptinae: Platynotini) and new records of ovovivipary in Tenebrionidae. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 201, 358–386.
- [3] Lumen, R. & Kamiński, M.J. (2024b) Redefining generic boundaries in subtribe Eurynotina (Coleoptera: Tenebrionidae): taxonomy of the *Schyzoschelus* generic group. *The European Zoological Journal*, 91, 122–141.
- [4] Lumen, R., Rork, A.M., Smith, A.D. & Kamiński, M.J. 2025. Complementary genomic and morphological data elucidate the phylogeny of obscure darkling beetles (Blaptinae: Platynotini: Eurynotina). *Systematic Entomology*, e70012.
- [5] Lumen R., Kamiński M.J. 2025. Revision of subtribe Eurynotina (Coleoptera: Tenebrionidae: Blaptinae). *Natural History Monographs of the Upper Silesian Museum* 5: 1–217.

Składową części publikacji są materiały uzupełniające dostępne na stronach internetowych czasopism, obejmujące m.in. macierze danych oraz dane genomowe.

Cztery pierwsze publikacje ukazały się w uznanych międzynarodowych czasopismach indeksowanych w *Journal Citation Report*, a ostatnia – najobszerniejsza – jest monograficzną rewizją systematyczną opublikowaną w serii wydawanej przez Muzeum Górnośląskie w Bytomiu. Strategię publikacyjną Doktoranta uznaję za przemyślaną i dobrze odpowiadającą treści poszczególnych prac. Wyniki wykraczające poza rozważania stricte taksonomiczne publikowano w bardzo dobrych czasopismach – *Systematic Entomology* oraz *Zoological Journal of the Linnean Society* – które jednocześnie wymuszają bardzo syntetyczną formę prezentacji rezultatów badań. Do obszerniejszego podsumowania przeprowadzonych studiów posłużyła publikacja o charakterze monografii. Doktorant był autorem korespondencyjnym czterech z pięciu prac składających się na rozprawę doktorską (wyjątkiem była praca opublikowana w *Systematic Entomology*).

Załączone oświadczenia opisujące wkład Doktoranta w przygotowanie publikacji wskazują, że w każdym z przypadków brał on udział w projektowaniu badań, analizach danych, w tym analizach bioinformatycznych, przygotowaniu manuskryptów i ilustracji, w jednym przypadku również w odłowieniu materiałów.

Zastosowane metody badawcze odpowiadają aktualnym trendom w systematyce, a na uwagę zasługuje ich różnorodność – od klasycznych analiz morfologicznych, przez wykorzystanie danych genomowych uzyskanych dzięki sekwencjonowaniu nowej generacji i

metodom targeted-enrichment po muzeomikę. Zastosowanie tak różnorodnych metod badawczych można uznać za wzorcowe.

Cele prowadzonych badań nie odbiegały od standardowo stawianych w podobnych rozprawach i obejmowały trzy główne wątki: weryfikację hipotezy o monofiletyzmie jednej z linii ewolucyjnych Tenebrionidae, ewaluacji klasyfikacji rodzajowej, a następnie przeprowadzenie rewizji taksonów szczebla gatunkowego. Ponadprzeciętne jest natomiast podejście do rozwiązywania założonych celów obejmujące zaawansowane metody badawcze.

Uwzględnione piśmiennictwo odpowiada aktualnemu stanowi badań nad omawianą grupą oraz zastosowanym metodom i nie budzi zastrzeżeń.

Ocena rozprawy doktorskiej

Płudniowoafrykańskie podplemię Eurynotina jest grupą siostrzaną Platynotina (Tenebrionidae: Blaptinae: Platynotini). O ile drugie z wymienionych podplemion było obiektem intensywnych badań od mniej więcej połowy XX w., ze szczególną intensywnością w ostatnich dekadach, to podplemię Eurynotina poznane było dużo słabiej. Przyczyną tego stanu rzeczy była m.in. rzadkość występowania jego przedstawicieli w kolekcjach naukowych, skutkująca opisami gatunków na podstawie jednej płci albo nawet pojedynczych okazów typowych. Ta asymetria w stopniu poznania obu podplemion wydała się kuszącym wątkiem wymagającym intensywnych studiów, ale mogła też rodzić obawy, że poświęcenie rozprawy doktorskiej tak trudnej grupie było decyzją ryzykowną. Obawy te znikają jednak w miarę lektury składowych rozprawy doktorskiej, a wybór obiektu badań okazuje się bardzo dobry.

Gatunki zaliczane do Eurynotina opisywano od końca XVIII w. Za punkt wyjścia w badaniach przyjęto podział Kocha z połowy XX w. na trzy grupy rodzajów – grupę *Eurynotus*, grupę *Schyzoschelus* i najliczniejszą w rodzaju i gatunki grupę *Oncotus*. Pierwszej z grup poświęcono dwie publikacje [1, 2], drugiej publikację [3]. W pracy [4] przetestowano monofiletyzm Eurynotina i skupiono się na koncepcjach rodzajów w obrębie trzeciej z grup zaproponowanych przez Kocha. Podsumowaniem badań jest monografia [5].

Kluczowym etapem każdej rewizji systematycznej jest zgromadzenie okazów i zbadanie materiału typowego. Uzyskano materiał z 21 instytucji, spośród których 6 zostało osobiście zbadanych przez Doktoranta, w tym MNHN w Paryżu oraz kolekcje południowoafrykańskie w Pretorii, które ze względu na swoją wielkość i jakość miały szczególne znaczenie dla prowadzonych studiów.

Analizy morfologiczne w poszczególnych publikacjach prowadzone były według pewnego schematu. Podstawą była dokumentacja struktur morfologicznych niskopróżniowym

mikroskopem SEM, dokumentowanie okazów na makrofotografiach oraz struktur genitalnych, często po uprzednim wybarwieniu struktur błoniastych czernią chlorazolową, na preparatach mikroskopowych, bądź (w przypadku genitaliów samców) na sucho.

Macierz cech morfologicznych ewoluowała w poszczególnych publikacjach by osiągnąć 91 cech zakodowanych dla 63 gatunków w pracy [4].

Aby zweryfikować hipotezę o monofiletyczności Eurynotina konieczne było przeprowadzenie analiz w oparciu o sekwencje genów jądrowych. Podjęto próbę uzyskania sekwencji metodą targeted-enrichment ze świeżych materiałów alkoholowych, ale także z okazów naszpilonych, przechowywanych na sucho, zebranych w latach 1921–2001. Dobrano szeroki zestaw rodzajów odgrywających rolę grup zewnętrznych – w tym wszystkich ważniejszych linii ewolucyjnych Platynotina a także przedstawicieli plemion Opatrini oraz Blaptini. W rezultacie przeprowadzonych procedur uzyskano zestaw danych obejmujących 499 loci i 155172 aminokwasów [4]. Ponieważ efekty wykorzystania okazów przechowywanych na sucho były niezadowalające, zdecydowano się dodatkowo podjąć próbę uzyskania sekwencji genów mitochondrialnych, ze swej natury łatwiejszych do uzyskania ze zdegradowanego DNA materiałów muzealnych. W ten sposób dodatkowo pozyskano zestaw obejmujący 12 loci i 2395 aminokwasów. Trzeba tutaj podkreślić zastosowanie aktualnych metod stosowanych w filogenetyce, w tym zwłaszcza dynamicznie rozwijającej się, bardzo młodej gałęzi filogenetyki, jaką jest muzeomika.

Analiza tak dużego zestawu danych jest wyzwaniem bioinformatycznym i wymagała wykorzystania mocy obliczeniowych klastra komputerów. Analizy prowadzono stosując parsymonię (dane morfologiczne), największą wiarygodność (maximum likelihood) i metody bayesowskie (dla danych genomowych oraz połączonych zestawów danych), co trzeba uznać za dobry wybór odpowiadający aktualnemu stanowi wiedzy. Wyniki analiz filogenetycznych, ich interpretacja i przełożenie na klasyfikację rodzajową nie budzą zastrzeżeń.

Rewizja rodzaju *Phylacastus* [1] opierała się na morfologii. W przypadku grup o długiej historii badań, typowym problemem są rozbieżności związane z nazewnictwem struktur anatomicznych, które utrudniają prowadzenie kompleksowych analiz. Dlatego autorzy pierwszej w serii publikacji oprócz rewizji skupili się na zredefiniowaniu i nadaniu jednoznacznych nazw strukturom związanym z genitaliami badanych chrząszczy, w tym wprowadzili termin *ancorae*.

W rewizji rodzaju *Eurynotus* [2] pojawiają się pierwsza wersja matrycy cech morfologicznych. Obok zagadnień stricte systematycznych poruszono wątek jajożyworodności. Było to możliwe dzięki pozyskaniu materiału z sekcji (larwy pierwszego

stadium), hodowli i kolekcji muzealnych. Co ważne, jajożyworodność Eurynotini przedstawiono w szerszym kontekście, zestawiając dane z informacjami odnoszącymi się do pokrewnych linii ewolucyjnych Tenebrionidae. Analiza danych bioklimatycznych nie pozwoliła wskazać, czy są one skorelowane ze zjawiskiem jajożyworodności w badanej grupie chrząszczy. Warto podkreślić, że praca została wyróżniona w 2023 r. przez The Coleopterists Society nagrodą Jeana Theodora Lacordaire'a, jako najlepsza publikacja powstała w ramach rozprawy doktorskiej.

Przegląd grupy rodzajowej *Schyzoschelus* [3] obejmował rewizję rodzaju *Schyzochelus* oraz przegląd rodzaju *Heteropsectropus*. Autorom udało się odkryć jajożyworodność *Heteropsectropus difficilis* i opisać stadia preimaginalne tego gatunku, w tym jedyną poczwarkę opisaną w podplemieniu.

W najobszerniejszej pracy filogenetycznej [4] autorzy potwierdzili monofiletyczność badanego podplemienia, a także zrewidowali grupę rodzajową *Oncotus*, uznając ją za niemonofiletyczną. W efekcie wyróżnili grupę *Psectrapus* oraz dokonali szeregu reinterpretacji taksonów w randze podrodzajów i rodzajów.

Wieńcząca cykl monografia [5] jest przeglądem wszystkich 19 rodzajów i 94 gatunków Eurynotina. W ramach monografii zaproponowany nowy status rodzaju *Menederes*. Rozwinięto też wątek jajożyworodności, którą odkryto w rodzajach *Psectrapus* i u *Isoncophallus ovanullum*.

Wszystkie prace cyklu zawierały klasyczne elementy rewizji taksonomicznych, takie jak m.in. nowe synonimizacje (6 na szczeblu rodzajowym oraz 16 na szczeblu gatunkowym) [1, 2, 3, 4, 5], reinterpretacje statusu podrodzajów [4], opisy nowych rodzajów (*Muelleropsectropus* i *Colophonexsula*) [3, 4], opisy 12 nowych gatunków [1, 2, 4, 5] i wyznaczenia lektotypów [2]. Wszystkie publikacje zawierają klucze do oznaczania rodzajów i gatunków będących przedmiotem analiz, zaopatrzone są w bogatą i w większości przypadków klarowną ikonografię dokumentującą cechy morfologiczne, rezultaty analiz filogenetycznych i dane o rozmieszczeniu geograficznym. Eurynotina w obecnym kształcie obejmują 5 linii ewolucyjnych, 19 rodzajów i 94 gatunki.

Uwagi krytyczne

Jak można wnioskować z poprzednich stron recenzji, moja ocena rozprawy doktorskiej p. Ryana Lumena jest bardzo pozytywna. Niemniej zwrócę uwagę na kilka aspektów, które moim zdaniem można było poprawić. Część z nich można rozwinąć w przyszłych publikacjach.

- 1) Zdawkowo potraktowano aspekty związane z rozmieszczeniem poszczególnych gatunków, preferencjami siedliskowymi i ekologią. Z jednej strony jest to uzasadnione bardzo skąpych danymi dla części taksonów, o czym Doktorant wspomina w publikacjach, ale jednak można było pokusić się o zebranie tych niekompletnych informacji i przedstawienie wstępnej syntezy. Niedosyt pozostawiają zaprezentowane fotografie środowisk występowania (np. [2]: fig. 10A, B). Przydałby się do nich szerszy komentarz, zwłaszcza że wzmianki na temat preferencji środowiskowych [4, 5] wskazują że są one bardzo zróżnicowane. Dla Południowej Afryki opublikowano jeden z lepszych na świecie atlasów roślinności (Mucina et al. 2011), dostępny jako warstwy .shp łatwe do zintegrowania z danymi o rozmieszczeniu badanych gatunków.
- 2) W monografii [5] znalazłoby się miejsce na syntetyczne podsumowanie historii badań nad grupą, obejmujące historię opisów poszczególnych taksonów, dynamikę badań, wreszcie informacje o tym, z których obszarów posiadamy wyłącznie dane historyczne, a które były badane w ostatnich dekadach, co pozwoliłoby wyznaczyć kierunki przyszłych badań terenowych.
- 3) Reprodukcyjne etykiety okazów typowych na tablicach w niektórych publikacjach [1, 5] są nieczytelne. Zdecydowanie lepiej było pokazać okazy chrząszczy i etykiety na osobnych tablicach.
- 4) W monografii [5] zabrakło mi wykazu (check-listy) gatunków Eurynotina. Taka lista z podziałem na linie ewolucyjną ułatwiłaby orientację w różnorodności grupy.

Uwagi dodatkowe

Ocenianą rozprawę uznaję za godny naśladowania przykład współczesnych badań nad systematyką chrząszczy. Mając za punkt wyjścia trudną grupę o długiej historii badań i dość zagniatanej klasyfikacji rodzajowej, Doktorant dokonuje reklasyfikacji z dużą dojrzałością badawczą, w oparciu o bardzo szeroki zestaw danych, z uwzględnieniem najnowszych trendów badawczych.

Integracja danych z kolekcji z obserwacjami terenowymi, nowoczesnymi studiami morfologicznymi (w tym stadiów preimaginalnych) i filogenomiką skutkuje zaprezentowaniem solidnie ugruntowanych hipotez i stanowi bardzo dobry fundament dla dalszych badań nad grupą.

Kolekcje w pracy są punktem wyjścia do rozwiązywania klasycznych problemów taksonomicznych, ale też depozytorium cech, które można wykorzystać w nowoczesnej

filogenetyce i badaniach nad biologią. Doktorant świetnie rozumie znaczenie i rolę kolekcji muzealnych we współczesnej nauce, czemu daje wyraz w swoich publikacjach.

Wielokrotnie podkreślana wszechstronność podejścia do rozwiązywanych problemów nie byłaby możliwa do osiągnięcia bez kilku składowych:

- współpracy międzynarodowej obejmującej nie tylko placówki muzealna, ale także wsparcie w analizach danych molekularnych i szeroko pojętych zagadnieniach bioinformatycznych (współpracownicy – Adam M. Rork z University of Connecticut oraz Aaron D. Smith z Purdue University);
- dekad badań nad Tenebrionidae prowadzonych w MIIZ PAN (D. Iwan, M. Kamiński), które umożliwiły wybór atrakcyjnego i realizowalnego przedmiotu rozprawy doktorskiej;
- częściowego finansowania badań z grantu OPUS NCN (2020/37/B/NZ8/02496).

Publikacje składające się na rozprawę doktorską stanowią solidne podstawy dla dalszych badań, które potrzebne są zwłaszcza w odniesieniu do 1) gatunków bardzo nielicznie reprezentowanych w kolekcjach i od dawna nie łowionych; 2) danych dotyczących jajożyworodności, które wymagają obserwacji terenowych, a często także hodowli; 3) badań nad biologią i preferencjami siedliskowymi przedstawicieli Eurynotina.

Ocena końcowa

Oceniana rozprawa doktorska stanowi oryginalne rozwiązanie problemu naukowego, wskazuje na umiejętność samodzielnego prowadzenia pracy naukowej i tym samym spełnia wymagania określone w art. 187 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2018 r. poz. 1668 ze zm.).

Wnioskuje o dopuszczenie Pana Ryana Lumena do dalszych etapów postępowania doktorskiego oraz wyróżnienie rozprawy doktorskiej jako stanowiącej wzorowy przykład rewizji systematycznej wykorzystującej szeroki wachlarz współczesnych, zaawansowanych metod badawczych.

Dr hab. Rafał Ruta