



WYDZIAŁ BIOCHEMII, BIOFIZYKI I BIOTECHNOLOGII

Zakład Biofizyki Obliczeniowej i Bioinformatyki

Prof. dr hab. Marta Pasenkiewicz-Gierula

**Ocena dorobku naukowego dra Łukasza Peplowskiego w związku z postępowaniem
w sprawie nadania stopienia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych
i przyrodniczych w dyscyplinie nauki fizyczne**

1. Sylwetka kandydata

Łukasz Peplowski ukończył studia fizyki na Uniwersytecie Mikołaja Kopernika w Toruniu roku 2004. Pracę magisterską wykonał w Katedrze Biofizyki Instytutu Fizyki pod kierunkiem prof. dr hab. Wiesława Nowaka. W 2009 roku w tej samej jednostce uzyskał stopień doktora na podstawie pracy doktorskiej pt. „Wykorzystanie metod dynamiki molekularnej i bioinformatyki do badania mechanizmów reakcji enzymatycznych, ze szczególnym uwzględnieniem hydratazy nitrylowej”, której promotorem był również prof. dr hab. Wiesław Nowak.

Łukasz Peplowski został zatrudniony na Wydziale Fizyki, Astronomii i Informatyki Stosowanej Uniwersytetu Mikołaja Kopernika w 2008 roku – najpierw jako asystent, a od 2009 jako adiunkt.

W 2011 roku odbył 2-miesięczny staż w firmie Adamed Sp. z o.o. z siedzibą w Pieńkowie. W latach 2016-2019 czterokrotnie przebywał na krótko-terminowych wizytach naukowych w Jiangnan University, Wuxi, Chiny, a także na University of Tsukuba, Japonia.

2. Ocena osiągnięcia naukowego

Oceniane osiągnięcie naukowe pt. „Zastosowanie metod teoretycznej biofizyki obliczeniowej do ulepszania enzymów biotechnologicznych” stanowi cykl ośmiu oryginalnych wieloautorskich (6-10 współautorów) artykułów naukowych (oznaczonych H1-H8). Te artykuły zostały opublikowane w latach 2018-2022 w czasopiśmie z bazy Journal Citation Reports (JCR). Ich sumaryczny IF jest bardzo wysoki i wynosi 51.9 (IF od 4.4 do 10.0, średnio 6.5/pracę). Zgodnie z danymi z listopada 2022, prace te były cytowane 77 razy. Należy podkreślić, że prace H1 i H2 zostały opublikowane w 2022 roku i do połowy listopada nie były jeszcze cytowane. W czterech (H2, H4, H5, H6) spośród ośmiu artykułów habilitant

jest autorem korespondującym. Udział habilitanta we wszystkich pracach jest bardzo dobrze określony i zasadniczy. W badaniach opisanych w tych pracach, tylko dr Peplowski oraz pracująca pod jego kierunkiem doktorantka, mgr Julia Berdychowska (prace H2 i H5) stosują metody komputerowe. Pozostała część badań prowadzona jest metodami doświadczalnymi przez zespoły chińskie.

Obiektem przedstawionych prac jest przede wszystkim hydrataza nitrylowa, enzym przekształcający nityle alifatyczne w odpowiednie amidy kwasowe, a także fosforylaza sacharozy, enzym katalizujący rozkład sacharozy do fruktozy. Oba enzymy mają zastosowania przemysłowe. Siedem prac osiągnięcia naukowego dr Ł. Peplowskiego dotyczy hydratazy nitrylowej, a jedna (H6) fosforylasy sacharozy. Prace te mają dwa równoległe cele. Pierwszym jest zaproponowanie takich modyfikacji strukturalnych tych enzymów, aby zwiększyć ich aktywność katalityczną, termostabilność oraz selektywność względem wybranych substratów. Drugim, bardzo istotnym z naukowego punktu widzenia, a możliwym do osiągnięcia jedynie metodami komputerowymi, jest szczegółowe wyjaśnienie, co zaproponowane modyfikacje strukturalne zmieniają na poziomie molekularnym, że enzymy działają efektywniej.

Tematycznie spójne prace, przedstawione jako osiągnięcie naukowe, prowadzone były zarówno metodami eksperymentalnymi jak i obliczeniowymi w ścisłej współpracy między Katedrą Biofizyki UMK w Toruniu a jednostkami badawczymi w Chinach. Jednostki chińskie były odpowiedzialne za część eksperymentalną badań. Część obliczeniowa była wykonana przez habilitant osobiście lub przy wsparciu doktorantki, mgr Julii Berdychowskiej, z wykorzystaniem infrastruktury obliczeniowej Interdyscyplinarnego Centrum Nowoczesnych Technologii, NCU, w Toruniu. Obliczenia prowadzone były metodami klasycznego modelowania molekularnego i bioinformatycznymi.

Zwiększenie aktywności katalitycznej hydratazy nitrylowej

W pracy H1 wykazano, że gdy znajdujące się na początku kanału prowadzącego do centrum katalitycznego hydratazy nitrylowej z *Pseudonocardia Thermophila* (PtNHaza), dwa aminokwasy niepolarne zostaną zamiane na dodatnio naładowane to aktywność tego enzymu zwiększa się od kilku- do kilkunastokrotnie w stosunku do białka występującego naturalnie. Zastosowanie klasycznego modelowania molekularnego pozwoliło wyjaśnić jakie atomowo-cząsteczkowe mechanizmy są odpowiedzialne za ten wzrost. Jego wyniki pokazały, że łańcuchy boczne obu dodatnio naładowanych reszt reorientują się tak, by oddziaływać z wodą

(polarnym rozpuszczalnikiem). To pociągało za sobą zmianę w ich oddziaływaniach z innymi resztami kanału i jego powiększenie, co z kolei zwiększyło dostępności miejsca katalitycznego dla większych substratów. Mutacje miały też wpływ na dynamikę w obrębie podjednostki białka, co sprawiało częstsze otwieranie kanału prowadzącego do centrum aktywnego enzymu.

W pracy H2 badano hydratazę nitrylową z *Streptomyces thermoautotrophicus* (StNHaza). Zastosowano w niej podobną metodologię jak w pracy H1, jednak nie na rozwiązanej strukturze krystalicznej enzymu, ale, ze względu na jej brak, na jej wiarygodnym modelu homologicznym. Ten model zbudowała doktorantka, mgr Julia Berdychowska pracująca pod nadzorem habilitanta. Tutaj również zamiana reszty znajdującej się na brzegu kanału wiążącego z niepolarnej na naładowaną (ujemnie) spowodowała większą dostępność substratów do centrum katalitycznego. Wymiana reszty niepolarnej na naładowaną umożliwiała pełne otwarcie kanału oraz wzmacniała aktywność katalityczną aminokwasu związanego z centrum.

Zwiększenie termostabilności badanych enzymów

Badania eksperymentalne opisane w pracy H3 pokazały, że wprowadzenie dodatkowego łącznika między podjednostkami hydratazy nitrylowej z *Pseudomonas putida* (PpNHaza) zwiększa jej termostabilność, jednak wyraźnie redukuje jej wydajność enzymatyczną. Białko z połączonymi podjednostkami nazwano Fus-NHaza. Habilitant, używając metod komputerowych, przewidział reszty, których wymiana może zwiększyć zarówno termostabilność jak i wydajność Fus-NHazy. Tutaj również korzystny efekt uzyskano przez zmianę reszt niepolarnych na polarne czy naładowane, a także łańcucha liniowego na pierścieniowy. Wymienione reszty tworzyły znacznie więcej krótko-zasięgowych oddziaływań z innymi resztami niż miało to miejsce w białku natywnym, co korzystnie wpłynęło na stabilizację strukturalną Fus-NHazy oraz jej termostabilność i aktywność katalityczną.

Na podstawie analizy komputerowej przeprowadzonej w pracy H4 zostało przewidzianych 10 reszt aminokwasowych hydratazy nitrylowej z *Pseudonocardia thermophila* (PtNHaza), których mutacja zwiększy termostabilność enzymu. Wariant PtNHazy ze wszystkimi wymienionymi resztami nazwano M10. Wyniki eksperymentalne wykazały znacznie wyższą termostabilność i aktywność enzymatyczną M10 w porównaniu do białka natywnego. Wyjaśnienie atomowo-cząsteczkowych mechanizmów wywołujących korzystne zmiany we

własnościach enzymu wymagało przeprowadzenie przez habilitanta symulacji dynamiki molekularnej całego tetrameru enzymu i było wielkim wyzwaniem obliczeniowym. Te symulacje wykazały większą stabilność dynamiczną i zwartość cząsteczki M10 i wynikającą stąd lepszą stabilizację struktury centrum katalitycznego niż ma to miejsce w *PtNHaze*. Habilitant przeanalizował i wyjaśnił wpływ poszczególnych mutacji na zmianę własności enzymu.

W pracy H5 opisane jest inne podejście do zwiększenia termostabilności. Tutaj podjednostki hydratazy nitrylowej z *Pseudomonas putida* (*PpNHaza*) połączono trzema typami linkerów o powtarzającej się krótkiej sekwencji aminokwasowej, z różną liczbą powtórzeń i różnych własnościach strukturalno-fizycznych. Liczba powtórzeń sekwencji wynosiła 1, 4 i 8. Linkery z większą liczbą powtórzeń indukowały wyższą termostabilność, a także nieco zwiększoną aktywność katalityczną enzymu. Wzrost termostabilności enzymu był podobny dla wszystkich typów 8-powtórzeniowych linkerów, jednak wzrost aktywności katalitycznej był największy dla wariantu A8 (zgodnie z nazewnictwem w H5). Aby zrozumieć, co na poziomie atomowym i cząsteczkowym zmienia wprowadzenie linkera do struktury enzymu, habilitant zbudował trzy modele strukturalne enzymu z podjednostkami połączonymi 8-powtórzeniowymi linkerami. Analizy komputerowe ich statycznych struktur, a także dynamicznej struktury białka natywnego i wariantu A8 wykazały, że obecność linkerów generuje w układzie nowe krótko-zasięgowe oddziaływania między grupami chemicznymi podjednostek, co zwiększa powierzchnię ich oddziaływania. Te dodatkowe oddziaływania wzmacniają zwartość i stabilizują strukturę tetrameru enzymu, a tym samym zwiększają jego termostabilność i aktywność.

W pracy H6 wykorzystano doświadczenie i narzędzia komputerowe zdobyte i zbudowane w badaniach opisanych w pracach H1-H5 do wyjaśnienia poprawy termostabilności innego enzymu, fosforylazy sacharozy pochodzącej z *Leuconostoc mesenteroides* (*LmSPaza*). Tę poprawę uzyskano wymieniając cztery reszty, w większości polarne na niepolarne. Zaproponowane do wymiany reszty zostały wskazane w analizie komputerowej przeprowadzonej na modelu homologicznym enzymu, gdyż jego struktura przestrzenna nie była rozwiązana. Badania eksperymentalne wykazały, że najwyższą aktywność i termostabilność ma jeden z czterech wariantów enzymu, T219L, a wariant, w którym wymienione są wszystkie cztery wskazane reszty, Mut4, ma podobne, choć nieco gorsze parametry. By wyjaśnić jakie mechanizmy molekularne powodują korzystne zmiany

własności enzymu po wprowadzeniu mutacji, zbudowano modele komputerowe białka natywnego oraz wariantów T219L i Mut4. Ich komputerowa analiza porównawcza wykazała, że przyczyną polepszenia jest utworzenie się, na skutek wymiany polarnej reszty (tyrozyny) w pozycji 219 na niepolarną (leucynę), hydrofobowego rdzenia w pobliżu centrum katalitycznego, które stabilizuje ten obszar białka.

Zwiększenie selektywności badanych enzymów

Ostatnia seria publikacji osiągnięcia naukowego dr Peplowskiego, to prace H7 i H8. Dotyczą one wykorzystania metod komputerowych do wskazania takich modyfikacji struktury hydratazy nitrylowej z *Rhodococcus rhodochrous* (L-NHaza), które prowadzą do otrzymania stereoselektywnego wariantu białka (H7) lub katalizującego tylko jedną grupę nitrylową liganda (H8). Z braku rozwiązanej struktury przestrzennej L-NHazy, w badaniach opisanych w obu pracach użyto przewidzianego przez habilitanta modelu homologicznego enzymu. W H7, przez kolejne dokowanie i wyciąganie liganda w dwóch formach chiralnych, habilitant zidentyfikował cztery potencjalne reszty, których wymiana mogłaby ograniczyć katalizę tylko do jednej formy chiralnej liganda. W badaniach eksperymentalnych wariant z wymienioną fenyloalaniną na histydynę (F37H) okazał się najkorzystniejszy zarówno pod względem stereoselektywności jak i wydajności. Analiza komputerowa wykazała, że w wariantcie F37H różne enancjomery układają się różnie względem centrum katalitycznego i dla jednej formy reakcja zachodzi, a dla drugiej praktycznie nie – uzyskana stereoselektywność wynosiła ~97%.

W pracy H8 poszukiwane były mutacje w L-NHazie, dzięki którym tylko jedna grupa katalizowanego związku dinitrylowego ulega hydratacji. Stosując dokowanie czterech wybranych ligandów do miejsca wiązania enzymu habilitant wskazał reszty, które mają wpływ na orientację zadokowanego liganda. Badania eksperymentalne na białku z zaproponowanymi do wymiany resztami pokazały, że dwa warianty zmutowanego enzymu są skuteczne, ale dalsze poszukiwania komputerowe przewidziały, że równoczesna wymiana dwóch reszt daje enzym całkowicie selektywny. Skuteczność podwójnej mutacji wynikała stąd, że w wariantcie z podwójną mutacją tylko jedna z grup nitrylowych jest blisko centrum katalitycznego, podczas gdy w białku dzikim obie grupy są blisko.

Ocena udziału dr Łukasza Peplowskiego w badaniach prowadzonych w ramach osiągnięcia naukowego

Prace osiągnięcia naukowego dra Peplowskiego są bardzo dobrym przykładem sukcesu, gdy w badaniach na styku biologii strukturalnej i biotechnologii dopełniająco stosuje się podejście eksperymentalne i obliczeniowe. Część obliczeniowa prowadzonych w ramach osiągnięcia badań spoczywała w całości na barkach habilitanta. Jej sukces był wynikiem wcześniejszych badań, w których habilitant sparametryzował niestandardowe centrum aktywne hydratazy nitrylowej zawierające trójwartościowy jon kobaltu oraz dwie potranslacyjnie zmodyfikowane cysteiny; a także odpowiedniej modyfikacji używanego w badaniach oprogramowania.

Wszystkie prace osiągnięcia mają wielkie znaczenia aplikacyjne. W większości z nich habilitant zaproponował, na podstawie wnikliwej analizy komputerowej, zarówno statycznych jak i dynamicznych modeli enzymów i ich ligandów, które reszty aminokwasowe enzymu i na jakie powinny zostać wymienione, aby uzyskać określoną poprawę jego własności. Natomiast w każdej z prac przeprowadził równie wnikliwe analizy, które wskazały molekularne mechanizmy będące przyczyną poprawy tych własności. Oba typy analiz nadają pracom wielki walor poznawczy i dość nieoczekiwanie pokazują, że zastosowanie klasycznego modelowania molekularnego w pracach nad poprawą aktywności enzymatycznej białka daje zdumiewająco dobry wynik. Demonstruje to, że dla wyjaśnienia procesów zachodzących na poziomie molekularnym niezbędne jest podejście zarówno biochemiczne jak i biofizyczne przy wykorzystaniu zarówno narzędzi eksperymentalnych jak i obliczeniowych.

Umiejętności habilitanta w posługiwaniu się i odpowiednim doborze metod komputerowych, budowaniu narzędzi badawczych oraz w wyjaśnianiu mechanizmów są bezsporne. Z punktu widzenia habilitacji, jako formalnego potwierdzenia dojrzałości habilitanta do prowadzenia samodzielnych badań naukowych, kierowania zespołem i nadzoru nad doktorantami, każda publikacja osiągnięcia naukowego dra Ł. Peplowskiego jest dowodem na to, że już dawno osiągnął samodzielność i ma potencjał kierowania zespołem.

Autoreferat habilitanta nie podlega ocenie, jednak ze względu na fakt, że habilitacja zmienia status pracownika uczelni z „pomocniczego” na „samodzielny”, który daje prawo prowadzenia prac doktorskich i wykładów, to jednak muszę odnieść się też do autoreferatu napisanego po polsku. Autoreferat napisany jest ciekawie, badania są szczegółowo, ale zwięźle opisane, jednak jego strona językowa stoi w wielkim kontraście do jego strony merytorycznej. Habilitant dość nieporadnie posługuje się językiem polskim i robi dużo błędów językowych. Dla przykładu wypisałam kilka z nich:

Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii UJ
Zakład Biofizyki Obliczeniowej i Bioinformatyki

„struktura krystalograficzna” zamiast „struktura krystaliczna”; „ilość wiązań” zamiast „liczba wiązań”; stawia kropkę na końcu tytułów rozdziałów; stawia kropkę po mgr (doktorantka mgr. Julia Berdychowska); „na skutek współpracy” zamiast „dzięki współpracy”; „wyjaśnić tą regioselektywność” zamiast „wyjaśnić tę regioselektywność”; w wielu miejscach brakuje przecinków i inne.

3. Ocena pozostałego dorobku naukowego

Oprócz 8 artykułów zaliczanych do osiągnięcia naukowego, dr Łukasz Peplowski opublikował 10 prac (oznaczonych P1-P10) w czasopismach z bazy JCR, o wysokim IF. Wszystkie te prace są współautorskie; w trzech z nich habilitant jest korespondującym autorem. Współautorzy sześciu prac pochodzą z polskich grup badawczych, tj. z zespołu prof. dr hab. Wiesława Nowaka z Uniwersytetu Mikołaja Kopernika w Toruniu i współpracujących z nim grup, a w jednym przypadku również z Ukrainy; współautorzy czterech pozostałych pochodzą z zespołów chińskich. Problematyka tych prac jest różnorodna, a wykorzystane przez habilitanta metody obejmują zarówno klasyczne modelowanie molekularne jak i chemię kwantową.

W pracach P1 i P2 użył klasycznego modelowania do badania własności mechanicznych wybranych białek. W pracy P4 użył podobnej metodologii do badania własności mechanicznych DNA. W pracach P3 i P7 przeprowadził obliczenia kwantowo-mechaniczne w celu wygenerowania i analizy statystycznej widm podczerwieni oraz Ramana wybranych drobno-cząsteczkowych związków chemicznych. Opracowana analiza umożliwiła identyfikację związków chemicznych na podstawie ich widm podczerwieni. Prace P5 i P10 były wykonane metodami klasycznego modelowania molekularnego i były poświęcone dwóm białkom opiekuńczym, które aktywują hydratazę nitrylową (NHaza) przez dostarczanie jonu kobaltu do jej centrum aktywnego. Na podstawie przeprowadzonych badań, zaproponowano mechanizm dostarczania jonu kobaltu do centrum aktywnego NHazy oraz związek między aktywnością ATPazową aktywatora NHazy a poprawnym aktywowaniem NHazy. Praca P6 jest analogiczna do pracy H6 – tu też badano wpływ mutacji fosforylazy sacharozy na jej termostabilność i wskazano mutacje poprawiające zarówno aktywność katalityczną jak i termostabilność enzymu. W pracy H8, habilitant występował jedynie w roli specjalisty od wpływu pola magnetycznego na organizmy żywe. Praca P9 jest analogiczna do pracy H2. W tej pracy habilitant pełnił głównie rolę eksperta – przekazywał współpracownikom chińskim wiedzę

dotyczącą parametryzacji jak i budowy modeli, a także analizy trajektorii wygenerowanych w symulacjach dynamiki molekularnej.

Należy podkreślić, że przed uzyskaniem stopnia doktora nauk fizycznych, mgr Łukasz Peplowski opublikował cztery oryginalne prace badawcze w czasopismach z bazy JCR, również o istotnym IF. Trzy z tych prac były wstępem do badań opisanych w jego osiągnięciu naukowym.

Dr Łukasz Peplowski nawiązał długoletnią ścisłą i bardzo owocną współpracę z dwoma grupami na Jiangnan University w Chinach, gdzie odbył kilka krótkich wizyt badawczych, a także z University of Tsukuba w Japonii. Współpracował też z kilkoma ośrodkami naukowymi w Polsce.

Do czasu wystąpienia o nadanie stopnia doktora habilitowanego, dr Łukasz Peplowski zaprezentował, w formie plakatów lub ustnie, wyniki swoich badań na 23 międzynarodowych konferencjach z czego sześć poza Polską. Wygłosił też 5 referatów na zaproszenie, przede wszystkim na Jiangnan University w Chinach.

Od 2008 roku jest członkiem Polskiego Towarzystwa Bioinformatycznego, a od 2022 roku jest członkiem w zasadzie międzynarodowego towarzystwa Biophysical Society z siedzibą w Maryland, USA.

Liczbowe podsumowanie całej działalności publikacyjnej habilitanta (dane z listopada 2022):

| | |
|--|-------|
| Liczba publikacji w czasopismach z bazy WoS: | 22 |
| Sumaryczny impact factor wszystkich prac: | 83.21 |
| Liczba cytowań publikacji według bazy WoS: | 181 |
| (bez autocytowań) | 152 |
| Indeks Hirscha według bazy WoS: | 9 |

Dr Łukasz Peplowski aktywnie uczestniczył w czterech projektach badawczych finansowanych przez Narodowe Centrum Nauki oraz przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego – jako kierownik (MINIATURA 2, NCN, 2018/02/X/NZ2/00220) i jako wykonawca (OPUS 12, NCN; N N202 262038, MNiSW; N N202 0852 33, MNiSW). Był wykonawcą w grantzie Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego (RPKP.05.04.00-04-001/10). Był lub jest kierownikiem lub wykonawcą czterech grantów wewnętrznych finansowanych przez Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu.

Nawiązał też współpracę z firmą farmaceutyczną ADAMED Pharma S.A.

Był recenzentem 17 artykułów naukowych do 10 czasopism zagranicznych i dwóch artykułów do czasopisma Polskiej Akademii Nauk.

Był członkiem komisji oceniających wnioski studentów i doktorantów o finansowanie aktywności badawczej w ramach różnych programów.

4. Ocena działalności dydaktycznej, organizacyjnej i popularyzującej naukę

Dr Łukasz Peplowski jest aktywnym nauczycielem akademickim. Koordynuje i prowadzi szereg kursów (wykłady, konwersatoria, ćwiczenia, laboratoria, pracownie) dla studentów studiów I i II stopnia oraz dla doktorantów na Wydziale Fizyki, Astronomii i Informatyki Stosowanej Uniwersytetu Mikołaja Kopernika w Toruniu. Są to kursy z modelowania komputerowego, bioinformatyki, biologicznych i medycznych baz danych, teorii niezawodności, fizyki, informatyki, języków programowania i systemów komputerowych, a także inne bardziej szczegółowe kursy. Koordynowane przez siebie kursy przygotował od podstaw. Do wszystkich prowadzonych kursów przygotował materiały dydaktyczne w formie instrukcji lub prezentacji. Dla doktorantów zagranicznych prowadzi zajęcia i przygotował materiały dydaktyczne w języku angielskim.

Do czasu złożenia wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego, był promotorem pomocniczym trzech zakończonych przewodów doktorskich, opiekunem sześciu zakończonych prac magisterskich, czterech prac inżynierskich, jednej pracy licencjackiej, a w toku jest dalsza praca magisterska. Recenzował też kilka prac magisterskich, inżynierskich i licencjackich. W 2021 roku był członkiem komisji oceniającej najlepsze prace magisterskie i inżynierskie na WFAiIS UMK, a także dwukrotnie członkiem komisji rekrutacyjnej doktorantów do szkoły doktorskiej Nauk Ścisłych i Przyrodniczych, UMK finansowanych ze środków NCN.

Ponadto, od 2019 roku dr Peplowski jest koordynatorem programu PROM, na który zdobył fundusze z programu NAWA. Od 2006 roku jest stałym członkiem komitetu organizacyjnego corocznej, międzynarodowej konferencji BIT BioInformatics in Toruń (łącznie 17 konferencji), a od 2015 roku jestem jego przewodniczącym. Był wielokrotnie członkiem Uczelnianej Komisji Rekrutacyjnej na UMK, a dwukrotnie jej sekretarzem. Od 2019 roku jest członkiem Rady Dyscypliny Nauk Fizycznych UMK. Od wielu lat jest kierownikiem,

administratorem, współprojektantem zakładowych, wydziałowych i uczelnianych pracowni komputerowych.

W ramach popularyzacji nauki, brał wielokrotnie udział w różnych dyskusjach i imprezach naukowych przeznaczonych dla szerokiego grona zainteresowanych słuchaczy, a także przeznaczonych dla uczniów szkół ponadpodstawowych. Prowadził też warsztaty w ramach programu „Regionalne koła fizyczne, matematyczne, informatyczne i astronomiczne” skierowanego do uczniów szkół ponadgimnazjalnych; w tych programach i warsztatach uczestniczyli uczniowie z kilkudziesięciu szkół.

Działalność dydaktyczną, organizacyjną i popularyzatorską habilitanta oceniam bardzo wysoko.

5. Wniosek końcowy

Dr Łukasz Peplowski ma poważny, o dużym znaczeniu naukowym i aplikacyjnym dorobek. Osiągnięcie naukowe dra Łukasza Peplowskiego spełnia kryteria art. 219 ust. 1 pkt 2 ustawy z 2018 roku „Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce”. Osiągnięcie oraz pozostały dorobek naukowy, a także aktywność dydaktyczna i organizacyjna wskazują, że habilitant jest w pełni dojrzały do samodzielnej pracy naukowo-dydaktycznej.

Zwracam się więc do Rady Dyscypliny Nauki Fizyczne Uniwersytetu Mikołaja Kopernika w Toruniu z wnioskiem o nadanie doktorowi Łukaszowi Peplowskiemu stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki fizyczne.

Ze względu na unikalny wkład dra Łukasza Peplowskiego w wyjaśnienie związku między wpływem międzyatomowych oddziaływań fizycznych i lokalnych zmian strukturalnych wybranych enzymów na ich aktywność katalityczną zgłaszam wniosek o wyróżnienie osiągnięcia naukowego habilitanta.

M. Paszkuć - awala