

Instytut Biologii
Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w
Warszawie
ul. Nowoursynowska 159
02-776 Warszawa
za pośrednictwem:
Rady Doskonałości Naukowej
pl. Defilad 1
00-901 Warszawa
(Pałac Kultury i Nauki, p. XXIV, pok. 2401)

Dr inż. Magdalena Pawełkiewicz (rod. Kowalczyk)
Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin
Instytut Biologii
Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie
ul. Nowoursynowska 159
02-776 Warszawa

Wniosek

z dnia 09.07.2022

o przeprowadzenie postępowania w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego
w dziedzinie **nauk ścisłych i przyrodniczych** w dyscyplinie¹ **nauki biologiczne**

Osiągnięcie naukowe stanowi siedem powiązanych ze sobą tematycznie prac
naukowych pod tytułem: „**Charakterystyka zmienności genetycznej wybranych linii**
ogórka z zastosowaniem technik omicznych.”

Wnoszę – na podstawie art. 221 ust. 10 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie
wyższym i nauce (Dz. U. z 2021 r. poz. 478 zm.) – aby komisja habilitacyjna podejmowała
uchwałę w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego w głosowaniu **tajnym/jawnym**^{*2}

Zostałem poinformowany, że:

*Administratorem w odniesieniu do danych osobowych pozyskanych w ramach postępowania w
sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego jest Przewodniczący Rady Doskonałości Naukowej
z siedzibą w Warszawie (pl. Defilad 1, XXIV piętro, 00-901 Warszawa).*

*Kontakt za pośrednictwem e-mail: kancelaria@rdn.gov.pl, tel. 22 656 60 98 lub w siedzibie organu.
Dane osobowe będą przetwarzane w oparciu o przesłankę wskazaną w art. 6 ust. 1 lit. c)
Rozporządzenia UE 2016/679 z dnia 27 kwietnia 2016 r. w związku z art. 220 - 221 oraz art.
232 – 240 ustawy z dnia 20 lipca 2018 roku - Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce, w celu
przeprowadzenie postępowania o nadanie stopnia doktora habilitowanego oraz realizacji praw i
obowiązków oraz środków odwoławczych przewidzianych w tym postępowaniu.*

*Szczegółowa informacja na temat przetwarzania danych osobowych w postępowaniu dostępna jest
na stronie www.rdn.gov.pl/klauzula-informacyjna-rodz.html*

.....*Magdalena Pawełkiewicz*.....
(podpis wnioskodawcy)

¹ Klasyfikacja dziedzin i dyscyplin wg. rozporządzenia Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 20 września 2018 r. w sprawie dziedzin nauki i dyscyplin naukowych oraz dyscyplin w zakresie sztuki (Dz. U. z 2018 r. poz. 1818).

² * Niepotrzebne skreślić.

Załączniki:

1. Kopia dyplomu doktora
2. Dane wnioskodawcy
3. Autoreferat
4. Wykaz osiągnięć naukowych albo artystycznych, stanowiących znaczny wkład w rozwój określonej dyscypliny
5. Publikacje wchodzące w skład osiągnięcia
6. Oświadczenia współautorów
7. Kopie potwierdzeń ważniejszych działań przedstawionych w wykazie osiągnięć

.....*Magdalena Pawłowska*.....
(podpis wnioskodawcy)

AUTOREFERAT

dr inż. Magdalena Pawełkiewicz

Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin

Instytut Biologii

Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

Warszawa, 2022

1. DANE OSOBOWE

Dr inż. Magdalena Pawełkiewicz (rod. Kowalczyk)
Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Instytut Biologii
Szkola Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie
ul. Nowoursynowska 159, 02-776 Warszawa
Orcid ID: 0000-0002-1621-8886

2. POSIADANE DYPLOMY, STOPNIE NAUKOWE LUB ARTYSTYCZNE – Z PODANIEM PODMIOTU NADAJĄCEGO STOPIEŃ, ROKU ICH UZYSKANIA ORAZ TYTUŁU ROZPRAWY DOKTORSKIEJ.

1999 – 2004 – doktor nauk rolniczych, w zakresie ogrodnictwa, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Wydział Ogródnictwa i Architektury Krajobrazu, Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, temat: „Analiza porównawcza produktów ekspresji genów w pąkach kwiatowych ogórka *Cucumis sativus* L., obrona: lipiec 2004

1994 – 1999 – magister inżynier, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Wydział Ogródnictwa i Architektury Krajobrazu, Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, temat: „Molekularna charakterystyka transgenicznych roślin ogórka z wprowadzonym genem taumatyny”, obrona: lipiec 1999

3. INFORMACJA O DOTYCHCZASOWYM ZATRUDNIENIU W JEDNOSTKACH NAUKOWYCH LUB ARTYSTYCZNYCH.

- **01.10.2019 – obecnie** Adiunkt - Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Instytut Biologii, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie
- **30.12.2004 – 01.10.2019** Adiunkt - Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Wydział Ogródnictwa, Biotechnologii i Architektury Krajobrazu, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie,
- **20.09.2004 – 30.11.2004** Starszy referent techniczny - Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Wydział Ogródnictwa i Architektury Krajobrazu, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie,
- 26.09.2005 – 28.02.2006 – urlop macierzyński/rodzicielski
- 21.03.2008 – 21.03.2009 – urlop macierzyński/rodzicielski

4. OMÓWIENIE OSIĄGNIĘĆ, O KTÓRYCH MOWA W ART. 219 UST. 1 PKT. 2 USTAWY.

a) tytuł osiągnięcia naukowego

Charakterystyka zmienności genetycznej wybranych linii ogórka z zastosowaniem technik omicznych.

b) (autor/autorzy, tytuł/tytuły publikacji, rok wydania, nazwa wydawnictwa),

*autor korespondencyjny

Liczba cytowań podana wg Web Of Science Core Collection 01.05.2022

MNiSW – Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego

MEiN – Ministerstwo Edukacji i Nauki

IF – Impact Factor

H1. Magdalena Pawełkowicz, Konrad Zieliński, Dorota Zielińska, Wojciech Pląder, Kouhei Yagi, Michał Wojcieszek, Ewa Siedlecka, Grzegorz Bartoszewski, Agnieszka Skarzyńska, Zbigniew Przybecki*; Next generation sequencing and omics in cucumber (*Cucumis sativus* L.) breeding directed research. Plant Science, 242, 77-88; (2016)

IF 2016 = 3.437 lista MNiSW 2016: 35 pkt.

IF 2021 = 4.729 lista MEiN 2021: 100 pkt.

liczba cytowań: 26

H2. Magdalena Ewa Pawełkowicz*, Agnieszka Skarzyńska, Wojciech Pląder, Zbigniew Przybecki; Genetic and molecular bases of cucumber (*Cucumis sativus* L.) sex determination. Molecular Breeding, 39(3), 50; (2019).

IF 2019 = 2.149 lista MNiSW 2019: 70 pkt.

IF 2021 = 2.589 lista MEiN 2021: 70 pkt.

liczba cytowań: 18

H3. Magdalena Pawełkowicz*, Leszek Pryszcz, Agnieszka Skarzyńska, Rafał K Wóycicki, Kacper Posyniak, Jacek Rymuszka, Zbigniew Przybecki, Wojciech Pląder; Comparative transcriptome analysis reveals new molecular pathways for cucumber genes related to sex determination. Plant Reproduction, 32(2), 193-216; (2019).

IF 2019 = 3.957 lista MNiSW 2019: 100 pkt.

IF 2021 = 3.767 lista MEiN 2021: 100 pkt.

liczba cytowań: 13

H4. Paweł Osipowski, Magdalena Pawełkowicz*, Michał Wojcieszek, Agnieszka Skarzyńska, Zbigniew Przybecki, Wojciech Pląder*; A high-quality cucumber genome assembly enhances computational comparative genomics. Molecular Genetics and Genomics, 295(1), 177-193; (2020).

IF 2020 = 3.291 lista MNiSW 2020: 100 pkt.

IF 2021 = 3.291 lista MEiN 2021: 100 pkt.

liczba cytowań: 18

H5. Magdalena Ewa Pawełkowicz*, Agnieszka Skarzyńska, Małgorzata Sroka, Maria Szwacka, Tomasz Pniewski, Wojciech Pląder*; Effect of transgenesis on mRNA and miRNA profiles in cucumber fruits expressing thaumatin II. Genes, 11(3), 334; (2020).

IF 2020 = 4.096 lista MNiSW 2020: 100 pkt.
IF 2021 = 4.096 lista MEiN 2021: 100 pkt. liczba cytowań: 4

H6. Magdalena Ewa Pawełkowicz*, Agnieszka Skarzyńska, Tomasz Mróz, Estelle Bystrzycki, Wojciech Pląder; Molecular insight into somaclonal variation phenomena from transcriptome profiling of cucumber (*Cucumis sativus* L.) lines. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*; 27; (5) 985 – 996; (2021).

IF 2020 = 2.711 lista MNiSW 2020: 100 pkt.
IF 2021 = 2.711 lista MEiN 2021: 100 pkt. liczba cytowań: 4

H7. Magdalena Ewa Pawełkowicz*, Agnieszka Skarzyńska, Marek Daniel Koter, Szymon Turek, Wojciech Pląder; miRNA Profiling and Its Role in Multi-Omics Regulatory Networks Connected with Somaclonal Variation in Cucumber (*Cucumis sativus* L.). *International Journal of Molecular Sciences*; 23; (8) 4317; (2022).

IF 2021 = 5.923 lista MEiN 2021: 140 pkt. liczba cytowań: 0

c) omówienie celu naukowego ww. -prac i osiągniętych wyników wraz z omówieniem ich ewentualnego wykorzystania.

Ogórek (*Cucumis sativus*) jest warzywem o dużym znaczeniu gospodarczym, uprawianym w prawie wszystkich krajach strefy umiarkowanej na świecie. Polska znajduje się w czołówce producentów ogórków w Unii Europejskiej. Mimo, iż jest jednym z ważniejszych ekonomicznie upraw na świecie, to przez ostatnie 10 lat średnie plony ogórków świeżych i przetworzonych praktycznie się nie zmieniły (<http://faostat.fao.org>). Dlatego też, aby zwiększyć plon i poprawić jego jakość, konieczne jest opracowanie nowych zasobów, które można wykorzystać do identyfikacji genów i szlaków molekularnych prowadzących do wytworzenia ważnych cech użytkowych. W momencie rozpoczynania badań składających się na przedstawiane osiągnięcie naukowe, wiedza na temat genomu ogórka, jego organizacji, struktury i funkcji genów była ograniczona i fragmentaryczna, mimo iż pojawiły się doniesienia o zsekwencjonowanych genomach. Pod względem genetycznym ogórek jest diploidem a wielkość genomu szacowana jest na 367 MB. Zsekwencjonowanie genomu i jego odpowiednie złożenie było dużym wyzwaniem ze względu na występujące elementy repetytywne. Genom ogórka został zsekwencjonowany przez trzy niezależne zespoły: linia chińska 9930 (GenBank: GCA_000004075.2) (Huang i wsp. 2009), amerykańska Gy14 (<http://wenglab.horticulture.wisc.edu/>) (Cavagnaro i wsp. 2010); i północno-europejska B10 - B10v1 (GenBank: GCA_000224045.1) zsekwencjonowana przez zespół Katedry Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin (Wóycicki i wsp. 2011). Jakość tych genomów na tamten czas była dość dobra, biorąc pod uwagę to, że zostały otrzymane z krótkich odczytów z wykorzystaniem technologii Illumina należącej do metod sekwencjonowania drugiej generacji. Niemniej jednak, pokrycie było ledwo ponad 50% (9930 – 53%, Gy14 i B10v1 -52%) a liczba skafoldów stanowiących szkic genomu była duża 11,366, 13,604 i 16,545 dla poszczególnych genomów. Nowe technologie sekwencjonowania umożliwiają masowe sekwencjonowanie genomów, transkryptomów i miRNome'ów, co pozwala na pozyskiwanie danych z wielu poziomów omicznych. W erze postgenomicznej dostępność narzędzi i zasobów genomicznych umożliwia stosowanie nowatorskich i bardzo wydajnych metod hodowli roślin, ponieważ ułatwiają one badanie genotypu i jego związku z fenotypem, zwłaszcza w przypadku cech złożonych.

Celem przedstawianego osiągnięcia, na które składa się siedem prezentowanych prac **H1 – H7** było pozyskanie i zintegrowanie danych z wielu poziomów omicznych dla ogórka. Podjęłam ukierunkowane badania naukowe w celu poszerzenia i wzmocnienia zasobów genomicznych i transkryptomicznych oraz wykorzystania ich do dogłębnego scharakteryzowania struktury genomu. Ważnym aspektem badań było określenie profili transkryptomicznych w kontekście rozmnażania i determinacji płci roślin ogórka oraz wpływu hodowli kultur *in-vitro* i transgenezy na zmienność transkryptomów w owocach. W konsekwencji, uzyskane dane pozwolą na lepsze zrozumienie i kontrolę cech istotnych dla produktywności i jakości upraw. Pierwszym etapem prac składających się na niniejsze osiągnięcie było rozpoznanie możliwości narzędzi omicznych w badaniu ważnych jakościowo cech ogórka.

W pracy H1 przedstawiłam rolę nowoczesnych technik sekwencjonowania w połączeniu z metodami klasycznymi dla ogórka (*Cucumis sativus* L.) omawiając: trendy badań naukowych, użyteczność wybranych narzędzi NGS w technologii mapowania, genomiki strukturalnej, w analizach ekspresji genów i analizach funkcjonalnych a także zwróciłam uwagę na platformy Tilling w identyfikacji nowych alleli przydatnych w hodowli oraz na osiągnięcia w zakresie genomiki organelli.

Prace badawcze na ogórku skupiały się dotychczas na rozwoju i procesie dojrzewania (Jiang i wsp. 2015; Colle i wsp. 2015) transporcie substancji (Pallas i wsp. 2013), odporności na choroby (Colle i wsp. 2015; Grumet i wsp. 2013), tolerancji na zimno (Yin i wsp. 2006; Mróz i wsp. 2015), cechach jakości owoców (Shang i wsp. 2014; Yang i wsp. 2014a; Li i wsp. 2014), determinacji płci (Tanurdzic i wsp. 2004) i innych cechach, które mogłyby być przydatne w hodowli nowych odmian.

Dzięki pozyskaniu sekwencji genomowej ogórka udało się zidentyfikować i scharakteryzować grupy genów biorących udział w: odpowiedzi na patogeny (Yang i wsp. 2013; Li i wsp. 2009), syntezie kukurbitacynu nadające gorzki smak owocom (Shang i wsp. 2014), tworzeniu brodawek i włosków na skórce owocu, wybarwienie, matowa skórka, żebrowanie, wielkość kolców oraz występowanie osiatkowania na skórce (Yang i wsp. 2014). Znajomość sekwencji genomowej jest również pomocne w zdobywaniu wiedzy o całych rodzinach genów (MADS-box, WRKY, kinaz MAPK i innych).

Opracowano również zbiory markerów (m.in. SSR, SRAP, SCAR, STS, SLAF, QTL i SNP), dzięki którym skonstruowano wysokorozdzielcze mapy genetyczne wykorzystywane do polepszania szkicu genomu ogórka poprzez integrację map genetycznych, cytogenetycznych i fizycznych (Ren i wsp. 2009; Miao i wsp. 2011; Zhang i wsp. 2012; Sun i wsp. 2013; Zhou i wsp. 2015).

Znajomość sekwencji genomu ułatwia analizy struktury, organizacji i funkcji genów. Biblioteki dużych fragmentów, głównie biblioteki BAC, są często wykorzystywane w projektach genomowych (Wóycicki i wsp. 2011; Gutman i wsp. 2008) do konstruowania szkieletu genomu podczas organizacji kontigów w skafoldy i integracji map chromosomowych. W pracy **H1** przedstawiono badania wykonane w Katedrze z wykorzystaniem technologii BAC-FISH, które mogą dostarczyć danych charakteryzujących chromosomy i tym samym uprościć składanie genomu, klonowanie pozycyjne oraz dać molekularne podstawy hodowli.

Ważnym nurtem badań jest wykorzystanie analiz NGS w transkryptomice. Technologia RNA-seq zaczęła być szeroko stosowana do badania ważnych cech hodowlanych ogórka takich jak: rozwój owoców (Ando i wsp. 2012), partenokarpia (Li i wsp. 2014), tworzenie trichomów (Chen i wsp. 2014), wczesny mechanizm regulacyjny roślin w odpowiedzi na niedobór azotu (Zhao i wsp. 2014), mechanizm powstawania korzeni bocznych indukowanych melatoniną w ogórku pod wpływem stresu solnego (Zhang i wsp. 2014) oraz ekspresja płci kwiatów (Guo i wsp. 2010; Wu i wsp. 2010). Na profil zmian zachodzących w transkryptomie ma również wpływ zawartość cząsteczek mikroRNA (miRNA). miRNA odgrywają ważną rolę w rozwoju roślin. Aby uzyskać pełniejszy obraz mechanizmu regulacyjnego w ogórku, w niniejszej pracy zaprezentowałam doniesienia na temat badań profili miRNA w różnych tkankach przy użyciu technologii NGS (sRNA-seq). Pierwsze doniesienie o profilowaniu miRNA u ogórka metodą sekwencjonowania dotyczyło obecności miRNA w liściach i tkankach floemu podczas infekcji (Martinez i wsp. 2011), następnie badano miRNA w owocach (Ye i wsp. 2014), liściach i korzeniach (Mao i wsp. 2012) oraz w liściach i w korzeniach podczas szczepienia roślin (Li i wsp. 2013). Wykrycie tej

złożonej populacji regulacyjnych małych RNA sugeruje, że miRNA może być zaangażowane w różnorodne procesy biologiczne i metaboliczne u ogórka. Ustaliłam, że metoda RNA-seq i sRNA-seq są stosowane w celu uzyskania całościowego obrazu ekspresji genów podczas badania poszczególnych cech ogórka a wyniki zapewniają głęboki wgląd w skomplikowaną regulacyjną sieć genów. Dalsze analizy *in silico* mogą ujawnić specyficzne ścieżki angażujące określone geny, które pośredniczą w tworzeniu określonego fenotypu. To podstawa poznania przyczyn zmienności i nabycia cennych cech hodowlanych.

W celu sprawdzenia funkcji genów najskuteczniejszą techniką jest wyłączenie genu np. za pomocą transformacji. Istotny jest sposób wprowadzania genów, który może być prowadzony przez *Agrobacterium tumefaciens*, mikrowstrzeliwanie lub infiltrację. Procedura transformacji krótkimi insertami jest dość dobrze poznana. Jednak do niedawna brak było doniesień na temat możliwości wprowadzenia do komórek ogórka długich fragmentów DNA (np. BiBAC) lub edycji genomu za pomocą nukleaz specyficznych dla sekwencji np. TALEN czy Crisp/Cas9. W pracy **H1**, zespół Katedry Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, jako pierwszy, zaprezentował wynik szybkiego narzędzia do analizy funkcjonalnej - jednoetapową metodę subklonowania BAC-BIBAC. Alternatywną dla transgenezy są platformy Tilling, które również rozwinęto u ogórka (Boualem i wsp 2014). Technologia Tilling dostarcza dane o zmutowanych allelach cech, ważnych z rolniczego punktu widzenia. Jest to cenne źródło informacji dla genomiki funkcjonalnej i hodowli roślin.

Podsumowując, w pracy H1 wykazałam, że technologie omiczne są wdrażane u ogórka natomiast dostępność i zawartość baz danych jest dosyć mocno ograniczona. Dlatego stało się oczywiste, że poszerzenie wiedzy w zakresie genomiki i transkryptomiki ogórka jest konieczne. Po pierwsze ze względu na dostępność nowych technik sekwencjonowania, po drugie rozwój narzędzi bioinformatycznych a po trzecie konieczność uzupełnienia informacji dotyczących ważnych i podstawowych aspektów dotyczących biologii kwitnienia i hodowli ogórka. Badania dotyczące ekspresji genów umożliwiają zrozumienie molekularnych podstaw złożonych cech oraz procesów molekularnych zachodzących w komórkach i tkankach w wybranych organach.

Bardzo ważnym aspektem opisanym w kolejnych pracach **H2** i **H3** składających się na osiągnięcie naukowe jest rozmnażanie i determinacja płci roślin, gdyż właśnie od tego w dużej mierze zależą plony ogórków. Poznanie mechanizmów reprodukcji roślin, prowadzących do powstania zróżnicowania genetycznego ma ogromne znaczenie i jest przedmiotem zainteresowania wielu grup badawczych. Kształtowanie kwiatów obejmuje różnorodne procesy, które przebiegają zgodnie z programem genetycznym i są regulowane na wielu poziomach organizacji, zarówno przez czynniki endogenne jak i środowiskowe. Do tej pory brak jest pełnego obrazu regulacji genetycznej tych procesów.

W pracy H2 biorąc pod uwagę wyniki własnych prac oraz najnowsze dane literaturowe zaproponowałam hipotetyczny model współdziałania różnych czynników mogących modulować płęć u ogórka i mogących mieć duże znaczenie w dalszych pracach nad determinacją jego płci. Ogórek jest rośliną obcopolną co utrudnia prowadzenie badań i hodowli tego gatunku.

Ogórek jest gatunkiem jednopięnnym. Można jednak znaleźć szereg genotypów, które wytwarzają na roślinie tylko kwiaty żeńskie, męskie lub hermafrodytyczne lub ich kombinacje, co skutkuje wytworzeniem takich typów, jak: rośliny męskojednopienne (kwiaty męskie, a następnie obupłciowe) lub trójjednopienne (trzy typy kwiatów na roślinie najpierw męskie, następnie żeńskie i obupłciowe). Pęd główny odmian jednopięnnych ogórka charakteryzuje się trzema fazami rozwoju płci. W dolnych węzłach wytwarzane są kwiaty męskie, w środkowych pojawiają się kwiaty męskie i żeńskie, w górnych węzłach przeważają kwiaty żeńskie. Pąki kwiatowe ogórka w stadium 1 - 2 mm posiadają primordia organów męskich i żeńskich. W następnym etapie rozwoju - w stadium 3 - 5 mm, pąk jest już płciowo zróżnicowany. Rozwój kontynuują primordia słupków i pręcików lub jedno z nich, podczas gdy drugie są zahamowane w rozwoju. Mechanizmy, które prowadzą do inhibicji poszczególnych

organów w obupłciowych pąkach nie są dokładnie poznane. Niewiele jednak wiadomo, na temat, gdzie, kiedy i jak niewłaściwe organy przestają się rozwijać. Poznanie mechanizmów wpływających na inhibicję rozwoju poszczególnych organów w okółkach przyczyni się do wyjaśnienia determinacji płci u ogórka. To, jaką drogę rozwojową przyjmie pąk, zdefiniowane jest genetycznie. Badania genetycznej kontroli płci pozwoliły ustalić, że ekspresja płci u ogórka jest kontrolowana przez locii: *F*, *m*, *a*, *gy*, *h*, *inf* i *Tr* (Malepszy i Niemirowicz-Szczytt 1991). Szczegółowe prace prowadzono nad funkcją i strukturą genów płci, co pozwoliło ustalić, że trzy geny: *F*, *M* i *A* kodują geny syntazy ACS (w kolejności: *CsACS1G*, *CsACS2*, *CsACS11*) i uczestniczą w pierwszym etapie - biosyntezie etylenu (Mibus and Tatlioglu 2004, Li i wsp. 2009; Boualem i wsp. 2015). Rośliny z dominującym allelem genu *F* (*Female*) są żeńskie. Ekspresja tego genu ulega modyfikacji pod wpływem innych genów płci oraz środowiska. Gen recesywny *m* (andromonoecious) wpływa na powstawanie kwiatów obupłciowych, natomiast gen *a* (androecious) wpływa na nasilenie cech męskich. Równocześnie z badaniami genetycznych podstaw determinacji płci prowadzone były badania nad innymi – niegenetycznymi czynnikami regulującymi ekspresję płci. Wiadomo, że na płęć u ogórka wpływają również czynniki środowiskowe i hormony roślinne. Krótki dzień, niska temperatura, auksyny i etylen wpływają feminizująco na płęć roślin, natomiast długi dzień, wysoka temperatura i gibereliny wpływają na wytwarzanie kwiatów męskich. Największe znaczenie w modulacji płci ma etylen.

Podsumowując, w pracy H2 zaproponowałam model wyraźnie ukazujący wzajemne relacje genów występujących na drodze biosyntezy i percepcji etylenu, który prowadzi do wytworzenia kwiatów o specyficznej płci. Model przedstawia również inne geny mogące wpływać na zahamowanie przekazu etylenowego doprowadzając do rozwinięcia kwiatów męskich bądź hermafrodytycznych.

W pracy H3 przeprowadziłam sekwencjonowanie transkryptomów z liści i stożków wzrostu wraz z rozwijającymi się pąkami kwiatowymi pochodzącymi z sześciu linii ogórka o różnej płci: męskiej (linie B10 i 859), żeńskiej (2gg i Gy3) oraz linii hermafrodytyczne (2667 i Hgy3). Rośliny były uprawiane w szklarni w warunkach tak, aby płęć roślin nie ulegała modyfikacjom środowiska. Pierwszym, bardzo ważnym etapem tych prac było stworzenie transkryptomu referencyjnego. Po zmapowaniu odczytów sekwencyjnych (Illumina 50bp PE) do genomu referencyjnego uzyskano zadowalający wynik, gdyż 89,51–94,5% odczytów uległo poprawnemu zmapowaniu. Następnie wykonano przyrównanie odnalezionych struktur do licznych baz danych: Phytozome, InterProScan, Pfam, PANTHER, KOG, KEGG i TAIR. W efekcie zadenotowano 25 628 genów, co stanowiło bardzo dobry rezultat.

W kolejnym etapie prac porównałam profile transkrypcyjne liści jako tkanki wegetatywnej i stożków wzrostu jako tkanki generatywnej, aby wytypować geny ulegające zmiennej ekspresji pomiędzy tymi pulami. Z tego porównania otrzymano 2 852 geny w tym 1 919 miało zwiększoną ekspresję w liściach a 29 genów nie ulegało ekspresji w stożkach wzrostu. Natomiast ekspresja 933 genów była wyższa w stożkach wzrostu w porównaniu do liści, z czego 150 genów było specyficznych tylko dla stożków. Geny różnicowe (DEGs) (ang differentially expressed genes) poddałam adnotacji ontologicznej. W kategorii proces biologiczny, geny najliczniej zakwalifikowały się do grup: procesy metaboliczne, procesy komórkowe i odpowiedź na bodźce, natomiast w kategorii funkcja molekularna najliczniejsze grupy były powiązane z: wiązaniem, aktywnością katalityczną i transportem. W kategorii komponent komórkowy, geny różnicujące zaangażowane były w grupy: organizacja komórkowa, membrany i organelle.

Na tej podstawie można stwierdzić, że grupy genów zaangażowane w konkretne procesy i pełniące określone funkcje są zmienne w liściach i wierzchołku wzrostu i możliwe, że następuje przegrupowanie aktywności konkretnych genów odpowiedzialnych za różnicowanie specyficznych organów na konkretnym etapie wzrostu i rozwoju.

Do dalszych etapów wytypowałam 933 geny o podwyższonej aktywności w stożkach wzrostu w stosunku do liści. W trzech porównaniach pul RNA specyficznych dla linii żeńskiej, męskiej i hermafrodytycznej wskazałam w sumie 310 genów. Wyniki analiz *in-silico* zostały zweryfikowane za pomocą analiz - ilościowa reakcja łańcuchowa polimerazy (qPCR) dla 17 wybranych losowo genów o zróżnicowanej ekspresji. Klasyfikacja ontologiczna wskazała, że geny różnicujące analizowane płcie są

zaangażowane w 111 procesów biologicznych, a najliczniej w takie, jak: biosynteza, komórkowe procesy metaboliczne związków azotu, procesy kataboliczne i metabolizmu węglowodanów. W kategorii funkcja molekularna to wiązanie jonów i aktywność oksydoreduktazy, a w kategorii składnik komórki to jądro i membrany. Ponadto, dodatkowe inne kategorie ontologii były powiązane z procesami i funkcjami związanymi z rozwojem kwiatów, w tym różnicowaniem się komórek, rozwojem i budową anatomiczną kwiatów.

W porównaniu męskich i żeńskich linii wykazano 260 genów różnicowych, w tym 111 miało większą ekspresję w liniach żeńskich a 149 w męskich. W drugim porównaniu linii żeńskich i hermafrodytycznych wskazano 36 genów różnicowych, w tym w linii żeńskiej wykazano cztery a w hermafrodytycznych 32 geny. Ostatnie porównanie przeprowadzono dla linii męskich i hermafrodytycznych w którym wykazano 55 genów różnicowych, w tym 23 specyficzne dla linii męskich i 32 dla linii hermafrodytycznych.

W pracy **H3** przeprowadziłam również analizę *in-silico* sieci molekularnej na poziomie interakcji białek, kodowanych przez geny różnicowe. Jest to pierwsze przedstawienie takiego modelowania bioinformatycznego interaktomu na poziomie białek, dla genów powiązanych z determinacją płci u ogórka. W innych dotychczasowych analizach prowadzonych dla ogórka nie przedstawiano takich danych. Jest to pionierskie podejście ukazujące złożoność zagadnienia w odniesieniu do determinacji płci.

W bazie danych programu STRING (Szklarczyk i wsp. 2017), który posłużył do prezentacji sieci, odnaleziono 269 węzłów i 377 łączników. Dla 127 białek wykrytych w bazie nie odnaleziono powiązań i zostały one określone jako singletony (białka bez połączeń). 18 węzłów tworzyło małe dwuskładnikowe sieci, a siedem węzłów tworzyło mniejszą sieć. Sieć główna łączy 117 węzłów. Parametry sieci wskazują, że współdziałanie wykrytych białek jest istotniejsze niż można by się spodziewać po losowym zestawie białek. To oznacza, że białka są przynajmniej częściowo zaangażowane we wspólne procesy biologiczne. Wyróżniliśmy 11 grup w głównej sieci: (1) czynniki transkrypcyjne, które pośredniczą w rozwoju merystemu kwiatowego (2) enzymy (transferazy, peptydazy, esterazy, proteazy); (3) cytochromy; (4a) i (4b) - w tej grupie węzłami centralnymi są transportery ATP wykorzystujące energię i transportujące wiele substratów przez błony komórkowe, regulując tym samym wiele procesów, (5) związane z białkami z brasinosteroidami; (6) metabolizm tłuszczu (7) białka związane z procesami ubiquitynacji; (8) białka ze szlaków sygnałowych etylenowego i kwasu jasmonowego; (9) wiązanie jonów metali; (10) procesy kataboliczne pektyn związane z dojrzewaniem pyłku i (11) białka związane z transportem jonów, metabolizmem cukrów i programowaną śmiercią komórki (PCD). Opisana tutaj sieć molekularna wyjaśnia możliwe interakcje białek pośredniczących w procesach wpływających na determinację płci w ogórku. Na uwagę zasługuje fakt, że po raz pierwszy została przedstawiona taka mapa interakcji molekularnych przedstawiająca relacje procesów zachodzących podczas rozwoju kwiatów. Stanowiło to duże wyzwanie ze względu na złożoność procesów biorących udział w wykształcaniu tak skomplikowanych struktur jak pąki różnych płci. W pracy szczegółowo przedstawiono zestawy genów, które ulegają zróżnicowanej ekspresji podczas tworzenia merystemu kwiatowego i primordiów, tłumacząc ich możliwy wpływ na rozwój pąków. Pierwszym wydarzeniem podczas rozwoju kwiatów jest inicjacja różnicowania komórek merystemu wierzchołkowego, powodująca wytworzenie merystemu kwiatowego. W momencie różnicowania ważny jest moment inicjacji, lokalizacja i dalsza właściwa proliferacja komórek. Określone komórki w pąku tworzą okółki. Zazwyczaj najbardziej intensywny wzrost ma miejsce w pierwszym i drugim okółku, gdzie rozwijają się działki kielicha i płatki korony. Natomiast okółek trzeci i czwarty to pręciki i słupek. Te komórki różnicują się wolniej, gdyż muszą przyjąć właściwą organizację i pozycję. Z naszych badań wynika, że jest to proces bardzo złożony angażujący wiele genów. W pracy przedstawiono po raz pierwszy opis i możliwe powiązania genów różnicujących formujące się pąki kwiatowe z przypisaniem prawdopodobnej funkcji. Manualna adnotacja funkcjonalna ujawniła, że szereg genów (10%) koduje czynniki transkrypcyjne zaangażowane w procesy zachodzące w różnicujących się pąkach kwiatowych. W tej grupie znalazły się czynniki, takie jak: MADS-box biorące udział w determinacji tożsamości okółków kwiatowych według modelu ABCDE (Guo 2015), Wuschel odpowiedzialny za proliferację, KNOx wpływające na aktywność merystatyczną i różnicowane się

komórek a także inne: LOB, BHLH, NAC, bZIP, MYB biorące udział w wielu procesach komórkowych. Dość liczną grupą (6,7%) były geny kodujące białka zaangażowane w przekaz hormonalny etylenu, auksyn, cytokinin giberelin, kwasu abscyzynowego i brasinoteroidów. Oddziaływanie hormonów na płęć jest niezmiernie istotne. Największe znaczenie w modulacji płci ma etylen, wpływając na wytworzenie płci żeńskiej, podobnie jak auksyny. Gibereliny natomiast powodują powstawanie kwiatów męskich. Natomiast nie wykazano dotychczas jasnego powiązania pozostałych hormonów z wpływem na płęć. 8,7 % genów było powiązanych z gospodarką jonów metali a szczególnie miedzi (3,2%) i cynku (2,9%). Jony miedzi i cynku mogą wpływać na szlak etylenu w komórkach, są też ważne dla wzrostu roślin ze względu na udział w wielu procesach metabolicznych. Znaczna część zidentyfikowanych genów kodowała białka powiązane ze ścianą komórkową i cytoszkieletem (10%). Jest prawdopodobne, że zmiany zachodzące w błonach i ścianie komórkowej podczas różnicowania komórek w pąkach są częścią procesów morfogenezy kwiatów i mogą przebiegać odmiennie w kwiatach o różnej płci ze względu na formowanie różnych narządów płciowych. Do biogenezy błon komórkowych wykorzystywane są lipidy, które są też odpowiedzialne za ich plastyczność. W opisywanej pracy **H3** wykryto znaczną grupę genów różnicowych (5,8%) odpowiedzialnych za metabolizmów tłuszczów. Etylen może wpływać na lipidy w membranach, co wskazuje, że w rozwoju pąków kwiatowych, nowo powstałe organy męskie i żeńskie mogą inaczej reagować na etylen. Ważną grupę stanowią transportery (3,8%), gdyż to one biorą udział w przekazywaniu informacji i wpływają istotnie na metabolizm i aktywność poszczególnych komórek. Również liczna była grupa genów kodujących białka była powiązane z metabolizmem cukrów (7%), a istotność tego procesu, potwierdzają inne badania, gdzie stwierdzono korelację pomiędzy zawartością cukru w pąkach kwiatowych i żeńskością (Miao i in. 2010). Istotna wydaje się być też zidentyfikowana grupa genów odpowiedzialnych za procesy ubikwytynacji, które oprócz zaangażowania w wiele procesów komórkowych ma kluczowe znaczenie dla regulacji biosyntezy etylenu, wpływając na liczebność i aktywność syntazy ACS, co zostało potwierdzone w innych badaniach (Lyzenga i Stone 2012).

Podsumowując, w pracy H3 przedstawiłam nowatorskie podejście modelowania sieci molekularnych, które dotąd nie było opisane dla ogórka a szczególnie w analizach determinacji płci. To podejście zapewnia nowy, progresywny wgląd w różnicowanie się płci i morfogenezę kwiatów. Profile transkryptomyczne badanych linii, uzyskane w ramach tej pracy, zostały upublicznione i mogą być wykorzystywane przez naukowców i hodowców. Adnotacja funkcjonalna wygenerowanych w ten sposób wysokoprzepustowych danych transkryptomicznych może posłużyć jako dodatkowe zasoby służące do rozwoju strategii poprawy upraw ogórka oraz innych pokrewnych gatunków, u których płęć determinowana jest w podobny sposób.

W okresie realizacji badań składających się na przedstawiane do recenzji osiągnięcie naukowe nastąpił gwałtowny rozwój genomiki, manifestujący się między innymi pojawieniem się i upowszechnieniem wysokoprzepustowych technologii sekwencjonowania a mianowicie technologii generującej długie odczyty PacBio. Naturalną konsekwencją tego trendu było podjęcie działań mających na celu wdrożenie technologii trzeciej generacji w prace nad genomem ogórka, co opisano w pracy **H4**.

W pracy H4 opisano wykorzystanie hybrydowej metody składania genomu, łączącej dane stanowiące długie odczyty PacBio oraz dane stanowiące krótkie odczyty Illumina (użyte do korygowania wyników). Dzięki zastosowanemu podejściu ustalono najbardziej złożoną jak dotąd wersję genomu ogórka na świecie, ponieważ 93% genomu znajduje się w kontigach sekwencyjnych. Posiadanie dobrej wersji genomu referencyjnego to postawa przy profilowaniu transkryptomów oraz profili miRNA, ze względu na dokładność otrzymywanych danych. Dlatego priorytetem stało się pozyskanie lepszego genomu referencyjnego ogórka. W tym celu zastosowano technologię PacBio, która na czas rozpoczynania projektu była technologią wchodząca na rynek. Sekwencjonowanie wykonano dwuetapowo i z pierwszego etapu sekwencjonowania (PacBio I) otrzymano odczyty, które miały średnią długość 3 119 pz natomiast maksymalna długość odczytu wyniosła 35 190 pz. W drugim etapie zsekwencjonowano DNA (PacBio II) ze średnią długością odczytów 6 733 pz oraz maksymalną

długością odczytu 45 973 pz. Pokrycie genomu dla pierwszej puli wyniosło 27x a dla drugiej 42,8x. W wyniku złożenia genomu z odczytów SMRT otrzymano szkic genomu referencyjnego. Mimo, iż technologia PacBio jest zaliczana do najnowocześniejszych technologii, gdyż w jej wyniku można zsekwencjonować pojedynczą cząsteczkę i otrzymać bardzo długie odczyty, to jednak jest obarczona błędem rzędu 16%. W celu eliminacji tych błędów zastosowaliśmy korektę genomu odczytami Illumina 100PE uzyskując tym samym genom o długości 342,29 Mbp zawarty w 8 035 kontigach, co stanowiło 93,27% długości genomu ogórka (367 Mbp). Dla wersji końcowej B10v3 parametr N50 wyniósł 858 Kbp, L50 wyniósł 55 a maksymalna długość kontigu wyniosła 12,67 Mbp. W celu analizy jakości i poprawności złożenia genomu zastosowano program Benchmarking Universal Single-Copy Orthologs (BUSCO) wersja 3, który lokalizuje i bada zgodność sekwencji genów na kontigach z sekwencją genów z użytego zbioru uniwersalnych genów ortologicznych występujących w pojedynczej kopii (ang. near-universal single-copy orthologs) w genomie roślinnym (Simão i wsp., 2015). Otrzymano 91,7% kompletności analizowanego zbioru genów, co było najlepszym wynikiem wśród porównywanych sekwencji innych genomów ogórka. Tak przygotowana sekwencja referencyjna genomu została użyta do dalszych analiz. W celu przeprowadzenia adnotacji strukturalnej wykorzystałam 150 profili transkrypcyjnych pochodzących z liści, owoców, stożków wzrostu i pąków kwiatowych ogórka. W wyniku adnotacji strukturalnej programem PASA uzyskano 188 159 transkryptów oraz 21 714 genów posiadających 8,48 eksona na transkrypt i medianę długości 2 917 pz (minimalna długość genu 231 – maksymalna długość genu 97 870 pz). Mediana długości białek po predykcji to 309aa (minimalna długość białka 99 aa – maksymalna długość genu 5 124 aa). Adnotację na rzeczywistych danych transkryptomowych uzupełniono adnotacją *ab-initio* z wykorzystaniem programu Augustus oraz Braker, która zwiększyła bazę zidentyfikowanych genów o 5 557 unikalnych predykcji. W celu charakterystyki genów i białek kodowanych przez zidentyfikowane geny wykonano dalsze analizy bioinformatyczne w celu odnalezienia domen i rodzin białek oraz przeprowadzono klasyfikację ontologiczną.

Ze względu na przyszłe analizy podjęto próbę odpowiedzi na pytanie czy występuje polimorfizm w obrębie analizowanej linii B10, a jeśli występuje to jaka jest charakterystyka zmian. W tym celu przeprowadzono prace z zakresu genomiki porównawczej i przedstawiono dynamikę zmian genomu linii B10 odmiany Borszczagowski na przestrzeni pokoleń, polegającą na zobrazowaniu typu, rozkładu i częstotliwości mutacji pomiędzy genomem referencyjnym oraz zbiorami odczytów sekwencji Illumina pochodzącymi z trzech roślin odległych od siebie o 21-22 pokolenia (trzy porównywane genomy indywidualnych roślin linii B10 ogórka były rozmnażane przez samozapylenie). Ta charakterystyka zmian była pierwszą próbą analizy *in-silico* w celu zmierzenia zróżnicowania na poziomie indywidualnych roślin w obrębie linii. W wyniku tych prac wykryto kolejno 42, 20 i 30 SNV dla trzech zbiorów, określając poziom zmienności genomów jako bardzo niski.

Podsumowując, w pracy H4 uzyskano odpowiedni genom referencyjny, przeprowadzono szczegółową adnotację strukturalną a także określono, że genom linii B10 nie ma dużej dynamiki zmian, co stanowiło podstawę dalszych prac badawczych. Zaprezentowana wersja genomu B10v3 jest najlepiej złożoną i adnotowaną wersją genomu ogórka. Uzyskana wersja genomu stanowi solidną referencję do prac z zakresu genomiki i transkryptomiki, szczególnie dla kolekcji mutantów i roślin transgenicznych w kolekcji KGHIBR.

Jednym z najważniejszych aspektów obaw dotyczących odmian genetycznie zmodyfikowanych (GM) jest występowanie efektów niezamierzonych, które mogą być spowodowane nieprzewidywanymi zmianami w genomie, wywołanymi insercją transgeny oraz procedurą transformacji. W związku z tym podjęłam się badań, opisanych w pracy **H5**, mających na celu oszacowanie wielkości zmian w transkrytomie i miRNome linii transgenicznych uzyskanych w KGHIBR. Należy podkreślić, iż była to pierwsza praca naukowa, w której tak szczegółowo porównano wpływ transgenezy na transkryptom w owocach ogórka z wprowadzonym genem taumatyny. Linie transgeniczne pochodziły z kolekcji Katedry Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin (Szwacka i in. 1996).

W pracy H5 analizowałam czy w pokoleniu dziewiątym (T9), transgen znajduje się w DNA roślin oraz czy ulega on ekspresji a także jak wyglądają zmiany na poziomie transkryptomu i mikrotranskryptomu w owocach. Wykorzystując reakcję PCR/qPCR została potwierdzona obecność transgenu i jego ekspresja we wszystkich analizowanych liniach. W kolejnym etapie prac przeprowadziłam sekwencjonowanie transkryptomów oraz profili miRNA z owoców ogórka w stadium 10 dni po zapyleniu. Wykazałam, że w linii 224 było najwięcej (38) genów o podwyższonej ekspresji, w tym: osiem genów miało ekspresję obniżoną natomiast 30 podwyższoną. W linii 225 było sześć genów i wszystkie miały ekspresję podwyższoną. W linii 212 były to trzy geny, w tym: dwa o obniżonej a jeden o zwiększonej ekspresji. Linię kontrolną stanowiły owoce z linii B10. Wykonane analizy bioinformatyczne ukierunkowane na stwierdzenie zmienności w ekspresji poszczególnych genów zostały potwierdzone wynikami qPCR dla wybranych losowo 15 genów. Geny o zróżnicowanej ekspresji kodowały białka związane z wieloma procesami komórkowymi, w tym: metabolizmem lipidów, utlenianiem, wzrostem, transkrypcją (czynniki transkrypcyjnymi) i obroną roślin, a także procesami związanymi ze światłem, hormonami, homeostazą jonową, ścianami i błonami komórkowymi.

Na podstawie adnotacji ontologicznej genów można wywnioskować, że zmieniona ekspresja niektórych genów może wiązać się ze zwiększoną tolerancją na patogeny, co może być skorelowane z wprowadzeniem taumatyny II. We wcześniejszej analizie opisano, że linia 224 wykazuje zwiększoną tolerancję na mączniaka rzekomego (Szwacka i wsp. 2009). Jest to zgodne z innymi analizami roślin transgeniczných z transgenem taumatyny II i wzmocnieniem odporności na patogeny (Schestibratov i wsp. 2005; Popowich et al. 2007). Geny o różnicowej ekspresji w linii 224 są związane z wieloma procesami, w tym: z utlenianiem, wiązaniem jonów i czynnikami transkrypcyjnymi, a także są związane z odpowiedzią na światło i hormony. Zatem wprowadzenie taumatyny II do genomu linii 224 spowodowało znaczny wzrost ekspresji genów zaangażowanych w różne szlaki metaboliczne i odpowiedzi na bodźce zewnętrzne. Nie spowodowało to jednak istotnych zmian w morfologii rośliny (Szwacka i wsp. 2009). W linii 225 wykryłam sześć genów o zmienionej ekspresji, ale cztery nie mają przypisanej funkcji. Pozostałe dwa geny to gen kodujący białko z motywem pentatrikopeptydu, skorelowanym z wiązaniem białek, a drugi jest związany z błonową kinazą białkową, która pośredniczy w procesach zarówno w organellach, jak i w jądrze. W linii 212 tylko jeden różnicowy gen o zmniejszonej ekspresji miał przypisaną funkcję i kodował białko zaangażowane w szlak ubikwityny, będąc powiązany z procesem degradacji białek. Zahamowanie degradacji białek może prowadzić do ich gromadzenia i tworzenia agregatów, co może zaburzać funkcjonowanie komórek (Amm i wsp. 2014).

Analiza promotorów genów o zmiennej ekspresji w liniach transgeniczných wykazała, że większość zawierała motywy związane z odpowiedzią na światło, jak również elementy działające z czynnikami transkrypcyjnymi, zaangażowanymi w różnicowanie komórek, zmiany metaboliczne, odpowiedzi na stres biotyczny i abiotyczny oraz w odpowiedzi na hormony.

W każdej linii transgenicznej zidentyfikowałam niewielkie zmiany w profilach miRNA. W linii 212 –miR320 wykazał niższy poziom ekspresji, w linii 225 miR206 wykazał wyższy poziom ekspresji i miR218 wykazał niższy poziom ekspresji a w linii 224 cztery miały niższy: miR27, miR131, miR218, miR222 i pięć wyższy: miR42, miR93miRNAs, miR123, miR206, miR289, poziom ekspresji. Jednak tylko w linii 224 zmiany w miRNA istotnie wpłynęły na ekspresję genów docelowych (miR31: target *G10467* i miR218 razem z miR222 - target: *G12598*). Warto zwrócić uwagę na rodzaj korelacji ekspresji między miRNA a ich cząsteczkami docelowymi. Wyżej wymienione miRNA miały niższą ekspresję w linii 224. miR133 może oddziaływać z genem *G10467* kodującym aneksynę, która jest skorelowana z wiązaniem jonów wapnia i może odgrywać rolę regulatora szkieletu cytoplazmatycznego, regulatora kanałów jonowych oraz białek zaangażowanych w dynamikę błon (Mortimer i wsp. 2008). Niski poziom miRNA wpłynął na wyższy poziom ekspresji *G10467* i *G12598* (co potwierdzono qPCR). *G12598*, który koduje białko będące częścią kompleksu czynnika transkrypcyjnego (NF-Y), może mieć znaczący wpływ na ekspresję innych genów. NF-Y działa w kompleksie razem z podjednostkami NF-YB i NF-YC a poszczególne podjednostki nie mogą samodzielnie regulować transkrypcji. Podjednostka NF-YA rozpoznaje CCAAT - motyw w promotorach genów (CAAT-box), co umożliwia specyficzne i stabilne wiązanie do DNA. Podjednostki NF-YB/NF-YC oddziałują z DNA poprzez niespecyficzną domenę DNA

HFD-DNA (Histone – fold domain-DNA) (Nardini i wsp. 2013). Kompleks TF NF-Y pełni podobną rolę do histonów, ponieważ trójwymiarowa struktura kompleksu może wiązać się z DNA i przebudowywać chromatynę i znacząco wpływać na ekspresję genów (Oldfield i wsp. 2014). Różne kombinacje podjednostek A, B i C mogą prowadzić do powstania wielu różnorodnych kompleksów NF-Y, które odgrywają różną rolę w różnych stadiach rozwojowych, tkankach i warunkach wzrostu (Zhao i wsp. 2017). Zatem przypuszczam, że wyższa liczba genów o zróżnicowanej ekspresji w linii 224, w porównaniu z liniami 212 i 225, może być regulowana przez miR218 i miR222 przez zwiększoną ekspresję genu kodującego części składowe czynnika NF-Y (*G12598*). NF-Y może współdziałać z genami, które mają motyw CCAAT w regionie promotorowym. Warto zauważyć, że wśród genów o zróżnicowanej ekspresji, 24 geny mają ten motyw w rejonie promotora, co może wskazywać na silne interakcje tych genów z czynnikiem NF-Y.

Wyniki wskazują, że istnieje wewnętrzna epitranskryptomyczna regulacja ekspresji genów przez miRNA spowodowana transgenezą. Wydaje się, że niższy poziom ekspresji cząsteczki miR131 i wpływ na gen docelowy *G10467*, kodujący aneksynę ma mniejszy wpływ na całokształt regulacji komórkowej niż cząsteczek miR218 i miR222 na gen *G12598*, głównie ze względu na różnorodność procesów, w których czynnik transkrypcyjny NF-Y bierze udział.

Podsumowując pracę H5 wykazałam, że transgen jest stabilny w pokoleniu dziewiątym co potwierdzono zarówno na poziomie DNA, jak i RNA. Dane z sekwencjonowania RNA zweryfikowano za pomocą analizy qPCR. Analiza danych RNA-seq wskazała 47 geny różnicowe i 12 miRNA w trzech liniach transgenicznym. Geny różnicowe adnotowałam funkcjonalnie i sklasyfikowałam ontologicznie. Większość z nich była zaangażowana w procesy metaboliczne i biologiczne związane z wiązaniem jonów, białek i kwasów nukleinowych, a także z aktywnością katalityczną. Dziewięć pokoleń po transformacji rośliny nadal utrzymywały właściwą ekspresję transgenu. Integracja transgenów może wpływać na epigenom poprzez zmianę profili miRNA, ale wydaje się, że efekty są minimalne i zależą głównie od funkcji docelowych cząsteczek mRNA.

W pracy H6 podjęłam prace nad badaniem zjawiska zmienności somaklonalnej, która pojawia się podczas utrzymywania roślin w warunkach kultur *in vitro*. Często jest to zjawisko niepożądane, ale może być również źródłem zmienności genetycznej przydatnej dla hodowców. Mechanizmy molekularne leżące u podstaw tego zjawiska nie są jeszcze w pełni poznane. W pracy składającej się na niniejsze osiągnięcie przeanalizowałam transkryptom owoców ogórka trzech linii somaklonalnych S1, S2 i S3 otrzymanych w KGHIBR, o tym samym tle genetycznym (linia referencyjna B10).

Linie S1 uzyskano metodą bezpośredniej regeneracji z eksplantatów liściowych i wykazała ona fenotyp mozaikowy - nieregularne małe żółte i srebrzyste (typu cukiniowego) plamki na liściach (Malepszy i wsp. 1996; Bartoszewski i wsp. 2004). Linia S2 została uzyskana z regeneracji pośredniej i posiada zmieniony fenotyp owocu, który jest jasnozielony, błyszczący, bez typowego siatkowania (Piłder i wsp. 1998). Linie S3 uzyskano z embriogennej kultury zawieszinowej zależnej od cytokiny i jej fenotyp charakteryzują się żółto-zieloną barwą wierzchołka (Ładyżyński i wsp. 2002). Do badań wykorzystano owoce ogórka w stadium 10 dni po zapyleniu a następnie przeprowadzono sekwencjonowanie i porównanie transkryptomów do linii referencyjnej. Tym samym wskazano 418, 364 i 278 genów o zróżnicowanej ekspresji dla poszczególnych linii (S1, S2 i S3): 143, 90 i 109 genów o obniżonej ekspresji i 275, 274 i 164 o podwyższonej ekspresji. Weryfikacja metodą qPCR 42 wybranych losowo genów potwierdziła zmianę ekspresji w stosunku do danych RNA-seq.

Analiza klasteryzacji wykazała, że zestawy genów o zmiennej ekspresji są raczej charakterystyczne dla poszczególnych linii, co sugeruje, że analizowane linie powstały w niezależnych zdarzeniach, prowadzących do powstania zmienności somaklonalnej. Lokalizacja genów o zmiennej ekspresji wykazała, że 92.11% (385), 90.66% (330), i 76.56% (209) zostało zmapowanych do chromosomów, ale nie zaobserwowano istotnej korelacji wskazującej na to, że zmiany te są powiązane z konkretnymi miejscami na genomie. Wskazuje to na rozkład losowy, aczkolwiek na uwagę zasługuje fakt, że najwięcej genów o zmiennej ekspresji jest na chromosomie 6 i 3. Nie stwierdzono istotnej korelacji między liczbą sekwencji różnicujących na danym chromosomie a jego długością, co wskazuje na losowość powstałych zmian.

Wskazałam trzy geny, które w każdej z trzech linii miały zmieniony profil ekspresji: o zmniejszonej ekspresji (*G1138*) oraz dwa o zwiększonej (*G20095* i *G20923*). Gen *G1138* koduje peptyd sygnałowy, który może regulować stres, wzrost i rozwój roślin. Pośredniczy w szybkiej alkalizacji przestrzeni zewnątrzkomórkowej, pośrednicząc w przejściowym wzroście stężenia cytoplazmatycznego wapnia oraz aktywacji kinaz. Gen *G20923* koduje białko transpozonowe, ale jego rola jest nie określona (Wicker i wsp. 2003) podobnie jak białka kodowanego przez trzeci gen *G20095*, którego funkcja jest nie znana. Zmiana w ekspresji 66 genów była wspólna dla co najmniej dwóch linii, w tym 20 miało obniżoną a 46 podwyższoną ekspresję. Funkcje białek kodowanych przez geny o wysokiej zmianie w poziomie ekspresji wiązała się z procesami ubikwitynacji, transporterami i peroksydazą. Było też wiele genów kodujących białka o nieznannej funkcji. Mimo, iż geny o zmiennej ekspresji w liniach somaklonalnych są różne, to jednak ich klasyfikacja ontologiczna wskazała, że grupy funkcjonalne takie jak: procesy biologiczne, funkcje molekularne oraz komponenty komórkowy są bardzo zbliżone w tych liniach. Najliczniejsze w kategorii procesów biologicznych były: procesy komórkowe (16,28%, 13,42% i 14,91%) procesy metaboliczne (12,02%, 10,90% i 14,91%), reakcja na stres (7,04%, 5%, 5,90%), biosynteza (5,43%, 3,56% i 5,90%) a także transport (5,13%, 3,35%, 1,86%), odpowiedź na bodźce abiotyczne (5,13%, 5,24%, 4,35%). W kategorii funkcji molekularnych najbardziej liczne grupy to: białka powiązane z aktywnością katalityczną (18,12%, 16,74% i 25,83%), wiązaniem (14,56%, 16,74% i 13,25%), białka transportowe (9,06%, 4,72%, i 3,31%) oraz grupy: czynniki transkrypcyjne i wiązanie do DNA i kwasów nukleinowych (20,39%, 32,62%, 20,53%) W kategorii komponent komórkowy, najliczniejsze terminy ontologiczne wskazywały na wakuole (20,56%, 22,11%, 20,75%), tylakoidy (17,12%, 16,11% i 16,55%), rybosomy (14,3%, 9,96%, i 12,59%) oraz macierz zewnątrzkomórkową (11,3%, 12,59% i 11,42%).

We wcześniejszych badaniach przeprowadzono analizę porównawczą genomów linii somaklonalnych w celu wykrycia zmian strukturalnych (Skarzyńska i wsp. 2020). W niniejszej pracy podjęłam się zadania sprawdzenia czy miejsca SNV (ang. single-nucleotide variants) występują w strukturach genów o zmienionej ekspresji lub w ich częściach promotorowych (-1500 nt). Wykazałam, że genów, które zawierają SNV w strukturze lub promotorze jest odpowiednio 37, 38 i 99. Natomiast liczby wykrytych SNV przedstawiały się następująco: 277, 156 i 1148 odpowiednio dla linii S1, S2 i S3. W kolejnym etapie prac przeprowadziłam analizę funkcjonalną motywów w promotorach, w której wykazałam, że oprócz podstawowych elementów występujących w promotorach takich jak TATA-box czy CAAT-box, zdecydowana większość zidentyfikowanych motywów była powiązana z odpowiedzią na bodziec świetlny. Znalazły się też takie, które regulują ekspresję genów w odpowiedzi na różne czynniki, takie jak stres czy fitohormony. Bardzo licznie występujące we wszystkich trzech liniach były czynniki transkrypcyjne (MYB, MYC), które są białkami regulatorowymi szlaków regulacyjnych zaangażowanych w: metabolizm pierwotny i wtórny, wzrost i rozwój, jak również biotyczne i abiotyczne reakcje na stres a także proliferację (Chen i wsp. 2019).

Białka kodowane przez geny o zmienionej ekspresji jak i geny zawierające miejsca SNV, sprawdziłam pod względem możliwych oddziaływań. W tym celu stworzyłam sieci molekularne białek PPI (ang. Protein – Protein Interaction) wykorzystując dostępne sekwencje aminokwasowe w liczbie: 537, 454 i 388 a wśród nich 418, 364 i 273 białek kodowanych przez geny o zmiennej ekspresji oraz 119, 90 i 115 białek kodowanych przez geny zawierające miejsca SNV dla linii S1, S2 i S3. Dla wszystkich linii uzyskano dużą sieć powiązań oraz kilka sieci mniejszych. Dla linii S1 usieciowiono 343 białka, które tworzyły sieć główną składającą się z 336 węzłów oraz kilku mniejszych sieci trzy – cztero – węzłowych. Najwięcej usieciowionych białek, które miały określoną funkcję było związanych z odpowiedzią na bodźce, aktywnością katalityczną, wiązaniem jonów i kationów oraz działalnością plastydów. W linii S2, 221 białek wchodziło w interakcje, w tym w sieć główna składała się z 205 białek oraz występowało kilka mniejszych mało rozbudowanych sieci od pięcio - do trzy – komponentowych. W sieciach większość białek o scharakteryzowanej funkcji była związana z czynnikami transkrypcyjnymi wiążącymi się z DNA, aktywnością katalityczną i funkcjonowaniem błon komórkowych. W linii S3, 142 białka były włączone w sieci. Największa sieć składała się z 72 białek, ale występowały też mniejsze sieci, wśród których największa była dziewięciowęzłowa. W sieciach najlepiej scharakteryzowane białka były związane z aktywnością katalityczną i aktywnością oksydoredukcyjną oraz gospodarką jonową.

W związku z tym można wywnioskować, że zmieniona ekspresja niektórych genów nie wynika bezpośrednio tylko ze zmian w genomie na skutek przebywania eksplantatów w hodowli *in vitro*, ale jest też wynikiem zmian aktywności całego aparatu transkrypcyjnego.

Podsumowując pracę H6, fenotyp linii somaklonalnych jest prawdopodobnie spowodowany interakcją białek należących do wielu grup funkcyjnych. Analiza funkcjonalna genów o zróżnicowanej ekspresji wykazała, że geny biorą udział w różnych procesach, takich jak modyfikacja białek, aktywność enzymatyczna, transkrypcja, transdukcja sygnału, transport i homeostaza jonów. Zmiany w fenotypie są spowodowane aktywacją lub represją genów, które w swoim regionie promotorowym zawierają elementy związane z odpowiedzią na światło, odpowiedzią jasmonianu metylu, odpowiedzią kwasu abscysynowego, indukcją beztlenową i fitohormonami. Geny o zmienionej ekspresji można podzielić na dwie grupy: „pierwotne” i „wtórne”, które są wynikiem zmian w interakcji sieci molekularnej w obrębie „pierwotnych” genów ze zmianą SNV. DEG są rozmieszczone na wszystkich chromosomach bez wyraźnej preferencji dla regionu chromosomalnego, w którym znajduje się gen. Nie stwierdzono istotnej korelacji między liczbą sekwencji różnicujących na danym chromosomie a jego długością, co wskazuje na losowość powstałych zmian.

W pracy H7 podjęłam się analizy mikrotoranskryptomu owoców linii somaklonalnych w celu sprawdzenia czy istnieje specyficzna regulacja z wykorzystaniem cząsteczek miRNA i ich cząsteczek docelowych. Nasunęło się pytanie, czy można wyróżnić grupy procesów biologicznych, które są wspólne liniom somaklonalnym, gdyż mogło by to wskazywać na ich powiązanie ze zjawiskiem zmienności somaklonalnej występującej w roślinach podczas hodowli roślin *in vitro*. Dotychczas nie było doniesień na temat regulacji epigenetycznej z udziałem miRNA w powiązaniu ze zjawiskiem zmienności somaklonalnej. Z tego też względu, to podejście było szczególnie ważne i nowatorskie.

Przeprowadziłam sekwencjonowanie sRNA (sRNA-seq) z owoców ogórka. Zidentyfikowano cząsteczki miRNA, które ulegają różnicowej ekspresji pomiędzy somaklonami (linie S1, S2, S3) a referencyjną linią B10 oraz ich cząsteczki docelowe - targety (ang. *targets*). Adnotacja cząsteczek różnicowych miRNA wykazała, że ze wszystkich miRNA tylko 14 miało odpowiedniki w bazie danych, a pozostałe miRNA zidentyfikowano jako nowe (cst-novel-miR)

W linii S1 zidentyfikowano 8 cząsteczek w tym 1 ulegała zmniejszonej (ath-miR393a-3p) a siedem cząsteczek zwiększonej ekspresji, były to cząsteczki z grupy cst-novel-miR. W linii S2 zidentyfikowano 10 cząsteczek miRNA z czego pięć miała zwiększoną (z czego adnotowano jedną cme-miR169l), a pięć zmniejszoną ekspresję (z czego cztery znalazły odpowiedniki w bazie: cme-miR167c, cme-miR394a, cme-miR171e, ath-miR393a-3p). Najwięcej cząsteczek miRNA o zmienionej ekspresji wskazano w linii S3 – były to 44 cząsteczki, spośród których 25 wykazywało zmniejszoną ekspresję (w tym dwie były adnotowane cme-miR169l, cme-miR156b) a 19 zwiększoną (z czego sześć wykazała podobieństwo do sekwencji w bazach danych: cme-miR164b, cme-miR166b, cme-miR396e, cme-miR390d, cme-miR169f, at-miR393a-3p). Cząsteczką, która miała zwiększoną ekspresję we wszystkich liniach somaklonalnych była adnotowana - ath-miR393a-3p, nie znaleziono wspólnych trzem liniom somaklonalnych cząsteczek o zmniejszonej ekspresji. Natomiast znaleziono wspólne cząsteczki dla dwóch linii: dla S1 i S3 była to jedna cząsteczka cst-novel-114, dla linii S2 i S3 były to cztery cząsteczki: cme-MIR169l, cst-novel-miR377, cst-novel-miR356, cst-novel-miR196.2

Kolejnym krokiem była identyfikacja targetów dla cząsteczek miRNA. Zidentyfikowałam łącznie 2 886 mRNA (w tym izoformy) kodowanych przez 644 geny jako cząsteczki docelowe dla miRNA, w tym 689 isoform kodowanych przez 113 genów było regulowane przez znane miRNA i 2 284 isoform kodowanych przez 564 geny regulowane przez nowe miRNA (cst-novel-miRNA). Łącznie zidentyfikowano jako targety: 560 mRNA (244 geny), 283 mRNA (40 genów) i 2 400 mRNA (408 geny) odpowiednio dla linii S1, S2 i S3. Spośród zidentyfikowanych genów targetowych 10 było wspólnych dla trzech linii somaklonalnych i były to geny kodowane przez wspólną różnicową cząsteczkę miRNA-at-miR393a-3p. Ekspresję cząsteczek miRNA oraz ich targetów potwierdzono techniką qPCR.

Funkcjonalna adnotacja i klasyfikacja ontologiczna genów targetowych wykazała ich związek: z procesami metabolicznymi, odpowiedzią na stres, rozwojem organizmów wielokomórkowych, procesem biosyntezy i aktywnością katalityczną.

W kategorii proces biologiczny, najliczniejsze terminy były wspólne dla wszystkich linii somaklonalnych i były to grupy: proces komórkowy (29–35% genów), proces metaboliczny (21%–30%) oraz regulacja procesu biologicznego (15%–29%). Wiele genów też sklasyfikowano do grup: odpowiedź na bodźce (5%–10%) i białka powiązane z lokalizacją (5%–8%). W kategorii komponent komórkowy również we wszystkich trzech liniach występowały podobne terminy, do których zaklasyfikowały się geny targetowe: białka powiązane z błoną (26%–31% genów), budowa wewnątrzkomórkowa (16%–20% genów), organelle (16%–18%) i cytoplazma (9–13%). Najczęstszymi terminami w kategorii funkcja molekularna były grupy, takie jak: wiązanie (42%–46% genów) i aktywność katalityczna (35%–40%). Inne bardzo powszechne terminy to aktywność zależna od ATP (4%–6%) i aktywność regulatora transkrypcji (2%–5%).

W analizie funkcjonalnej szczególną uwagę zwróciłam na procesy, w które są zaangażowane wspólne dla trzech linii somaklonalnych dziesięć genów targetowych i w kategorii proces biologiczny są to grupy: organizacja komórki, reakcja na stres oraz procesy metaboliczne węglowodanów. W kategorii funkcja molekularna geny zostały przypisane do grup: aktywność katalityczną, hydrolityczną, wiązanie kwasów nukleinowych i białek. W kategorii komponent komórkowy geny są przypisane do grup: błona, ściana komórkowa, chloroplast i peroksosomy.

W celu sprawdzenia czy istnieje powiązanie na poziomie interakcji białek, do uprzednio utworzonych sieci (opisanych powyżej – publikacja **H6**) dodano białka kodowane przez geny targetowe dla różnicowych miRNA. Jako dane wejściowe do konstrukcji sieci molekularnej użyłam 581, 491 i 640 identyfikatorów dla linii S1, S2 i S3. Obejmowały one 44 białka targetowe, 418 genów o zróżnicowanej ekspresji (DEG) i 119 genów z SNV (G_SNV) dla linii S1. Dla Linii S2 było to 36 białek kodowanych przez geny targetowe, 365 DEGs i 90 G_SNV dla linii S2; i 331 białek kodowanych przez geny targetowe, 198 DEGs i 111 G_SNV dla linii S3. W efekcie dla linii S1 w bazie STRING dopasowano 535 identyfikatorów a wśród nich 398 białek zostało włączonych do głównej sieci, wśród których były białka kodowane przez 27 genów docelowych, 288 DEG i 83 G_SNV. Znalazło się też sześć mniejszych sieci składających się z 14 białek, reszta białek nie tworzyła interakcji i zostały one określone jako singeltony. Ontologia sieci molekularnej w linii S1 wykazała, że większość białek w grupie komponent komórkowy, była związana z plastydami. Białka przypisane do kategorii funkcja molekularna zostały połączone z transporterem transbłonowym, aktywnością oksydoreduktazy i wiązaniem jonów. W kategorii proces biologiczny, najbardziej wzbogacone terminy związane były z biosyntezą i reakcją na światło. W linii S2 znaleziono 426 białek. Główna sieć składała się z 249 białek, wśród których było 14 białek kodowanych przez geny targetowe, 181 DEG i 54 G_SNV. Było też 12 mniejszych sieci zawierających 30 białek, pozostałe białka to singeltony. Ontologia sieci molekularnej w linii S2 ujawniła, że większość białek w kategorii komponent komórkowy znalazło się w grupie: membrana. Białka przypisane do funkcji molekularnej były związane z: wiązaniem DNA, aktywnością czynnika transkrypcyjnego, aktywnością katalityczną. W kategorii proces biologiczny, najbardziej liczne grupy wskazywały na procesy związane z rozwojem budowy anatomicznej i morfogenezy. W analizie sieci dla linii S3 dopasowano 604 białka. Główna sieć składała się z 387 białek, wśród których były 204 białka kodowane przez geny targetowe, 118 DEG i 65 G_SNV. 42 białka zgrupowano w 13 mniejszych sieci a reszta białek to singeltony. Wzbogacenie sieci molekularnej w linii S3 wykazało, że większość terminów w grupie komponent komórkowy były spokrewnione z: chloroplastem, cytozolem i cytoplazmą. Białka przypisane do funkcji molekularnej zostały przypisane do grup: aktywność wiążąca i katalityczna. W kategorii proces biologiczny najbardziej liczne grupy to: regulacja procesu rozrodu oraz morfogeneza pędów.

Z powyższych analiz wynika, że są powiązania białek targetowych dla miRNA z białkami kodowanymi przez geny DEG i G_SNV. Można zatem wywnioskować, że cząsteczki miRNA mogą pośrednio wpływać na sieci molekularne i odgrywać rolę w wielu różnych szlakach regulacyjnych. Regulacja ta może zachodzić poprzez proces cięcia transkryptów lub hamowania translacji, co z kolei wpływa na proteom, skutkując w zróżnicowanym składzie białek. Jak pokazano na przykładzie sieci molekularnych, białka kodowane przez geny targetowe dla miRNA biorą udział w wielu ważnych procesach regulacyjnych. Dlatego zmienna ekspresji miRNA może te szlaki zaburzać, prowadząc głównie do ich niewydolności. Stworzone sieci molekularne przedstawiają nowe podejście integrujące

wiele poziomów omicznych od DNA-seq przez mRNA-seq, sRNA-seq i utworzenie interaktomu (*in silico* PPI) co stanowi pierwszy tego typu opis w powiązaniu ze zmiennością somaklonalną u roślin.

Podsumowując pracę H7, wskazałam, że istnieje regulacja epigenetyczna na poziomie miRNA w liniach somaklonalnych. Zidentyfikowano różnicowe cząsteczki miRNA (znane i nowe) oraz ich geny docelowe, które mogą mieć wpływ na funkcjonowanie wielu genów i interaktom. W prezentowanej pracy po raz pierwszy przedstawiłam złożoność procesów molekularnych powiązanych ze zmiennością somaklonalną, a także jako pierwszy zespół na świecie pokazaliśmy konsolidację różnych poziomów omicznych jako sieci interakcji białkowych *in silico*.

Powyższe prace **H1 – H7**, składające się na opisywane osiągnięcie, przytaczają aktualny stan wiedzy dotyczący technologii omicznych stosowanych u ogórka oraz dostarczają wysoko-przepustowe dane, stanowiące nowy i ważny wkład w aspekty genomiki i transkryptomiki zasobów ogórka, w obszarach takich jak rozmnażanie, transgeneza i zmienność somaklonalna. Prace prezentują szereg nowych informacji, których znaczenie wyjaśniono i przedyskutowano. Genom referencyjny, profile transkryptomów oraz mikrottranskryptomów badanych obiektów, uzyskane w ramach powyższych prac zostały upublicznione i mogą być wykorzystywane przez naukowców i hodowców.

W podsumowaniu, za najważniejsze dokonania prac składających się na osiągnięcie naukowe uważam:

- szczegółową ocenę efektywności różnych metod/technologii omicznych w wykrywaniu cech zmienności u ogórka – ułatwienie wyboru narzędzi badawczych dla naukowców (**H1**).
- zaprezentowanie modelu współdziałania różnych czynników mogących modulować płęć u ogórka do wykorzystania w dalszych pracach nad determinacją płci ogórka (**H2 i H3**)
- uzyskanie profili transkrypcyjnych i zidentyfikowanie genów wraz z określeniem procesów biologicznych i funkcji molekularnych specyficznych dla kwiatów męskich, żeńskich i hermafrodytycznych, biorących udział w determinacji płci u ogórka (**H3**)
- skonstruowanie pierwszej mapy interakcji molekularnych białek kodowanych przez geny różnicowe zaangażowane w determinację płci u ogórka (**H3**)
- stworzenie adnotacji strukturalnej i funkcjonalnej genomu referencyjnego B10v3 (**H4**)
- utworzenie transkryptomu referencyjnego (pan-transkryptomu) ogórka, w skład którego wchodzi dane ze 150 próbek sekwencyjnych z liści, stożków wzrostu, pąków kwiatowych i owoców (**H4**)
- uzyskanie mapy zmienności na poziomie ekspresji genów oraz mikrottranskryptomu po transgenezie w owocach trzech linii ogórka z wprowadzonym genem taumatyny w stosunku do linii referencyjnej (**H5**)
- poznanie profili transkrypcyjnych w owocach i zidentyfikowanie genów wraz z określeniem procesów biologicznych i funkcji molekularnych charakterystycznych dla linii somaklonalnych ogórka (**H6**)
- poznanie profili mikrottranskryptomu w owocach i zidentyfikowanie genów docelowych dla cząsteczek miRNA z określeniem procesów biologicznych i funkcji molekularnych charakterystycznych dla linii somaklonalnych ogórka (**H7**)
- przedstawienie sieci powiązań interakcji molekularnych na poziomie interaktomu (*in silico* PPI) w owocach linii somaklonalnych ogórka z uwzględnieniem białek kodowanych przez geny o zmiennej ekspresji, geny ze zmianą typu SNV oraz geny targetowe dla cząsteczek o zmiennej ekspresji (**H6 i H7**)

Referencje:

- Amm I, Sommer T, Wolf, DH (2014) Protein quality control and elimination of protein waste: The role of the ubiquitin–proteasome system. *Biochim. Et Biophys. Acta (BBA) Mol. Cell Res.*, 1843: 182–196.
- Ando K, Carr KM, Grumet R, (2012) Transcriptome analyses of early cucumber fruit growth identifies distinct gene modules associated with phases of development, *BMC Genomics* 13: 518.
- Bartoszewski G, Malepszy S, Havey MJ (2004) Mosaic (MSC) cucumbers regenerated from independent cell cultures possess different mitochondrial rearrangements. *Curr Genet* 45:45–53
- Boualem A, Fleurier S, Troadec C, Audigier P, Kumar AP, Chatterjee M, Alsadon AA, Sadler MT, Wahb-Allah MA, Al-Doss AA, Bendahmane A (2014) Development of a *Cucumis sativus* TILLING platform for forward and reverse genetics, *PLoS One* 9: e97963.
- Boualem A, Troadec C, Camps C, Lemhemdi A, Morin H, Sari MA, Fraenkel-Zagouri R, Kovalski I, Dogimont C, Perltreves R, Bendahmane A (2015) A cucurbit androecy gene reveals how unisexual flowers develop and dioecy emerges, *Science* 350:688–691
- Cavagnaro PF, Senalik DA, Yang L, Simon PW, Harkins TT, Kodira CD, et al., (2010) Genome-wide characterization of simple sequence repeats in cucumber (*Cucumis sativus* L.), *BMC Genomics* 11: 569.
- Chen C, Liu M, Jiang L, Liu X, Zhao J, Yan S, et al., (2014) Transcriptome profiling reveals roles of meristem regulators and polarity genes during fruit trichome development in cucumber (*Cucumis sativus* L.), *J. Exp. Bot.* 65:4943–4958.
- Chen C, Zhang K, Khurshid M, Li J, He M, Georgiev MI, Zhang X, Zhou M (2019) MYB transcription repressors regulate plant secondary metabolism. *Crit Rev Plant Sci* 38, 3:159–170
- Colle M (2015) Cucumber (*Cucumis sativus* L.) fruit development: factors influencing fruit size, shape, and resistance to *Phytophthora capsici* in: Doctoral Dissertation, Michigan State University, UMI 3702065
- Grumet R, Colle M, Ando K, Xie DS, Havenga L, Switzenberg JA (2013) Modified plant architecture to enhance crop disease control: genetic control and possible value of upright fruit position in cucumber, *Eur. J. Plant Pathol.* 135: 545–560.
- Guo S, Zheng Y, Joung JG, Liu S, Zhang Z, Crasta OR, et al., (2010) Transcriptome sequencing and comparative analysis of cucumber flowers with different sex type, *BMC Genomics* 11: 384.
- Guo S, Sun B, Looi LS, Xu Y, Gan ES, Huang J, Ito T (2015) Coordination of flower development through epigenetic regulation in two model species: rice and *Arabidopsis*. *Plant Cell Physiol* 56:830–842
- Gutman W, Pawelkowicz M, Woycicki R, Piszczek E, Przybecki Z (2008) The construction and characteristics of a BAC library for *Cucumis sativus* L. 'B10, *Cell. Mol. Biol. Lett.* 13 74–91.
- Huang et al. 2009 S. Huang, R. Li, Z. Zhang, L. Li, X. Gu, W. Fan, et al., (2009) The genome of the cucumber, *Cucumis sativus* L, *Nat. Genet.* 41: 1275–1281
- Jiang L, Yan S, Yang W, Li Y, Xia M, Chen Z, Wang Q, et al., (2015) Transcriptomic analysis reveals the roles of microtubule-related genes and transcription factors in fruit length regulation in cucumber (*Cucumis sativus* L.), *Sci. Rep.* 5:8031.
- Li Z, Huang S, Liu S, Pan J, Zhang Z, Tao Q, et al., (2009) Molecular isolation of the M gene suggests that a conserved-residue conversion induces the formation of bisexual flowers in cucumber plants, *Genetics* 182: 1381–1385.
- Li C, Li Y, Bai L, Zhang T, He C, Yan Y, Yu X (2013) Grafting-responsive miRNAs in cucumber and pumpkin seedlings identified by high-throughput sequencing at whole genome level, *Physiol. Plant.* 151: 406–422.
- Li J, Wu Z, Cui L, Zhang T, Guo Q, Xu J, et al., (2014) Transcriptome comparison of global distinctive features between pollination and parthenocarpic fruit set reveals transcriptional phytohormone cross-talk in cucumber (*Cucumis sativus* L.), *Plant Cell Physiol.* 55: 1325–1342.
- Lyzenga WJ, Stone SL (2012) Regulation of ethylene biosynthesis through protein degradation. *Plant Signal Behav* 7:1438–1442
- Ładyżyński M, Burza W, Malepszy S (2002) Relationship between somaclonal variation and type of culture in cucumber. *Euphytica* 125:349–356.
- Malepszy S, Niemirowicz-Szczytt K (1991) Sex determination in cucumber (*Cucumis sativus*) as a model system for molecular biology. *Plant Sci* 80:39–47
- Malepszy S, Burza W, Śmiech M (1996) Characterization of a cucumber (*Cucumis sativus* L.) somaclonal variant with paternal inheritance. *J Appl Genet* 37:65–78
- Martínez G, Forment J, Llave C, Pallás V, Gómez G (2011) High-throughput sequencing, characterization and detection of new and conserved cucumber miRNAs, *PLoS One* 6: e19523.
- Miao M, Yang X, Han X, Wang K (2010) Sugar signalling is involved in the sex expression response of monoecious cucumber to low temperature. *J Exp Bot* 62:797–804
- Miao H, Zhang S, Wang X, Zhang Z, Li M, Mu S, et al., (2011) A linkage map of cultivated cucumber (*Cucumis sativus* L.) with 248 microsatellite marker loci and seven genes for horticulturally important traits, *Euphytica* 182: 167–176.
- Mibus H, Tatlioglu CT (2004) Molecular characterization and isolation of the F/f gene for femaleness in cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Theor Appl Genet* 109:1669–1676
- Mao W, Li Z, Xia X, Li Y, Yu J (2012) A combined approach of high-throughput sequencing and degradome analysis reveals tissue specific expression of microRNAs and their targets in cucumber, *PLoS One* 7: e33040.
- Mortimer, J.C.; Laohavisit, A.; Macpherson, N.; Webb, A.; Brownlee, C.; Battey, N.H.; Davies, J.M. Annexins: Multifunctional components of growth and adaptation. *J. Exp. Bot.* 2008, 59, 533–544
- Mróz TL, Havey MJ, Bartoszewski G (2015) Cucumber possesses a single terminal alternative oxidase gene that is upregulated by cold stress and in the mosaic (MSC) mitochondrial mutants, *Plant Mol. Biol. Rep.* 33: 1893–190

- Oldfield AJ, Yang P, Conway AE, Cinghu S, Freudenberg JM, Yellaboina S, Jothi R (2014) Histone-fold domain protein NF-Y promotes chromatin accessibility for cell type-specific master transcription factors. *Mol. Cell* 55:708–722.
- Pallas V, Gomez G (2013) Phloem RNA-binding proteins as potential components of the long-distance RNA transport system, *Front. Plant Sci.* 4: 130
- Pląder W, Malepszy S, Burza W, Rusinowski Z (1998) The relationship between the regeneration system and genetic variability in the cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Euphytica* 103:9–15
- Popowich EA, Firsov AP, Mitouchkina TY, Filipenya VL, Dolgov SV, Reshetnikov VN (2007) Agrobacterium-mediated transformation of *Hyacinthus orientalis* with thaumatin II gene to control fungal diseases. *Plant Cell Tissue Organ Cul.* 90:237–244.
- Ren Y, Zhang Z, Liu J, Staub JE, Han Y, Cheng Z, et al., (2009) An integrated genetic and cytogenetic map of the cucumber genome, *PLoS One* 4 e5795.
- Schestibratov JKA, Dolgov SV (2005) Transgenic strawberry plants expressing a thaumatin II gene demonstrate enhanced resistance to *Botrytis cinerea*. *Sci. Hortic.* 106: 177–189.
- Shang Y, Ma Y, Zhou Y, Zhang H, Duan L, Chen H, et al., (2014) Biosynthesis, regulation, and domestication of bitterness in cucumber, *Science* 346: 1084–1088.
- Simão FA, Waterhouse RM, Ioannidis P, Kriventseva EV, Zdobnov EM (2015) BUSCO: assessing genome assembly and annotation completeness with single-copy orthologs. *Bioinformatics* 31:3210–3212
- Skarzyńska A, Pawełkowicz M, Pląder W (2020) Genome-wide discovery of DNA variants in cucumber somaclonal lines. *Gene* 736:144412.
- Sun J, Zhang Z, Zong X, Huang S, Li Z, Han Y (2013) A high-resolution cucumber cytogenetic map integrated with the genome assembly, *BMC Genomics* 14: 461.
- Szklarczyk D, Morris JH, Cook H, Kuhn M, Wyder S, Simonovic M et al (2017) The STRING database in 2017: quality-controlled protein-protein association networks, made broadly accessible, *Nucleic Acids Res* 45:D362–D368
- Szwacka M, Morawski M, Burza W (1996) Agrobacterium Tumefaciens-Mediated Cucumber Transformation with Thaumatin II cDNA. *J. Appl. Genet.* 37A: 126–129.
- Szwacka M, Tykarska T, Wisniewska A, Kuras M, Bilski H, Malepszy S (2009) Leaf morphology and anatomy of transgenic cucumber lines tolerant to downy mildew. *Biol. Plant.* 53: 697–70.
- Tanurdzic M, Banks JA (2004) Sex-determining mechanisms in land plants, *PlantCell* 16 (Suppl. 1) S: 61–S71.
- Wicker T, Guyot R, Yahiaoui N, Keller B (2003) CACTA transposons in *Triticeae*. A diverse family of high-copy repetitive elements. *Plant Physiol* 132:52–63.
- Wóycicki R, Witkowicz J, Gawroński P, Dąbrowska J, Lomsadze A, Pawełkowicz M, et al., (2011) The genome sequence of the North-European cucumber (*Cucumis sativus* L.) unravels evolutionary adaptation mechanisms in plants. *PLoS one* 6, 7: e22728.
- Wu T, Qin Z, Zhou X, Feng Z, Du Y (2010) Transcriptome profile analysis of floral sex determination in cucumber, *J. Plant Physiol.* 167: 905–913.
- Yang L, Li D, Li Y, Gu X, Huang S, Garcia-Mas J, Weng Y (2013) A 1681 – locus consensus genetic map of cultivated cucumber including 67 NB-LRR resistance gene homolog and ten gene loci, *BMC Plant Biol.* 13: 1–14.
- Yang X, Li Y, Zhang W, He H, Pan J, Cai R (2014a) Fine mapping of the uniform immature fruit color gene u in cucumber (*Cucumis sativus* L.), *Euphytica* 196: 341–348
- Ye X, Song T, Liu C, Feng H, Liu Z (2014) Identification of fruit related microRNAs in cucumber (*Cucumis sativus* L.) using high-throughput sequencing technology, *Hereditas* 151: 220–228.
- Yin Z, Rorat T, Szabala BM, Ziółkowska A, Malepszy S (2006) Expression of a *Solanum soganandinum* SK3-type dehydrin enhances cold tolerance in transgenic cucumber seedlings, *Plant Sci.* 170: 1164–1172.
- Zhang N, Zhang HJ, Zhao B, Sun QQ, Cao YY, Li R, et al., (2014) The RNA-seq approach to discriminate gene expression profiles in response to melatonin on cucumber lateral root formation, *J. Pineal Res.* 56: 39–50.
- Zhang WW, Pan JS, He HL, Zhang C, Li Z, Zhao JL, et al., (2012) Construction of a high density integrated genetic map for cucumber (*Cucumis sativus* L.), *Theor. Appl. Genet.* 124: 249–259.
- Zhao H, Wu D, Kong F, Lin K, Zhang H, Li G (2017) The Arabidopsis thaliana nuclear factor Y transcription factors. *Front. Plant Sci.* 7: 2045
- Zhao W, Yang X, Yu H, Jiang W, Sun N, Liu X, et al. (2014) RNA-Seq-based transcriptome profiling of early nitrogen deficiency response in cucumber seedlings provides new insight into the putative nitrogen regulatory network, *Plant Cell Physiol.* 56, 3: 1–13.
- Zhou Q, Miao H, Li S, Zhang S, Wang Y, Weng Y, et al. (2015) A sequencing-based linkage map of cucumber, *Mol. Plant* 8: 961–963.

Prace wchodzące w skład osiągnięcia znajdują się w załączniku 5. Oświadczenia współautorów zawierające opis wkładu w powstanie prac znajdują się w załączniku

5. INFORMACJA O WYKAZYWANIU SIĘ ISTOTNĄ AKTYWNOŚCIĄ NAUKOWĄ ALBO ARTYSTYCZNĄ REALIZOWANĄ W WIĘCEJ NIŻ JEDNEJ UCZELNI, INSTYTUCJI NAUKOWEJ LUB INSTYTUCJI KULTURY, W SZCZEGÓLNOŚCI ZAGRANICZNEJ.

W okresie po uzyskaniu stopnia doktora naukowego współpracowałam z naukowcami z następujących jednostek naukowych:

5.1 Max-Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Potsdam, Germany

(pobyt na stażu zagranicznym 1 miesiąc 01.09.2004 - 30.09.2004)

Badania we współpracy z Instytutem Fizjologii Molekularnej Roślin Max-Plancka, realizowałam w Poczdamie w Niemczech podczas pobytu na stażu naukowym a potem kontynuowałam je w Polsce. Staż odbywałam pod kierownictwem prof. Alisdair Fernie i dr Ewy Urbańczyk – Wochniak. Badania, w które byłam zaangażowana dotyczyły analizy danych transkrypcyjnych roślin z gatunków psiankowatych i konsekwencji zmian genetycznych i środowiskowych na poziomie transkryptomów i metabolitów w liściach. Brałam udział w przeprowadzaniu eksperymentów na dedykowanych do badań płytek microarray, na których prowadziłam hybrydyzację próbek. Uczestniczyłam w badaniach dotyczących analizy uzyskanego obrazu, normalizacji i analizy statystycznej danych. Następnie weryfikowałam dane z wykorzystaniem reakcji qRT-PCR. Drugi nurt prac polegał na analizach bioinformatycznych i przystosowaniu programu MapMan projektowanego dla gatunku *Arabidopsis thaliana* dla roślin psiankowatych.

Wykonywałam również pracę z zakresu skorelowania bazy danych programu MapMan zaprojektowanego dla genów rzodkiewnika do bazy danych genów pomidora, z uwzględnieniem przypisów ontologicznych. Następnie, tak przygotowana baza danych posłużyła do transferu atrybutów opisujących dane geny i wizualizacji aktywności genów różnicowych, wskazanych w analizach microarray do prezentacji procesów, które ulegają zmianom, pod wpływem zmian środowiskowych w analizowanych układach badawczych.

Współpraca podczas stażu a także kontynuacja badań po powrocie ze stażu miała istotny wpływ na rozwój mojej kariery naukowej ze względu na zdobytą wiedzę, doświadczenie laboratoryjne i bioinformatyczne a także zaowocowała publikacją, która jest najlepiej cytowaną pracą w moim dorobku naukowym.

- Urbańczyk-Wochniak E., Usadel B, Thimm O Nunes-Nesi A, Carrari F, Davy M Bläsing O, **Kowalczyk M**, B Weicht D., Polinceusz A., Meyer S. Stitt M., Fernie AR. 2006, Conversion of MapMan to allow the analysis of transcript data from Solanaceous species: effects of genetic and environmental alterations in energy metabolism in the leaf. Plant Mol Biol. 2006 Mar;60(5):773-92

Wiedza zdobyta na stażu pomogła mi w zdobyciu późniejszych grantów naukowych: NCN OPUS 1 „Analiza transkryptomów ogórka w rozwiązaniu zagadnienia determinacji płci roślin”. NCN OPUS 1 2011/01/B/NZ2/01631 oraz NCN OPUS 19 „Integracja danych multi-omicznych ogórka w celu identyfikacji mechanizmów determinacji płci i ich uwarunkowań klimatycznych” 2020/37/B/NZ9/00586.

5.2 Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) Gatersleben, Niemcy

(pobyt na stażu zagranicznym 1 miesiąc 01.06.2013 – 30.06.2013 oraz 3 miesiące 05.01.2015 – 31.03.2015)

Badania we współpracy z Instytutem IPK realizowane były w Instytucie IPK w Golm. Badania dotyczyły określenia profili metabolicznych liści, stożków wzrostu i pąków kwiatowych sześciu linii ogórka o różnej płci, gdzie prowadziłam analizy, które obejmowały przygotowanie prób, analizę metabolitów na aparacie GC-MS, identyfikację oraz analizy statystyczne metabolitów różnicujących badane stadia oraz płęć pąków linii ogórka. Doświadczenia wykazały obecność istotnie statystycznych metabolitów różnicowych, które mogłyby posłużyć jako markery płci np. w pracach hodowlanych. Drugim nurtem pracy podjętym podczas stażu było zaznajomienie się z technologią sekwencjonowania NGS z wykorzystaniem techniki Illumina. Dzięki pobytowi w IPK otrzymałam dane do dalszych analiz a także zdobyta wiedza umożliwiła mi zakończenie projektu OPUS 1 2011/01/B/NZ2/01631, w którym prowadziłam analizę wysokoprzepustowych danych transkryptomowych pąków kwiatowych.

Kolejny pobyt w IPK był realizowany w ramach sieci EPPN i dotyczył profilowania metabolitów w liniach ogórka wytworzonych różnymi metodami. Były to linie transgeniczne z wprowadzonym genem dehidryny i taumatyny, somaklony oraz mutanty chemiczne. Materiał do badań pozyskałam w Polsce, były to małe 10 dniowe owoce ogórka, które zostały poddane analizom profilowania metabolicznego z wykorzystaniem GC-MC. Podobnie jak poprzednio, uczestniczyłam w pracy poczynając od przygotowania prób po analizę statystyczną wyników. Celem prac było określenie jaki wpływ na stan metabolomu mają metody hodowlane i czy rzeczywiście rośliny transgeniczne mają mocno zmieniony poziom metabolitów. Badanie jasno wykazały, że najwięcej zmian mają mutanty chemiczne, potem linie somaklonalne a najmniej linie transgeniczne. Zapoznałam się również z metodami tworzenia sieci metabolicznych a także szczegółową analizą takich danych. Publikacja jest w trakcie przygotowywania. Będąc na wyjeździe zapoznałam się również z nowoczesnym systemem do analiz fenotypowania Lemnatech.

Zdecydowanie odbyte staże umożliwiły mi zdobycie nowych kompetencji, które wykorzystałam do przygotowania publikacji naukowych kończących projekt OPUS 1 oraz otrzymanie kolejnego projektu OPUS 19, w którym zawarłam istotne kwestie dotyczące analiz multiomicznych wykorzystując wiedzę zdobytą podczas prac w IPK.

5.3 Institute of Computational Medicine, Department of Genomics of Gene Expression Centro de Investigaciones Principe Felipe, Walencja, Hiszpania

(pobyt na stażu zagranicznym w dniach 01.03.2013 – 15.03.2013);

Odbyłam też krótki staż powiązany z analizą danych bioinformatycznych DNA-seq i RNA-seq, gdzie miałam możliwość zapoznania się ze sposobem analizy danych sekwencyjnych zarówno na poziomie genomowym, transkryptomowym jak i analiz miRNA. Staż ten przyczynił się do zmiany strategii realizacji projektu badawczego OPUS 1 oraz pomógł w zrozumieniu istotnych metod badawczych w analizach bioinformatycznych. Wiedzę zdobytą podczas stażu wykorzystałam do przygotowania projektu OPUS 19.

5.4 Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Państwowy Instytut Badawczy, oddział w Młochowie

W przypadku tej współpracy badania dotyczyły analiz bioinformatycznych cząsteczek miRNA i ich genów docelowych a także pełnej adnotacji strukturalnej i funkcjonalnej wskazanych izolatów wirusa PVY. Tematem przewodnim badań była analiza podstaw molekularne interakcji roślin na zakażenie wirusem. W Polsce największe znaczenie ekonomiczne w produkcji ziemniaka ma wirus Y ziemniaka (Potato virus Y, PVY). Straty w plonie bulw ziemniaka powodowane infekcją PVY są znaczne, a jakość bulw bywa obniżona poprzez występowanie pierścieniowych nekroz. Przeprowadzone badania dotyczyły zbadania profili ekspresyjnych miRNA gospodarza w patosystemach PVY-ziemniak oraz PVY-tytoń. Przedstawione prace dostarczyły pierwszych przykładów, że cząsteczki miRNA i ich cząsteczki docelowe są specyficzne dla danego szczepu wirusa, są zależne od gospodarza, są związane z typem obrony i nasilenia objawów. Analizy genomów wirusa wykazały zmienność w sekwencjach, co skutkowało różnym zwinięciem kodowanych białek, co w konsekwencji po porażeniu roślin wiązało się z różnym nasileniem objawów. Moim zadaniem była analiza genomów wirusów PVY i TRV, ich adnotacja strukturalna i ontologiczna. Zajmowałam się również analizą oddziaływań miRNA i cząsteczek docelowych w kontekście określenia roli genów docelowych.

W wyniku współpracy opublikowano:

- Zhimin Y., Murawska Z., Xie F., Pawełkowicz M., Michalak K., Zhang B., Lebecka R. microRNA response in potato virus Y infected tobacco shows strain-specificity depending on host and symptom severity. *Virus Research* (2019), 260, 20-32
- Zhimin Y., Xie F., Michalak K., Pawełkowicz M., Zhang B., Wójcik Z., Zimnoch-Guzowska E., Renata R. Potato cultivar Etola exhibits susceptibility to PVY N-Wi isolate PVY-3411 and PVY NTN isolate PVY-3303 but hypersensitive resistance to PVY NTN isolate PVY-3202 and strain-specific alterations of certain host miRNAs might correlate with symptom severity. *Plant Pathology* (2017), 66 (4), 539-550
- Zhimin Y., Pawełkowicz M., Michalak K., Chrzanowska M., Zimnoch-Guzowska E. Single-nucleotide polymorphisms and reading frame shifts in RNA2 recombinant regions of tobacco rattle virus isolates Slu24 and Deb57. *Archives of Virology*, (2014); 159, 3119-3123.
- Zhimin Y., Pawełkowicz M., Michalak K., Chrzanowska M., Zimnoch-Guzowska E. The genomic RNA1 and RNA2 sequences of the Tobacco rattle virus isolates found in Polish potato fields *Virus Research* (2014), 185, 110 – 113

5.5 Współpraca z Zakładem Sztucznej Inteligencji, Politechnika Warszawska

Współpraca z Politechniką Warszawską polegała na testowaniu nowych algorytmów i rozwiązań bioinformatycznych wykorzystywanych w wysokoprzepustowych danych z sekwencjonowania genomów ogórka technikami 454 Roche Titanium, PacBio oraz Illumina. W wyniku tej współpracy opublikowano:

- Skarzyńska, Agnieszka; Kuśmirek, Wiktor; Pawełkowicz, Magdalena; Pląder, Wojciech; Nowak, Robert M; Assembly of cucumber (*Cucumis sativus* L.) somaclones; *Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High Energy Physics Experiments 2017*, International Society for Optics and Photonics, 10445, 1044534, 1 –8; 2017
- Wojcieszek, Michał; Kuśmirek, Wiktor; Pawełkowicz, Magdalena; Pląder, Wojciech; Nowak, Robert M; Comparison of de novo assembly statistics of *Cucumis sativus* L.; *Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High Energy Physics Experiments 2017*; International Society for Optics and Photonics; 10445, 1044533; 1-8; 2017
- Kulawik, Maciej; Pawełkowicz, Magdalena Ewa; Wojcieszek, Michał; Pląder, Wojciech; Nowak, Robert M; Detection of genomic rearrangements in cucumber using genomecmp software,

- Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High Energy Physics Experiments 2017; International Society for Optics and Photonics, 10445, 1044535, 1 – 7; 2017
- Haponiuk, Michał; Pawełkowicz, Magdalena; Przybecki, Zbigniew; Nowak, Robert M; CuGene as a tool to view and explore genomic data, Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High Energy Physics Experiments 2017; International Society for Optics and Photonics; 10445, 1044532, 1 – 8; 2017
 - Osipowski, Paweł; Pawełkowicz, Magdalena; Przybecki, Zbigniew; Nowak, Robert M; Computational structural variation discovery in genomes: state of the art and challenges; Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High-Energy Physics Experiments 2014; International Society for Optics and Photonics; 9290; 92901J; 1 – 7; 2014
 - Wojcieszek, Michał; Pawełkowicz, Magdalena; Nowak, Robert; Przybecki, Zbigniew; Genomes correction and assembling: present methods and tools; Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High-Energy Physics Experiments 2014; International Society for Optics and Photonics; 9290; 92901X; 1 – 8; 2014
 - Pawełkowicz, Magdalena; Nowak, Robert; Osipowski, Paweł; Rymuszka, Jacek; Świerkula, Katarzyna; Wojcieszek, Michał; Przybecki, Zbigniew; The discrepancies in the results of bioinformatics tools for genomic structural annotation; Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High-Energy Physics Experiments 2014; International Society for Optics and Photonics; 9290; 92901L; 1 – 6; 2014
 - Wojcieszek, Michał; Róż, P; Pawełkowicz, Magdalena; Nowak, Robert; Przybecki, Zbigniew; Development of genome viewer (Web Omics Viewer) for managing databases of cucumber genome; Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High-Energy Physics Experiments 2012; International Society for Optics and Photonics; 8454; 84541Y, 1 -5; 2012
 - Nowotka, Michał; Pawełkowicz, Magdalena; Wojcieszek, Michał; Przybecki, Zbigniew; Nowak Robert; Automated functional annotation using classification and data fusion algorithms for genomic, transcriptomic and proteomic science; Molecular biology in diagnostics of infectious diseases and biotechnology; WULS-SGGW; 164-167, 2012

5.6 Współpraca z Międzynarodowym Instytutem Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie

W ramach współpracy realizowanej z Międzynarodowym Instytutem Biologii Molekularnej i Komórkowej prowadziłam badania dotyczące analiz bioinformatycznych danych RNA-seq przy analizie mapowania na genomie ogórka otrzymanych surowych odczytów oraz wstępnej analizie różnicowej genów wykonywanej we współpracy z dr Leszkiem Pryszczem. W ramach współpracy opublikowano:

- **H3** Magdalena Pawełkowicz, Leszek Pryszcz, Agnieszka Skarzyńska, Rafał K Wóycicki, Kacper Posyniak, Jacek Rymuszka, Zbigniew Przybecki, Wojciech Pląder (2019). Comparative transcriptome analysis reveals new molecular pathways for cucumber genes related to sex determination. *Plant reproduction*, 32(2), 193-216

6. INFORMACJA O OSIĄGNIĘCIACH DYDAKTYCZNYCH, ORGANIZACYJNYCH ORAZ POPULARYZUJĄCYCH NAUKĘ LUB SZTUKĘ.

OSIĄGNIĘCIA DYDAKTYCZNE

Prodziekan ds. dydaktyki kierunek biotechnologia

01.09.2020 – 31.09.2021 - wg aktu powołania z dnia 01.09.2020 pełniłam funkcję Prodziekana na Wydziale Ogrodnictwa i Biotechnologii

01.10.2021 – 31.08.2024 - wg aktu powołania z dnia 01.10.2021 pełnię funkcję Prodziekana na Wydziale Biologii i Biotechnologii

Komisja dydaktyczna ds. Dydaktyki i Jakości w latach 2017 – 2019 byłam członkiem komisji na Wydziale Ogrodnictwa i Biotechnologii dla kierunku Ogrodnictwo i Ochrona zdrowia roślin, w ramach prac komisji byłam zaangażowana w przygotowanie raportu do akredytacji (PKA) kierunku Ogrodnictwo w roku akademickim 2019/2020

Komisja dydaktyczna ds. Dydaktyki i Jakości w latach 2017 – 2019 byłam członkiem komisji na Wydziale Ogrodnictwa i Biotechnologii dla kierunku Biotechnologia, w ramach prac komisji byłam zaangażowana w przygotowanie raportu do akredytacji (PKA) kierunku Biotechnologia w roku akademickim 2018/2019, brałam również udział w przygotowaniu modyfikacji programów na kierunku Biotechnologia w roku 2017, oraz w roku 2019 studiów 1-wszego i 2-giego stopnia.

W roku 2021 jako prodziekan kierunku, ponownie zaktualizowałam programy.

W roku 2022 utworzyłam (wraz z zespołem) kierunek Biotechnologii po angielsku, który został przyjęty przez Senat SGGW 28.03.2022.

Rada Wydziału Ogrodnictwa i Biotechnologii kierunku Biotechnologia od grudnia roku 2018 – byłam członkiem Rady Wydziału dla kierunku Biotechnologia, w okresie wrzesień 2020- sierpień 2021 byłam Przewodniczącą Rady Programowej kierunku Biotechnologia.

Rada Wydziału Biologii i Biotechnologii od września 2021 – jestem członkiem Rady Wydziału

Komisja rekrutacyjna byłam członkiem komisji rekrutacyjnych kandydatów na studia do Międzywydziałowego Studium Biotechnologii (MSB) w latach 2006 i 2007 oraz na kierunek Biotechnologia na Wydziale Ogrodnictwa, Architektury Krajobrazu i Biotechnologii w latach 2009 – 2014, oraz na kierunek Biotechnologia na Wydziale Ogrodnictwa i Biotechnologii w latach 2020 – 2021 oraz na kierunek Biotechnologia na Wydziale Biologii i Biotechnologii w latach 2021-2022.

Komisja stypendialna byłam członkiem komisji pełniąc funkcję wice Przewodniczącej na Wydziale Ogrodnictwa i Biotechnologii w latach 2020 – 2021.

Koordynator ds. wyjazdów międzynarodowych pełniłam funkcję pełnomocnika Dziekana do spraw współpracy z zagranicą 2006 do 2020.

Komisja ds. promocji i reklamy – pełniłam funkcję pełnomocnika Dziekana do spraw promocji kierunku Biotechnologia w latach 2009 - 2014.

Koordynator ds. monitorowania absolwentów pełniłam funkcję pełnomocnika Dziekana do spraw monitorowania losów w latach 2013 – 2014

– brałam udział w realizacji projektu 01.06.2013 – 31.05.2014; Monitorowania Losów Zawodowych Absolwentów w ramach programu POKL04.01.01 – 00- 051/11-00 przy opracowywaniu trzech raportów z ankiet absolwentów i przygotowaniu ankiety do sondażu absolwentów kierunku biotechnologia

Komisja wyborcza SGGW – w roku 2016 zostałam wybrana z grupy adiunktów zatrudnionych na SGGW do wyborów władz i otrzymałam mandat wyborczy

Zajęcia dydaktyczne prowadzę od roku 1999r na czterech kierunkach:

Ogrodnictwo studia stacjonarne i zaoczne: Genetyka (wykłady i ćwiczenia), Hodowla Roślin (wykłady i ćwiczenia), Biotechnologia Roślin (wykłady i ćwiczenia), Inżynieria genetyczna (wykłady i ćwiczenia), Biologia molekularna (wykłady i ćwiczenia),

Biotechnologia studia stacjonarne: Inżynieria genetyczna (wykłady i ćwiczenia), Genomika strukturalna i funkcjonalna (wykłady i ćwiczenia – opracowałam całość programu na ćwiczenia), Komercyjne zastosowania biotechnologii (wykłady - opracowałam 75% przedmiotu), Biologia systemów (wykłady i ćwiczenia – opracowałam całość przedmiotu), Metodologia publikacji naukowych (wykłady i ćwiczenia opracowałam 50% wykładów i całość ćwiczeń przedmiotu),

Ochrona zdrowia roślin studia stacjonarne: Wprowadzenie do genomiki (wykłady i ćwiczenia - opracowałam całość przedmiotu), Rośliny transgeniczne (wykłady i ćwiczenia - opracowałam całość przedmiotu),

Technologie energii odnawialnych studia stacjonarne: Biotechnologiczne podstawy produkcji roślinnej (wykłady – opracowałam 50% przedmiotu)

Erasmus – Introduction to genomics i Genomics – zajęcia prowadzone w języku angielskim dla studentów zagranicznych, co semestr od roku 2013

Kursy e-learning – opracowałam kurs e-learnig z przedmiotu Genomika strukturalna i funkcjonalna, który jest realizowany na kierunku Biotechnologia, na podstawie tych opracowań zostałam oceniona przez Komisję Certyfikacyjną Stowarzyszenia E-learnigu Akademickiego i uzyskałam dyplom SEA nr 8/2018 (13.01.2018)

Zajęcia dla doktorantów (może jest ISSN) – jest w bazie wiedzy.

1. Opracowanie i prowadzenie wykładów dla doktorantów Interdyscyplinarnych Studiów Doktoranckich – cykl 4 wykładów monograficznych z Inżynierii genetycznej prowadzonych w ramach projektu Program doskonalenia dydaktyki SGGW w dziedzinie pozyskiwania surowców roślinnych dla energetyki w kontekście celów Strategia Europa 2020 POKL.04.03.00-00-042/12-00. – oraz przygotowanie rozdziału do skryptu dydaktycznego cz. 3 strony 101 – 162
2. Opracowanie i poprowadzenia zajęć z przedmiotu: Nowoczesne Techniki Pomiarowe – Nowoczesne analizy genomiczne” – dla studentów II-go stopnia Interdyscyplinarnych Studiów Doktoranckich (ISD) z Bioenergetyki prowadzone na Wydziale Technologii Drewna SGGW
3. Wykłady naukowe dla słuchaczy z Instytutu Badawczego Leśnictwa w Sękocinie Starym nt. Techniki stosowane w biologii molekularnej, zorganizowanym przez MSB 19.04.2007

Promotorstwo prac dyplomowych

Rozprawy doktorskie – w sumie 5

1. Osipowski Paweł: Składanie, adnotacja i genomika porównawcza sekwencji genomów linii B10 ogórka, Wydział Ogrodnictwa i Biotechnologii, SGGW, pełniłam funkcje **promotora pomocniczego**; Data obrony: 26-06-2019
2. Skarzyńska Agnieszka: Genomika porównawcza linii ogórka uzyskanych w wyniku transformacji i regeneracji *in vitro* (praca złożona, w trakcie postępowania). Instytut Nauk Ogrodniczych, SGGW, pełnię funkcje **promotora pomocniczego**; Data obrony: 04-07-2022
3. Wojcieszek Michał: Składanie, adnotacja i genomika porównawcza genomów mutantów chemicznych ogórka (*Cucumis sativus* L.). Instytut Nauk Ogrodniczych, SGGW, pełnię funkcje **promotora pomocniczego** (w trakcie)
4. Aparna: Functional analysis of selected molecular mechanisms in cucumber sex determination (depending on climatic conditions). Instytut Biologii, SGGW, pełnię funkcje **promotora pomocniczego** (w trakcie)
5. Szymon Turek: Identyfikacja miRNA i cząsteczek docelowych i ich rola w ujęciu multiomicznej analizy interakcji molekularnych biorących udział w determinacji płci ogórka. Instytut Biologii, SGGW, pełnię funkcje **promotora pomocniczego** (w trakcie)

Prace magisterskie – w sumie 13

1. Sankiewicz Krzysztof: Bioinformatyczna analiza promotorów genów roślin *Arabidopsis thaliana* rosnących na Międzynarodowej Stacji Kosmicznej, 2019
2. Sroka Małgorzata: Analiza molekularna roślin ogórka z genem taumatyny, 2019
3. Żak Martyna: Charakterystyka molekularna mutantu W19 ogórka (*Cucumis sativus* L.), 2019
4. Mróz Tomasz: Eksperymentalna walidacja danych RNA seq mutantu MSC19 ogórka (*Cucumis sativus* L.), 2019
5. Bożek Olga: Analiza bioinformatyczna sekwencji różnicowych w powiązaniu z determinacją płci u ogórka (*Cucumis sativus* L.), 2016
6. Pindor Aleksandra: Automatyczna i manualna adnotacja genomu ogórka *Cucumis sativus* var. Borszczagowski., 2015
7. Doraczyńska Anna: Identyfikacja i lokalizacja genów MIR u ogórka (*Cucumis sativus* L.), 2013
8. Kojder Grzegorz: Charakterystyka bioinformatyczna sekwencji różnicowych w powiązaniu z determinacją płci ogórka (*Cucumis sativus* L.), 2012
9. Kurek Katarzyna: Lokalizacja ekspresji sekwencji cDNA powiązanych z determinacją płci kwiatów ogórka *Cucumis sativus*, 2012
10. Achinger-Kawecka Joanna: Molekularne biomarkery w terapii raka piersi - analiza profili ekspresji mikroRNA, 2012
11. Chądzyńska Katarzyna: Lokalizacja ekspresji sekwencji cDNA powiązanych z morfogenezą kwiatu ogórka *Cucumis sativus*, 2011
12. Kosik Katarzyna: Charakterystyka roślinnych klonów cDNA umieszczonych w wektorach bakteryjnych w powiązaniu z determinacją płci ogórka, 2009
13. Małek Sylwester: Klonowanie bibliotek cDNA-DSC z pąków kwiatowych ogórka (*Cucumis sativus* L.), 2007

Ko-promotor pracy magisterskiej w języku angielskim – w sumie 2

1. Joe Merheb – Analysis of sec expression in cucumber (*Cucumis sativus* L.) affected by copper ions, 2019 – praca realizowana we współpracy międzynarodowej z Uniwersytetem Libańskim w Bejrucie. Praca była wykonywana w Katedrze Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, obrona pracy była na Uniwersytecie w Bejrucie, Liban.
2. Estelle Bystrzycki – Characterization of two somaclonal lines of cucumber (*Cucumis sativus* L.) through a transcriptomic approach, 2019, – praca realizowana we współpracy międzynarodowej z Agrocampus Ouest, Rennes we Francji Praca była wykonywana w Katedrze Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, obrona pracy była na Agrocampus Ouest, Francja.

Prace inżynierskie / licencjackie – w sumie 22

1. Balcerak Michał – Analiza zmienności transkryptomu w kwiatach męskich ogórka, 2022
2. Wrzyszczy Kacper: Charakterystyka wybranych genów powiązanych z rozwojem kwiatu żeńskiego w linii 2gg ogórka (*Cucumis sativus* L.), 2021
3. Machaj Kamil: Charakterystyka molekularna roślin ogórka z wprowadzonym genem dehidryny, 2020
4. Kiełek Maciej: Charakterystyka molekularna mutantu sh o krótkim hipokotylu, 2019
5. Krześniak Sara: Analiza molekularna mutantu samokończącego W-sk ogórka (*Cucumis sativus* L.), 2019
6. Zielińska Aleksandra: Analiza funkcjonalna genów determinujących płęć ogórka (*Cucumis sativus* L.), 2018
7. Abramczuk Marta: Identyfikacja transkryptów różnicowych sklerowanych z krzaczastością u ogórka (*Cucumis sativus* L.), 2018
8. Mróz Tomasz: Analiza molekularna danych transkryptomicznych mutantu somaklonalnego MSC19 ogórka (*Cucumis sativus* L.), 2018
9. Ziąbska Karolina: Analiza strukturalna i funkcjonalna genów determinujących płęć u ogórka (*Cucumis sativus* L.), 2017
10. Jagiełło Magdalena: Aspekty biotechnologiczne wytwarzania energii odnawialnej, 2017
11. Gassa Anna: Charakterystyka genów powiązanych z wybranymi aspektami rozwoju roślin, 2015
12. Ostrowska Aleksandra: Genomika porównawcza genów zaangażowanych w proces determinacji płci u ogórka *Cucumis sativus*, 2014
13. Ziemiachód Monika: Wybrane aspekty genomiki ekspresyjnej w analizie procesów determinacji płci roślin, 2014
14. Czuryżkiewicz Ewelina: Analiza funkcjonowania białek powiązanych z procesami rozmnażania u roślin, 2013
15. Osipowski Paweł: Analiza danych z makromatrycy profilu ekspresji transkryptomu ogórka (*Cucumis sativus* L.) w celu odnalezienia genów biorących udział w morfogenezie kwiatów ogórka., 2013
16. Stępnia Agnieszka: Nowoczesne metody sekwencjonowania genomu, 2012
17. Pach Olga: Determinacja płci roślin w powiązaniu z programowaną śmiercią komórki i chaperonami, 2011
18. Komar Dorota: Programowana Śmierć Komórkowa w determinacji płci roślin, 2011
19. Kolmer Mariusz: Wstępna charakterystyka sekwencji DNA ogórka powiązanych z determinacją płci 2010
20. Kosik Katarzyna: Budowa i funkcja chaperonów w komórkach, 2007
21. Kubel Tomasz Technika LCM i jej zastosowanie, 2006
22. Pabudzińska Klaudyna Programowana śmierć komórki w kwiatach, 2006

Recenzje prac dyplomowych

- prace magisterskie - w sumie 8: 2(2006); 2(2007); 1 (2009); 1 (2010); 2 (2017),
- prace licencjackie/ inżynierskie - w sumie 16: 2 (2010), 2 (2013), 1(2015), 1(2016); 1(2017), 7 (2018), 2 (2019),

Przewodniczenie komisjom egzaminacyjnym podczas obron prac dyplomowych:

- w sumie 71

- 1 stopień kierunku Biotechnologia - 24 w latach 2018 - 2022
- 2 stopień kierunku Biotechnologia - 47 w latach 2018 - 2022

Opieka nad studentami zagranicznymi realizującymi praktyki w SGGW

Byłam opiekunem (tutor, mentor) praktyk studentów zagranicznych:

- 1- Veronika Balunova, Palacky University in Olomouc, Czechy – data praktyki: 18.06 – 18.07.2017 (1 miesiąc) – praktyka w ramach stażu naukowego,
- 2- Estelle Bystrzycki, Agrocampus Ouest, Francja - data praktyki: 28.05 – 26.08.2018 (3 miesiące) – praktyka w ramach programu Erasmus
- 3- Estelle Bystrzycki, Agrocampus Ouest, Francja – data praktyki: 11.03 – 31.08.2019 (6 miesięcy) – praktyka w ramach programu Erasmus
- 4- Joe Marheb University in Bejrucie, Liban – data praktyki: 20.03 – 27.09.2019 (6 miesięcy) – praktyka w ramach Memorandum of understanding on scientific and educational cooperation. –
- 5- Tena Bujas, University of Zagreb, Chorwacja – data praktyki: 16.09.2019 – 28.02.2020 (5,5 miesiąca) – wymiana w ramach programu Erasmus praktyki,
- 6- Omar Gaoua, Erciyes University, Talas/Kayseri, Turcja – data praktyki: 04.10.2021 – 31.03.2022 (6 miesięcy) – wymiana w ramach programu Erasmus praktyki,

Opieka nad studentami SGGW realizującymi praktyki za granicą

W okresie 06.07.2015 – 20.09.2015 – byłam opiekunem praktyki studentki mgr Magdaleny Dąbrowskiej, realizowanej w Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) Gatersleben Niemcy

OŚSIĄGNIĘCIA ORGANIZACYJNE I POPULARYZUJĄCE NAUKĘ

Koło naukowe biotechnologów - KNBiotech

W roku 2013 – byłam opiekunem koła naukowego

Od roku 2014 do roku 2020 byłam opiekun koła naukowego sekcji bioinformatyka, studenci będący pod moją opieką prezentowali wyniki projektowe studenci na przeglądzie dorobku kół naukowych

2016 - Jacek Rymuszkowski – (poster z wyróżnieniem), Kacper Posyniak (prezentacja ustna)

2017 - Jowita Grzędzicka (poster), Małgorzata Widomska (poster), Agata Bieńkowska (poster)

2018 - Sara Krześniak (poster)

Opiekun roku – nieprzerwanie od roku 2006 jestem opiekunem kolejnych roczników studentów na kierunku Biotechnologia

Opiekun IPS Indywidualny Program Studiów

Byłam opiekunem Indywidualnego Programu Studiów dla dwóch 2 studentów na studiach stacjonarnych drugiego stopnia kierunek Biotechnologia w roku akademickim 2018/2019.

Organizacja seminariów katedralnych

W okresie 2008 – 2020 – byłam koordynatorem cyklu seminariów odbywających się w Katedrze Genetyki, Hodowli i Biotechnologii SGGW, w sumie zorganizowałam 26 cykli semestralnych (średnio było to 10 seminariów w cyklu)

Organizacja konferencji

Organizacja II Polskiego Kongresu Genetyki 18 – 20.09.2007 – pełniona funkcja: sekretarz kongresu
Organizacja konferencji „Genetyka Aplikacyjna Roślin – wyzwania XXI wieku” 22 – 24.09.2021 – pełniona funkcja: członek komitetu naukowego

Organizacja szkoły letniej ELLS i prowadzenie wykładów, ćwiczeń i warsztatów dla studentów międzynarodowych

Współorganizator Szkoły Letniej „Genomics for Plant Breeding and Biotechnology” w ramach sieci Euroleague for Life Sciences (ELLS). 19-25 sierpnia 2018 - brałam udział w komisji kwalifikującej kandydatów, organizacji szkoły oraz prowadziłam wykłady – „Introduction to structural and functional genomics”, „NGS methods” oraz prowadziłam warsztaty „Bioinformatic excerscises, adnotation and prediction” oraz współprowadziłam ćwiczenia „BAC library, screening, application”.

Festiwal Nauki

Organizacja i prowadzenie wykładów w ramach Festiwalu Nauki

Przed uzyskaniem stopnia doktora:

W okresie 2000 – 2003 w kolejnych edycjach Festiwalu– prowadziłam spotkania „Majsterkowanie w genach roślin”

Po uzyskaniu stopnia doktora:

W latach 2005, 2007, 2014 i 2020 byłam koordynatorem i prowadziłam spotkania na temat „Sałatka wielogenowa”; „Majsterkowanie w genach roślin” oraz „Jak wygląda DNA”

Dni SGGW

W latach 2013 i 2014 – byłam katedralnym koordynatorem dni SGGW i prowadziłam stoisko na dniach SGGW reprezentujące kierunek Biotechnologia

W latach 2015 - 2016 – byłam współorganizatorem katedralnym dni SGGW

Piknik Naukowy

2015 – współorganizator 19. Pikniku Naukowego Polskiego Radia i Centrum nauki Kopernik – 09.05.2015 „Światło” – Stadion Narodowy w Warszawie

2016 – współorganizator 20. Pikniku Naukowego Polskiego Radia i Centrum nauki Kopernik – 07.05.2016 „Zdrowie” – Stadion Narodowy w Warszawie

2017 — współorganizator 21. Pikniku Naukowego Polskiego Radia i Centrum nauki Kopernik – 03.06.2017 „Ziemia” – Stadion Narodowy w Warszawie

Promocja nauki w szkołach średnich

Wizyty w szkołach

- opracowałam i prowadziłam zajęcia praktyczne w Liceum Ogólnokształcącym im. Komisji Edukacji Narodowej w Przasnyszu – w okresie 2013 –2016

Tematy zajęć: „Genomika”, „Metody transformacji roślin”, Zastosowania biotechnologii” i „Inżynieria genetyczna”.

Akcja „randez-vous z SGGW”

– opracowałam i prowadziłam warsztaty w ramach akcji „randez-vous z SGGW”, które polegały na wizytach szkół średnich w laboratoriach biologii molekularnej w Katedrze Genetyki, Hodowli i Biotechnologii SGGW – w okresie 2009 –2014

Otwarte laboratoria w SGGW

- opracowałam i prowadziłam zajęcia praktyczne w Katedrze Genetyki, Hodowli i Biotechnologii SGGW, dla szkół średnich w okresie 2016 – 2019, z tematyki, „Rośliny transgeniczne”, Jak wygląda DNA?”, „Wykorzystanie narzędzi Inżynierii Genetycznej (enzymy restrykcyjne i PCR)”

Inne wizyty mające na celu promocję nauki w SGGW

- opracowałam i prowadziłam zajęcia praktyczne na polu doświadczalnym w Wolica w Katedrze Genetyki, Hodowli i Biotechnologii SGGW dla grup przedszkolnych w okresie 2009 – 2012, z tematyki „Bioróżnorodność”, Jak rosną warzywa?”

Inne wydarzenia promujące naukę:

– jako członek komisji ds. promocji współtworzyłam spoty reklamujące Biotechnologię - 2013, 2015 oraz brałam udział w projektowaniu i organizacji materiałów promocyjnych

7. OPRÓCZ KWESTII WYMIENIONYCH W PKT. 1-6, WNIOSKODAWCA MOŻE PODAĆ INNE INFORMACJE, WAŻNE Z JEGO PUNKTU WIDZENIA, DOTYCZĄCE JEGO KARIERY ZAWODOWEJ.

Ponadto oprócz aktywności naukowych opisanych w pkt 4. (omówienie osiągnięcia H1 – H7) i pkt 5 (informacja o wykazywaniu się istotną aktywnością naukową albo artystyczną realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej), w ramach pracy naukowej w Katedrze Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin podejmowałam liczne tematy naukowe. Jednym z ważniejszych tematów badawczych, w który byłam zaangażowana to prace z zakresu organizacji i struktury i funkcjonowania genomów.

Przed rozpoczęciem doktoratu zajmowałam się głównie analizą roślin transgenicznych z genem taumatyny (Szwacka i wsp 2000; Szwacka i wsp. 2002). Prace prowadziłam na pokoleniu T1 transformantów ogórka. Mój wkład w powstanie prac polegał na przygotowaniu materiału roślinnego, izolacji kwasów nukleinowych, przeprowadzeniu hybrydyzacji typu Southern i Northern. Efektem tych pracy były publikacje:

- Szwacka Maria; Krzymowska Magdalena; **Kowalczyk** Magdalena; Osuch Anita; Transgenic cucumber plants expressing the thaumatin gene; Progress in Biotechnology; Food Biotechnology, Elsevier Science; 17,43 -48, 2000

- Szwacka Maria; Krzymowska Magdalena; Osuch Anita; **Kowalczyk Magdalena**; Malepszy Stefan; Variable properties of transgenic cucumber plants containing the thaumatin II gene from *Thaumatococcus daniellii*; *Acta Physiologiae Plantarum*; 8,2,173 – 185, 2002

Podczas realizacji doktoratu zajęłam się zbadaniem detreminacji płci ogórka. Wówczas zjawisko to było bardzo słabo poznane. W ramach pracy doktorskiej przeprowadziłam konstrukcje bibliotek cDNA w wektorze UNI-ZAPII-cDNA pBluescript. W wyniku przeglądania różnicowego otrzymałam pule klonów różnicowych specyficznych. Podczas doktoratu również opracowałam drugą technikę hybrydyzacji różnicowej – metodę subtrakcyjną, cDNA-DSC i w jej wyniku stworzyłam cztery pule specyficzne dla każdej linii ogórka (Przybecki i wsp. 2003). Częściowe wyniki prac były opublikowane.

- Przybecki Zbigniew; **Kowalczyk Magdalena**; Siedlecka Ewa; Urbanczyk-Wochniak Ewa; Malepszy Stefan; The isolation of cDNA clones from cucumber (*Cucumis sativus* L.) floral buds coming from plants differing in sex, *Cellular and Molecular Biology Letters*, 8, 2, 421-438, 2003.

Po uzyskaniu stopnia doktora kontynuowałam analizę otrzymanych bibliotek zawierających różnicowe klony. Otrzymane zbiory sekwencji posłużyły do przyrównania z pulami różnicowych fragmentów DNA uzyskanymi w zespole prof. dr hab. Z. Przybeckiego, metodami takimi jak AFLP, DSC i RAPD (Przybecki i wsp. 2004). W kolejnych latach przeprowadziłam sekwencjonowanie otrzymanych sekwencji EST oraz dalsze analizy funkcjonalne (Pawełkowicz i wsp. 2012, Pawełkowicz i wsp. 2017).

- Przybecki Zbigniew; **Kowalczyk Magdalena** Ewa; Witkowicz Justyna; Filipecki Marcin; Siedlecka Ewa; Polymorphism of sexually different cucumber (*Cucumis sativus* L.) NIL lines; *Cellular and Molecular Biology Letters*; vol 4, 4b, 919-933, 2004.
- **Pawełkowicz Magdalena**; Osipowski Paweł; Wojcieszek Michał; Wóycicki Rafał; Witkowicz Justyna; Hinch Dirk; Przybecki Zbigniew; Identification and characterization of genes connected with flower morphogenesis in cucumber; *BioTechnologia*; 93; 3; 123 – 134; 2012
- Skarzyńska Agnieszka; **Pawełkowicz Magdalena**; Krzywkowski Tomasz; Świerkula Katarzyna; Pląder Wojciech; Przybecki Zbigniew; Bioinformatics pipeline for functional identification and characterization of proteins; *Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High-Energy Physics Experiments 2015*; International Society for Optics and Photonics; 9662; 96621M, 1 – 9; 2015
- **Pawełkowicz Magdalena**; Skarzyńska Agnieszka; Posyniak Kacper; Ziąbska Karolina; Pląder Wojciech; Przybecki Zbigniew; Advantages and disadvantages in usage of bioinformatic programs in promoter region analysis; *Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High-Energy Physics Experiments 2015*; International Society for Optics and Photonics; 9662; 96621L; 1 – 8; 2015
- Wojcieszek Michał; Osipowski Paweł; **Pawełkowicz Magdalena**; Skarzyńska Agnieszka; Borodovsky Mark; Pląder Wojciech; Przybecki Zbigniew; Transcriptome based annotation for new version of *C. sativus* genome; *New Biotechnology*, Elsevier, 33, S178, 2016
- Skarzyńska Agnieszka; **Pawełkowicz Magdalena**; Wojcieszek Michał; Osipowski Paweł; Pląder Wojciech; Przybecki Zbigniew; Transcriptome analysis of flower buds of cucumber to identify potential genes involved in sex differentiation; *New Biotechnology*, Elsevier, 33, S177, 2016
- Skarzyńska Agnieszka; **Pawełkowicz Magdalena**; Pląder Wojciech; Przybecki Zbigniew; The utility of optical detection system (qPCR) and bioinformatics methods in reference gene expression analysis; *Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High-Energy Physics Experiments 2016*, International Society for Optics and Photonics; 10031, 1003130, 1 – 11; 2016
- **Pawełkowicz Magdalena**; Wojcieszek Michał; Osipowski Paweł; Krzywkowski Tomasz; Pląder Wojciech; Przybecki Zbigniew; Identification and bioinformatics comparison of two

novel phosphatases in monoecious and gynoeceious cucumber lines; Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High-Energy Physics Experiments 2016; International Society for Optics and Photonics; 10031, 100312S, 1 - 11; 2016

- **Pawełkowicz Magdalena**; Osipowski Paweł; Wojcieszek Michał; Kowalczyk Cezary; Pląder, Wojciech; Przybecki Zbigniew; Bioinformatic investigation of the role of ubiquitins in cucumber flower morphogenesis; Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High-Energy Physics Experiments 2016; International Society for Optics and Photonics; 10031, 100312Y, 1 – 10; 2016
- **Pawełkowicz Magdalena** Ewa; Skarzyńska Agnieszka; Cebula Justyna; Hinch Dirck; Ziąbska Karolina; Pląder Wojciech; Przybecki Zbigniew; Bioinformatics and expressional analysis of cDNA clones from floral buds, Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High Energy Physics Experiments 2017, International Society for Optics and Photonics; 10445, 1044538, 1 – 8; 2017
- **Pawełkowicz Magdalena**; Skarzyńska Agnieszka; Kowalczyk Cezary; Pląder Wojciech; Przybecki Zbigniew; Laser capture microdissection to study flower morphogenesis; Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High Energy Physics Experiments 2017; International Society for Optics and Photonics, 10445, 1044539, 1 – 9; 2017

Zbiory sekwencji EST zostały między innymi wykorzystane do adnotacji strukturalnej genomu ogórka B10v1 (Wóyciki i wsp. 2011). Brałam też udział w przygotowaniu biblioteki BAC dla ogórka i sekwencjonowaniu końców BES (Bac End Sequences) (Gutman i wsp.2008). Otrzymane dane posłużyły do składania kontigów w skafoldy w celu ulepszenia draftu genomu B10v1.

- Gutman Wojciech; **Pawełkowicz Magdalena**; Wóycicki Rafał; Piszczek Ewa; Przybecki Zbigniew; The construction and characteristics of a BAC library for *Cucumis sativus* L. 'B10'; Cellular and Molecular Biology Letters; 13; 1;74 – 91, 2008
- Wóycicki Rafał; Witkiewicz Justyna; Gawroński Piotr; Dąbrowska Joanna; Lomsadze Alexandre; **Pawełkowicz Magdalena**; Siedlecka Ewa; Yagi Kohei; Pląder Wojciech; Seroczyńska Anna; Śmiech Mieczysław; Gutman Wojciech; Niemirowicz-Szczytt Katarzyna; Bartoszewski Grzegorz; Tagashira Norikazu; Hoshi Yoshikazu; Borodovsky Mark; Karpiński Stanisław; Malepszy Stefan; Przybecki Zbigniew; The genome sequence of the North-European cucumber (*Cucumis sativus* L.) unravels evolutionary adaptation mechanisms in plants; PloS one; 6; 7; e22728; 2011

W momencie pojawienia się technologii sekwencjonowania NGS, postanowiłam zapoznać się z tymi technikami i wdrożyć je szczególnie w celu resekwencjonowania genomów, poznania transkryptomów i mikrotranskryptomów dla roślin ogórka. Wzięłam udział w opracowaniu prac przeglądowych mających przedstawić potencjalne możliwości stosowania tych technik oraz wartości aplikacyjne dla naukowców i hodowców. W wyniku tych prac zostałam współautorem trzech publikacji przeglądowych (Przybecki i wsp. 2010, Szwacka i wsp. 2018 oraz praca stanowiąca osiągnięcie naukowe **H1** Pawełkowicz i wsp. 2016 – przytoczone powyżej pkt 4)

- Przybecki Zbigniew; **Pawełkowicz Magdalena**; Wóycicki Rafał; Sekwencjonowanie genomów i rozwój biotechnologii; Biotechnologia; 4; 91; 9-23; 2010
- Szwacka Maria; **Pawełkowicz Magdalena**; Skarzyńska Agnieszka; Osipowski Paweł; Wojcieszek Michał; Przybecki Zbigniew; Pląder Wojciech; Biological significance, computational analysis, and applications of plant microRNAs; Acta Physiologiae Plantarum; 40; 8; 146; 2018

W momencie przygotowywania publikacji **H1** (Pawełkowicz i wsp. 2016), stało się jasne, że techniki NGS wejdą w użycie i będą stanowić podstawę prac w celu zrozumienia zmienności genomów i transkryptomów w analizach molekularnych roślin. Dlatego też kolejne projekty, w które się zaangażowałam dotyczyły analiz wysokoprzepustowych. Kolejne pięć prac dotyczących tego typu analiz, stanowi osiągnięcie habilitacyjne opisane powyżej (są to prace **H3 – H7**), gdzie opisałam utworzenie nowej wersji genomu B10v3 oraz analizy transkrytpomiczne z wykorzystaniem NGS w kontekście determinacji płci, transgenezy oraz zmienności somaklonalnej. Oprócz tych prac byłam zaangażowana również w resekwencjonowanie genomów linii transgenicznych (Skarzyńska i wsp. 2021) oraz linii somaklonalnych (Skarzyńska i wsp. 2020);

- Skarzyńska Agnieszka; **Pawełkowicz Magdalena**; Pląder Wojciech; Influence of transgenesis on genome variability in cucumber lines with a thaumatin II gene; *Physiology and Molecular Biology of Plants*; 27; 5; 985 – 996; 2021
- Skarzyńska Agnieszka; **Pawełkowicz Magdalena**; Pląder Wojciech; Genome-wide discovery of DNA variants in cucumber somaclonal lines; *Gene*; 736; 144412; 2020
- Skarzyńska, Agnieszka; **Pawełkowicz, Magdalena**; Pląder, Wojciech; Comparison of bioinformatics programs for analysis of single nucleotide variants; *Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High-Energy Physics Experiments 2018*; International Society for Optics and Photonics. 10808, 1080834, 1-9, 2018

Obecnie jestem kierownikiem projektu NCN OPUS 2020/37/B/NZ9/00586: „Integracja danych multi-omicznych ogórka w celu identyfikacji mechanizmów determinacji płci i ich uwarunkowań klimatycznych”, w którym zajmuję się resekwencjonowaniem genomów linii o różnej płci oraz sekwencjonowaniem sRNA-seq aby poznać regulację epigenetyczną na poziomie miRNA tych linii. Ze względu na to, iż płeć ogórka może być zmienna w zależności od warunków klimatycznych również celem projektu jest zbadanie reakcji transkryptomu i mikrotranskryptomu na zmiany klimatu, przez uprawę roślin w zróżnicowanych warunkach.

Z powyższego wynika, że głównym obiektem moich badań jest ogórek. Natomiast w ramach współpracy z Instytutem Hodowli i Aklimatyzacji Roślin (pkt 5.4) prowadziłam też analizy wirusów, oraz reakcje roślin ziemniaka na infekcję patogenem (Yin i wsp. 2014; Yin i wsp. 2014; Yin i wsp. 2017 Yin i wsp. 2019), a także w ramach współpracy z Instytutem Max Planck w Niemczech (pkt 5.1) pracowałam nad analizami microarray pomidora (Urbańczyk i wsp. 2006). Z naukowcami z Uniwersytetu w Bejrucie brałam udział w analizach zmienności melona typu „snake” i w warunkach klimatycznych Polski przeprowadziliśmy ocenę fenotypu otrzymanych roślin oraz analizę zróżnicowania genetycznego z wykorzystaniem markerów SSR (Merheb i wsp. 2020). Oprócz tego w ramach pracy naukowej w Katedrze Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin zajmowałam się dzikimi odmianami ogórka (Yagi i wsp. 2014; Yagi i wsp. 2015), oraz analizami powiązanych z genomem żyta (Gawroński i wsp. 2016). Ostatnio również zaangażowałam się w prace z zakresu ochrony środowiska ze szczególnym uwzględnieniem analizy pyłów PM w powietrzu (Popek i wsp. 2022).

- Merheb Joe; **Pawełkowicz Magdalena**; Branca Ferdinando; Bolibok-Bragoszewska Hanna; Skarzyńska Agnieszka; Pląder Wojciech; Chalak Lamis; Characterization of Lebanese Germplasm of Snake Melon (*Cucumis melo* subsp. *melo* var. *flexuosus*) Using Morphological Traits and SSR Markers; *Agronomy*; 10; 9; 1293; 2020
- Yagi Kouhei; Siedlecka Ewa; **Pawełkowicz Magdalena**; Wojcieszek Michał; Przybecki Zbigniew; Tagashira Norikazu; Hoshi Yoshikazu; Malepszy Stefan; Pląder Wojciech; Karyotype analysis and chromosomal distribution of repetitive DNA sequences of *Cucumis metuliferus* using fluorescence in situ hybridization; *Cytogenetic and genome research*; 144; 3; 237 – 242; 2014
- Yagi Kouhei; **Pawełkowicz Magdalena**; Osipowski Paweł; Siedlecka Ewa; Przybecki Zbigniew; Tagashira Norikazu; Hoshi Yoshikazu; Malepszy Stefan; Pląder Wojciech; Molecular

cytogenetic analysis of Cucumis wild species distributed in southern Africa: physical mapping of 5S and 45S rDNA with DAPI; Cytogenetic and genome research; 146; 1; 80 – 87; 2015

- Gawroński Piotr; **Pawełkiewicz Magdalena**; Tofil Katarzyna; Uszyński Grzegorz; Sharifova Saida; Ahluwalia Shivaksh; Tyrka Mirosław; Wędzony Maria; Kilian Andrzej; Bolibok-Brągoszewska Hanna; DArT markers effectively target gene space in the rye genome; Frontiers in Plant Science; 7, 1600; 2016
- Popek Robert; Fornal – Pieniak Beata; Chyliński Filip; **Pawełkiewicz Magdalena**; Bobrowicz Jan; Chrzanowska Dominika; Piechota Natalia; Przybysz Akadiusz Not only trees matter – traffic related PM accumulation by vegetation of urban forests; Sustainability; 145; 5; 2973; 2022

W ramach prowadzonych prac naukowych zostałam współautorem sekwencji, które zostały umieszczone w bazach danych NCBI:

2007 – zdeponowanie 997 sekwencji EST (ACC: ES882265 – ES883262)

2009 - genomu ogórka B10v1 (*Cucumis sativus* L.) (Borszczagowski) (GenBank: ACYN01000000)

2009 - dwie sekwencje genów *CsABI1*

- *CsABI1*: BankIt1509928; JQ793946
- *CsABI2*: BankIt1522663; JQ793947

2014 – sekwencje izolatów wirusa TRV (Tobacco rattle Virus)

- RNA1: Deb57 – KF758791; Slu24 – KF758793; 11r21 - KF758790; Mlo7 – KF758792
- RNA2: Deb57 – KF758794; Slu24 – KF758796; 11r21 KF758797; Mlo7 – KF758795

2015 – zdeponowano w bazie nową wersję genomu B10v2

- LKUO01000000 – 76% złożenia genomu

2016 - Umieszczenie danych sekwencji wirusów:

- PVY-3202 (GeneBank accession number: KX356068),
- PVY-3303 (GeneBank accession number: KX356069)
- PVY-3411 (GeneBank accession number: KX356070)

2017 – zdeponowano w bazie nową wersję genomu B10v3

- LKUO02000000 – 93% złożenia genomu

2017 - Umieszczenie w bazie metadanych NCBI SRA (Sequence Read Archive)

- BioProject: PRJNA359788 - odczyty RNA-Seq Illumina 50 PE pochodzących z transkryptomów ogórka z liści i ze stożków wzrostu z linii B10, 2gg, LH/2667, 859, Gy3 i Hgy3 (BioSamples - 10; SRA – 10)
-

2019 - Umieszczenie w bazie metadanych NCBI SRA (Sequence Read Archive) -

- BioProject: PRJNA572579 - SUB6322234 - odczyty RNA-Seq Illumina 100 PE pochodzących z transkryptomów ogórka z owoców linii transgeniczných z taumatyną (BioSamples 3, SRA 9)
- BioProject: PRJNA578623 - SUB6446222 - odczyty RNA-Seq Illumina 100 PE pochodzące z transkryptomów ogórka z owoców z referencyjnej linii B10 (BioSamples 3, SRA 9)

- BioProject: PRJNA578634 - SUB6446281 - odczyty RNA-Seq Illumina 100 PE pochodzące z transkryptomów ogórka z owoców linii wykazujących zmienność somaklonalną (BioSamples 3, SRA 9)

2020 - Umieszczenie w bazie metadanych NCBI SRA (Sequence Read Archive)

- BioProject: PRJNA610495 - SUB7099634 - odczyty sRNA-Seq Illumina 50 SE pochodzące z transkryptomów ogórka z owoców linii referencyjnej linii B10 (BioSamples 3, SRA 9)
- BioProject: PRJNA610511 - SUB7102189 - odczyty sRNA-Seq Illumina 50 SE pochodzących z transkryptomów ogórka z owoców linii transgenicznych z taumatyną (BioSamples 3, SRA 9)

2021 - Umieszczenie w bazie metadanych NCBI SRA (Sequence Read Archive)

- BioProject: PRJNA723857 - SUB9522361 - odczyty sRNA-Seq Illumina 50 SE pochodzące z transkryptomów ogórka z owoców linii wykazujących zmienność somaklonalną (BioSamples 3, SRA 9)

Projekty międzynarodowe

1. European Plant Phenotyping Network: Identification of metabolic parameters related to flower sex expression in cucumber plants. 7th Framework Program UE; 2012 – 2015 r.
kierownik projektu

Projekty krajowe

MNiSW – Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego

NCN – Narodowe Centrum Nauki

NCBiR – Narodowe Centrum Badań i Rozwoju

KBN – Komitet Badań Naukowych

2. Projekt NCN OPUS 2020/37/B/NZ9/00586: Integracja danych multi-omicznych ogórka w celu identyfikacji mechanizmów determinacji płci i ich uwarunkowań klimatycznych. 2020 – 2025 r.
kierownik projektu
3. Projekt NCN OPUS 2011/01/B/NZ2/01631: Analiza transkryptomów w rozwiązaniu zagadnienia determinacji płci roślin. 2011 – 2014 r.
kierownik projektu
4. Projekt nr MNiSW, N N302 3633 33: Analiza ekspresji genów zaangażowanych w rozwój płci kwiatów ogórka (*Cucumis sativus* L.). 2007-2011 r.
kierownik projektu
5. Projekt NCN OPUS 2013/11/B/NZ9/00814 Genomiczne i transkryptomiczne konsekwencje różnych metod generowania zmienności u ogórka. 2014 – 2017 r. **wykonawca**
6. Projekt NCBiR zad4 UDA-POKL-04.03.00-00-042/12-00: Wykorzystania techniki GC-MS profilowania metabolitów w ocenie surowców roślinnych NCBiR zad4. 2014 – 2015 r.
wykonawca
7. Projekt MNiSW nr N N302 429734: Podstawy metodyczne transformacji ogórka (*Cucumis sativus* L.) wysokocząsteczkowym DNA. 2008 – 2013 r.
wykonawca
8. Projekt NCN OPUS 2011/03/B/NZ2/02480 Eksploracja regionów bogatych w geny u gatunku o dużym genomie (*Secale cereale* L.) z wykorzystaniem markerów DArT. 2012 – 2015 r.

wykonawca

9. Projekt MNiSW (kończony w NCN) nr N N302083139: Rekonstrukcja molekularnej mapy genomu ogórka. 2010 – 2013 r.

wykonawca

10. Projekt MNiSW nr N N302 429 734 MNiSW: Podstawy metodyczne transformacji ogórka (*Cucumis sativus* L.) wysokocząsteczkowym DNA. 2007 – 2013 r.

Wykonawca

11. Projekt MNiSW nr PB2-MNiSW-2/3/2006/36; Konstrukcja fizycznej STC genomu ogórka i jej użycie do izolacji regionu CSMS3_G_Gy zawierającej gen płci Gy3. 2007-2010 r.

wykonawca

12. Projekt KBN nr 2P06A02328; Konstrukcja mapy transkryptomu genów różnicujących linie izogeniczne ogórka różniące się płcią. 2005 – 2008 r.

wykonawca

13. Projekt KBN grant promotorski nr 3P06A 012 23; Analiza porównawcza produktów ekspresji genów w pąkach kwiatowych ogórka. 2002-2004 r.

wykonawca

14. Projekt KBN nr 029/PO6/0.7; Analiza molekularna różnic genomowych ogórka o odmiennej płci. 2001-2004 r.

wykonawca

15. Projekt KBN nr 5P06A 001 17: Izolacja klonów cDNA kosegregujących z płcią u ogórka (*Cucumis sativus* L.). 1999 – 2002 r.

Wykonawca**Nagrody**

1. 2004 – I nagroda Polskiego Towarzystwa Genetycznego za prezentację wyników badań naukowych
2. 2005 – wyróżnienie Rady Wydziału Ogrodnictwa, Architektury Krajobrazu i Biotechnologii za pracę doktorską
3. 2008 - Nagroda Rektora SGGW w Warszawie stopnia III za osiągnięcia organizacyjne
4. 2013 - Dyplom Uznania przyznany przez Rektora SGGW w Warszawie za osiągnięcia naukowe
5. 2014 - Nagroda Rektora SGGW w Warszawie stopnia III za osiągnięcia naukowe
6. 2015 - Nagroda zespołowa Rektora SGGW w Warszawie II stopnia za osiągnięcia naukowe
7. 2016 - Odznaczenie Prezydenta Rzeczypospolitej Polskiej medal brązowy za długoletnią służbę
8. 2016 - Nagroda zespołowa Rektora SGGW w Warszawie I stopnia za osiągnięcia organizacyjne
9. 2016 - Dyplom Uznania przyznany przez Rektora SGGW w W-wie za osiągnięcia organizacyjne
10. 2017 - Nagroda zespołowa Rektora SGGW w Warszawie stopnia I za osiągnięcia naukowe
11. 2019 - Nagroda zespołowa Rektora SGGW w Warszawie stopnia II za osiągnięcia organizacyjne
12. 2019 - Dyplom Uznania przyznany przez Rektora SGGW w W-wie za osiągnięcia organizacyjne
13. 2020- Nagroda Rektora SGGW w Warszawie stopnia III za osiągnięcia naukowe
14. 2021- Nagroda Rektora SGGW w Warszawie stopnia III za osiągnięcia naukowe

Szkolenia

1. Szkolenie w ramach podnoszenia kwalifikacji zawodowych z zakresu - Pracownicy SGGW wobec studentów niepełnosprawnych w ramach programu unowocześnienia kształcenia organizowanym przez SGGW; 2009, Warszawa
2. Szkolenia naukowe z zakresu - Mikromacierze i analiza wyników organizowanym przez firmę Molecular Biology Serwis – MBS 19 – 21.III.2009; Warszawa

3. Szkolenia naukowe z zakresu – Bioinformatyka i narzędzia bioinformatyczne Perl, and R organizowanym przez firmę Molecular Biology Serwis – MBS 21 – 23.V.2009; Warszawa
4. Szkolenia naukowe z zakresu – Izolacja i oczyszczanie sztucznych chromosomów bakteryjnych BAC organizowanym przez firmę SIGMA 27.V.2009; Warszawa
5. Szkolenia naukowe z zakresu - Real-Time PCR organizowanym przez firmę Applied Biosystem 14.VII.2009; Warszawa
6. Szkolenia naukowe z zakresu High Resolution Melting School organizowanym przez firmę Applied Biosystem 06.XI.2009; Warszawa
7. Szkolenie z obsługi systemu Microsoft Office Professional 2007 Excel organizowanym przez firmę Compendium 07 – 08.XI.2009; Warszawa
8. Szkolenie z obsługi systemu Linux organizowanym przez firmę Compendium 09-12.XI.2009; Warszawa
9. Szkolenie z obsługi systemu Perl Programming organizowanym przez firmę Compendium 13-15.XI.2009; Warszawa
10. Szkolenia naukowe z zakresu - Next generation sequencing 2010 – trendy światowe i przyszłość technologii w Polsce organizowany przez firmę CEMED 21.VI.2010, Warszawa
11. Szkolenia naukowe z zakresu- Zaawansowana obsługa pakietu oprogramowania komputerowego organizowany przez SGGW 7 – 18.VI. 2010; Warszawa
12. Szkolenia naukowe z zakresu - The school of gene expression; organizowany przez firmę Applied Biosystem 10.XII.2010; Warszawa
13. Szkolenia naukowe z zakresu - Obsługa oprogramowania bioinformatycznego CLC genomic workbench 4.5 organizowany przez firmę Selvita 7.II.2011, Warszawa
14. Szkolenia naukowe z zakresu - Bioinformatyczna analiza transkrypcji genów organizowany, przez Molecular Biology Serwis – MBS 23.XI.2013 – Warszawa.
15. Szkolenie w ramach podnoszenia kwalifikacji zawodowych z zakresu przygotowania zajęć e-learning: „Program unowocześniania kształcenia w SGGW dla zapewnienia konkurencyjności oraz wysokiej kompetencji absolwentów- 84- godzinnym kursie realizowanym w SGGW w lutym 2013; Warszawa
16. Szkolenie z zakresu Monitorowania Losów Zawodowych Absolwentów 29.V.2014, SGGW
17. Szkolenie w ramach podnoszenia kwalifikacji zawodowych z zakresu mikrobiologii - Jelita jako centrum naszej odporności organizowanym przez firmę Oskar Kaczmarek Health & Microbiome – 10.12.2017 Warszawa
18. Szkolenie w ramach podnoszenia kwalifikacji zawodowych z zakresu relacji międzykulturowych - SGGW – 22-23.01.2020 Warszawa

Parametryczna ocena dorobku naukowego

Publikacje	Liczba publikacji	Pkt MNiSW/ MEiN w roku publikacji	Pkt MEiN w roku (2021)	IF w roku publikacji	IF w roku (2021)
Osiągnięcie naukowe	7	645	710	25.564	27.106
Publikacje z IF przed doktoratem (nie wchodzi w skład osiągnięcia)	2	10	170	0.765	8.141
Publikacje z IF po doktoracie (nie wchodzi w skład osiągnięcia)	16	714	1340	41.414	54.787
Suma wszystkich publikacji z IF z osiągnięciem naukowym	25	1369	2220	67.743	90.034
Publikacje bez IF (lista B MNiSW) przed doktoratem (nie wchodzi w skład osiągnięcia)	0	0	0	0	0
Publikacje bez IF (lista B MNiSW) po doktoracie (nie wchodzi w skład osiągnięcia)	2	11	140	0	0
Monografie/Materiały konferencyjne w WebOfScience (nie wchodzi w skład osiągnięcia)	19	240	380	0	0
Inne publikacje pokonferencyjne	12	0	0	0	0
SUMA bez osiągnięcia naukowego	51	975	2030	42.179	62.928
SUMA wszystkich pkt z osiągnięciem naukowym	58	1620	2740	67.743	90.034

Liczba cytowań (01.05.2022)**Według Web Of Science – 419 (bez autocytowań - 340)**

Według Scopus - 484

Według Google Scholar – 685

Według Research Gate - 602

Indeks Hirsha (01.05.2022)**Według Web Of Science – 10**

Według Scopus - 10

Według Google Scholar – 13

Według Research Gate – 10

Magdalena Pawełko

 (podpis wnioskodawcy)

**WYKAZ OSIĄGNIĘĆ NAUKOWYCH ALBO
ARTYSTYCZNYCH, STANOWIĄCYCH ZNACZNY WKŁAD
W ROZWÓJ DYSCYPLINY NAUK BIOLOGICZNYCH**

dr inż. Magdalena Pawelkiewicz

Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin

Instytut Biologii

Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

Warszawa, 2022

I. INFORMACJA O OSIĄGNIĘCIACH NAUKOWYCH, O KTÓRYCH MOWA W ART. 219 UST. 1. PKT 2 USTAWY

Osiągnięcie naukowe stanowi cykl pięciu, powiązanych tematycznie oryginalnych prac naukowych opublikowanych w czasopismach znajdujących się w bazie Journal Citation Reports o łącznym IF **27.103** (rok 2021) i punktacji MEiN¹: **710 pkt.** (o łącznym IF **25.563** i **645 pkt.** MNiSW² według wskaźników odpowiednio dla lat publikowania) pod tytułem:

Charakterystyka zmienności genetycznej wybranych linii ogórka z zastosowaniem technik omicznych.

¹MEN – Ministerstwo Edukacji i Nauki

²MNiSW – Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego

Wykaz prac stanowiących osiągnięcie naukowe, wraz z określeniem wkładu w pracę:

*autor korespondencyjny

Liczba cytowań w oparciu o Web of Science Core Collection (01.05.2022)

H1. Pawełkowicz Magdalena, Zieliński Konrad, Zielińska Dorota, Pląder Wojciech, Kouhei Yagi, Wojcieszek Michał, Siedlecka Ewa, Bartoszewski Grzegorz, Skarzyńska Agnieszka, Przybecki Zbigniew*; (2016) Next generation sequencing and omics in cucumber (*Cucumis sativus* L.) breeding directed research. Plant Science; 242; 77-88; 2016

IF 2016 = 3.437

lista MNiSW 2016: 35 pkt.

IF 2021 = 4.729

lista MEiN 2021: 100 pkt.

liczba cytowań: 26

Opracowanie koncepcji pracy, napisanie pracy, współudział w tworzeniu rozdziałów i napisanie pracy, opracowanie graficzne, współfinansowanie, odpowiedzi na recenzje

H2. Pawełkowicz Magdalena*; Skarzyńska Agnieszka; Pląder Wojciech; Przybecki Zbigniew; Genetic and molecular bases of cucumber (*Cucumis sativus* L.) sex determination; Molecular Breeding; 39; 3; 50; 2019

IF 2019 = 2.149

lista MNiSW 2019: 70 pkt.

IF 2021 = 2.589

lista MEiN 2021: 70 pkt.

liczba cytowań: 18

koncepcja pracy, napisanie pracy, analiza współdziałań i zależności przedstawianych procesów, koncepcja hipotetycznego modelu i zaprojektowanie graficzne, przygotowanie odpowiedzi na recenzje, finansowanie

H3. Pawełkowicz Magdalena*; Pryszcz Leszek; Skarzyńska Agnieszka; Wóycicki Rafał K; Posyniak Kacper; Rymuszka Jacek; Przybecki Zbigniew; Pląder Wojciech; Comparative transcriptome analysis reveals new molecular pathways for cucumber genes related to sex determination; Plant Reproduction; 32; 2; 193-216; 2019

IF 2019= 3.957

lista MNiSW 2019: 100 pkt.

IF 2021 = 3.767

lista MEiN 2021: 100 pkt.

liczba cytowań: 13

mój udział polegał na opracowaniu koncepcji pracy, napisaniu pracy, przygotowaniu materiału roślinnego do analiz, izolacja i ocena jakości kwasów nukleinowych, koordynacja procesu sekwencjonowania, współudział w analizie bioinformatycznej dotyczącej zróżnicowania ekspresji genów, adnotacji funkcjonalnej, klasyfikacji ontologicznej oraz analiz sieci molekularnych, współudziale w analizie weryfikacyjnej qPCR, projekt schematów, finansowanie, przygotowanie odpowiedzi na recenzje.

H4. Osipowski Paweł; Pawełkiewicz Magdalena*; Wojcieszek Michał; Skarzyńska Agnieszka; Przybecki Zbigniew; Pląder Wojciech*; A high-quality cucumber genome assembly enhances computational comparative genomics; Molecular Genetics and Genomics; 295; 1; 177-193; 2020

IF 2020 = 3.291	lista MNiSW 2020: 100 pkt.	
IF 2021 = 3.291	lista MEiN 2021: 100 pkt.	liczba cytowań: 18

współudział w koncepcji pracy, przygotowanie materiału roślinnego, izolacja i ocena kwasów nukleinowych do sekwencjonowania, koordynowaniu procesu sekwencjonowania, dostarczenie danych sekwencyjnych do projektu, udział w przeprowadzeniu analizy strukturalnej i funkcjonalnej, współudział w pisanu pracy, opracowanie odpowiedzi na recenzje, współfinansowanie

H5. Pawełkiewicz Magdalena*; Skarzyńska Agnieszka; Sroka Małgorzata; Szwaacka Maria; Pniewski Tomasz; Pląder Wojciech; Effect of Transgenesis on mRNA and miRNA Profiles in Cucumber Fruits Expressing Thaumatin II; Genes; 11; 3; 334; 2020

IF 2020 = 4.096	lista MNiSW 2020: 100 pkt.	
IF 2021 = 4.096	lista MEiN 2021: 100 pkt.	liczba cytowań: 4

współudział w koncepcji pracy, napisanie pracy, przygotowanie materiału roślinnego do analizy, koordynowaniu procesu sekwencjonowania, analiza bioinformatyczna dotycząca zróżnicowania ekspresji genów i miRNA, adnotacja funkcjonalna, klasyfikacja ontologiczna oraz analiza powiązań miRNA-target, weryfikacja analiz bioinformatycznych qPCR, projekt schematów, opracowanie graficzne, przygotowanie odpowiedzi na recenzje, współfinansowanie

H6. Pawełkiewicz Magdalena*; Skarzyńska Agnieszka; Mróz Tomasz; Bystrzycki Estelle; Pląder Wojciech; Molecular insight into somaclonal variation phenomena from transcriptome profiling of cucumber (*Cucumis sativus* L.) lines; Plant Cell Tissue and Organ Culture; 145; 2; 239 – 259; 2021.

IF 2020 = 2.711	lista MNiSW 2020: 100 pkt.	
IF 2021 = 2.711	lista MEiN 2021: 100 pkt.	liczba cytowań: 4

współudział w koncepcji pracy, napisanie pracy, przygotowanie materiału roślinnego do analizy, koordynowaniu procesu sekwencjonowania, analiza bioinformatyczna dotycząca zróżnicowania ekspresji genów, analiza klasteryzacji, adnotacja funkcjonalna, klasyfikacja ontologiczna oraz analiza powiązań zmian typu SNP oraz INDEL i genów o zróżnicowanej ekspresji, utworzenie sieci molekularnych, weryfikacja analiz bioinformatycznych qPCR, projekt schematów, opracowanie graficzne, przygotowanie odpowiedzi na recenzje, współfinansowanie

H7. Pawełkiewicz Magdalena*, Skarzyńska Agnieszka, Koter Marek Daniel, Turek Szymon, Pląder Wojciech; miRNA Profiling and Its Role in Multi-Omics Regulatory Networks Connected with Somaclonal Variation in Cucumber (*Cucumis sativus* L.); International Journal of Molecular Sciences; 23; 8; 4317; 2022

IF 2022 = 5.923	lista MEiN 2022: 140 pkt.	liczba cytowań: 0
-----------------	---------------------------	-------------------

współdział w koncepcji pracy, napisanie pracy, przygotowanie materiału roślinnego do analizy, koordynowaniu procesu sekwencjonowania, analiza bioinformatyczna dotycząca zróżnicowania ekspresji genów, adnotacja funkcjonalna, klasyfikacja ontologiczna oraz analiza powiązań zmian typu SNP oraz INDEL, genów o zróżnicowanej ekspresji oraz targetów, utworzenie sieci molekularnych, współpracy nad weryfikacją analiz bioinformatycznych qPCR, projektowanie schematów, współpraca nad opracowaniem graficznym, przygotowanie odpowiedzi na recenzje, współfinansowanie

Prace wchodzące w skład osiągnięcia znajdują się w załączniku 5. Oświadczenia współautorów zawierające opis wkładu w powstanie prac znajduje się w załączniku 6.

II. INFORMACJA O AKTYWNOŚCI NAUKOWEJ

II.1 Wykaz opublikowanych monografii naukowych

Brak

II.2 Wykaz opublikowanych rozdziałów w monografiach naukowych.

Przed uzyskaniem stopnia doktora

1. Szwacka Maria; Krzymowska Magdalena; **Kowalczyk** Magdalena; Osuch Anita; Transgenic cucumber plants expressing the thaumatin gene; Progress in Biotechnology; Food Biotechnology, Elsevier Science; 17,43 -48, 2000

Pkt MNiSW 2000: 0 pkt.

Pkt MEiN 2021: 20 pkt. liczba cytowań: 2

Po uzyskaniu stopnia doktora

2. Wojcieszek Michał; Róż Piotr; **Pawełkowicz Magdalena**; Nowak Robert; Przybecki Zbigniew; Development of genome viewer (Web Omics Viewer) for managing databases of cucumber genome; Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High-Energy Physics Experiments 2012; International Society for Optics and Photonics; 8454; 84541Y, 1 -5; 2012

Pkt MNiSW 2012: 10 pkt.

Pkt MEiN 2021: 20 pkt. liczba cytowań: 0

3. Osipowski Paweł; **Pawełkowicz Magdalena**; Przybecki Zbigniew; Nowak Robert M; Computational structural variation discovery in genomes: state of the art and challenges; Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High-Energy Physics Experiments 2014; International Society for Optics and Photonics; 9290; 92901J; 1 – 7; 2014

Pkt MNiSW 2014: 10 pkt.

Pkt MEiN 2021: 20 pkt. liczba cytowań: 0

4. Wojcieszek Michał; **Pawełkowicz Magdalena**; Nowak Robert; Przybecki Zbigniew; Genomes correction and assembling: present methods and tools; Photonics Applications in Astronomy,

Communications, Industry, and High-Energy Physics Experiments 2014; International Society for Optics and Photonics; 9290; 92901X; 1 – 8; 2014

Pkt MNiSW 2014: 10 pkt.

Pkt MEiN 2021: 20 pkt. liczba cytowań: 3

5. **Pawełkowicz Magdalena**; Nowak Robert; Osipowski Paweł; Rymuska Jacek; Świerkula Katarzyna; Wojcieszek Michał; Przybecki Zbigniew; The discrepancies in the results of bioinformatics tools for genomic structural annotation; Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High-Energy Physics Experiments 2014; International Society for Optics and Photonics; 9290; 92901L; 1 – 6; 2014

Pkt MNiSW 2014: 10 pkt.

Pkt MEiN 2021: 20 pkt. liczba cytowań: 1

6. Skarzyńska Agnieszka; **Pawełkowicz Magdalena**; Krzywkowski Tomasz; Świerkula Katarzyna; Pląder Wojciech; Przybecki Zbigniew; Bioinformatics pipeline for functional identification and characterization of proteins; Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High-Energy Physics Experiments 2015; International Society for Optics and Photonics; 9662; 96621M, 1 – 9; 2015

Pkt MNiSW 2015: 10 pkt.

Pkt MEiN 2021: 20 pkt. liczba cytowań: 2

7. **Pawełkowicz Magdalena**; Skarzyńska Agnieszka; Posyniak Kacper; Ziąbska Karolina; Pląder Wojciech; Przybecki Zbigniew; Advantages and disadvantages in usage of bioinformatic programs in promoter region analysis; Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High-Energy Physics Experiments 2015; International Society for Optics and Photonics; 9662; 96621L; 1 – 8; 2015

Pkt MNiSW 2015: 10 pkt.

Pkt MEiN 2021: 20 pkt. liczba cytowań: 2

8. Skarzyńska Agnieszka; **Pawełkowicz Magdalena**; Pląder Wojciech; Przybecki Zbigniew; The utility of optical detection system (qPCR) and bioinformatics methods in reference gene expression analysis; Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High-Energy Physics Experiments 2016, International Society for Optics and Photonics; 10031, 1003130, 1 – 11; 2016

Pkt MNiSW 2016: 15 pkt.

Pkt MEiN 2021: 20 pkt. liczba cytowań: 2

9. **Pawełkowicz Magdalena**; Wojcieszek Michał; Osipowski Paweł; Krzywkowski Tomasz; Pląder Wojciech; Przybecki Zbigniew; Identification and bioinformatics comparison of two novel phosphatases in monoecious and gynoeceous cucumber lines; Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High-Energy Physics Experiments 2016; International Society for Optics and Photonics; 10031, 100312S, 1 - 11; 2016

Pkt MNiSW 2016: 15 pkt

Pkt MEiN 2021: 20 pkt. liczba cytowań: 3

10. **Pawełkowicz Magdalena**; Osipowski Paweł; Wojcieszek Michał; Kowalczyk Cezary; Pląder Wojciech; Przybecki Zbigniew; Bioinformatic investigation of the role of ubiquitins in cucumber flower morphogenesis; Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High-Energy Physics Experiments 2016; International Society for Optics and Photonics; 10031, 100312Y, 1 – 10; 2016

Pkt MNiSW 2016: 15 pkt.

Pkt MEiN 2021: 20 pkt. liczba cytowań: 1

11. Wojcieszek Michał; Osipowski Paweł; **Pawełkowicz Magdalena**; Skarzyńska Agnieszka; Borodovsky Mark; Pląder Wojciech; Przybecki Zbigniew; Transcriptome based annotation for new version of *C. sativus* genome; New Biotechnology, Elsevier, 33, S178, 2016

Pkt MNiSW 2016: 15 pkt.

Pkt MEiN 2021: 20 pkt. liczba cytowań: 0

12. Skarzyńska Agnieszka; **Pawełkowicz Magdalena**; Wojcieszek Michał; Osipowski Paweł; Pląder Wojciech; Przybecki Zbigniew; Transcriptome analysis of flower buds of cucumber to identify potential genes involved in sex differentiation; New Biotechnology, Elsevier, 33, S177, 2016

Pkt MNiSW 2016: 15 pkt

Pkt MEiN 2021: 20 pkt. liczba cytowań: 0

13. Skarzyńska Agnieszka; Kuśmirek Wiktor; **Pawełkowicz Magdalena**; Pląder Wojciech; Nowak Robert M; Assembly of cucumber (*Cucumis sativus* L.) somaclones; Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High Energy Physics Experiments 2017, International Society for Optics and Photonics, 10445, 1044534, 1 –8; 2017

Pkt MNiSW 2017: 15 pkt.

Pkt MEiN 2021: 20 pkt. liczba cytowań: 0

14. **Pawełkowicz Magdalena** Ewa; Skarzyńska Agnieszka; Cebula Justyna; Hinch Dirck; Ziąbska Karolina; Pląder Wojciech; Przybecki Zbigniew; Bioinformatics and expressional analysis of cDNA clones from floral buds, Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High Energy Physics Experiments 2017, International Society for Optics and Photonics; 10445, 1044538, 1 – 8; 2017

Pkt MNiSW 2017: 15 pkt

Pkt MEiN 2021: 20 pkt. liczba cytowań: 0

15. Wojcieszek Michał; Kuśmirek Wiktor; **Pawełkowicz Magdalena**; Pląder Wojciech; Nowak Robert M; Comparison of de novo assembly statistics of *Cucumis sativus* L.; Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High Energy Physics Experiments 2017; International Society for Optics and Photonics; 10445, 1044533; 1-8; 2017

Pkt MNiSW 2017: 15 pkt

Pkt MEiN 2021: 20 pkt. liczba cytowań: 0

16. **Pawełkowicz Magdalena** Ewa; Skarzyńska Agnieszka; Kowalczyk Cezary; Pląder Wojciech; Przybecki Zbigniew; Laser capture microdissection to study flower morphogenesis; Photonics

Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High Energy Physics Experiments 2017; International Society for Optics and Photonics, 10445, 1044539, 1 – 9; 2017

Pkt MNiSW 2017: 15 pkt

Pkt MEiN 2021: 20 pkt. liczba cytowań: 0

17. Kulawik Maciej; **Pawełkowicz Magdalena** Ewa; Wojcieszek Michał; Pląder Wojciech; Nowak Robert M; Detection of genomic rearrangements in cucumber using genomecmp software, Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High Energy Physics Experiments 2017; International Society for Optics and Photonics, 10445, 1044535, 1 – 7; 2017

Pkt MNiSW 2017: 15 pkt.

Pkt MEiN 2021: 20 pkt. liczba cytowań: 0

18. Haponiuk Michał; **Pawełkowicz Magdalena**; Przybecki Zbigniew; Nowak Robert M; CuGene as a tool to view and explore genomic data, Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High Energy Physics Experiments 2017; International Society for Optics and Photonics; 10445, 1044532, 1 – 8; 2017

Pkt MNiSW 2017: 15 pkt.

Pkt MEiN 2021: 20 pkt. liczba cytowań: 0

19. Skarzyńska Agnieszka; **Pawełkowicz Magdalena**; Pląder Wojciech; Comparison of bioinformatics programs for analysis of single nucleotide variants; Photonics Applications in Astronomy, Communications, Industry, and High-Energy Physics Experiments 2018; International Society for Optics and Photonics. 10808, 1080834, 1-9,2018

Pkt MNiSW 2018: 15 pkt.

Pkt MEiN 2021: 20 pkt. liczba cytowań: 0

Inne publikacje pokonferencyjne

Przed uzyskaniem stopnia doktora

1. **Kowalczyk Magdalena**; Urbanczyk-Wochniak Ewa; Przybecki Zbigniew; The identification of differential cDNA clones from two floral libraries in cucumber Cucumis sativus L.; Cellular and Molecular Biology Letters 7 Suppl. 2002

Po uzyskaniu stopnia doktora

2. Borzęcka Ewa; Hawliczek Anna; Gawroński Piotr; **Pawełkowicz Magdalena**; Tofil Katarzyna; Bolibok-Brągoszewska Hanna; Biblioteka BAC i technologia Oxford Nanopore w poszukiwaniu genów warunkujących istotne użytkowo cechy żyta; Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin; 285, 41 – 42, 2019
3. Siedlecka Ewa; Skarzynska Agnieszka; Majewska Anna; Wojcieszek Michał; **Pawełkowicz Magdalena**; Plader Wojciech; Przybecki Zbigniew; Gen CsWIP1 o domenie palca cynkowego Cys2/His2 w zmutowanej linii ogórka 2gg o recesywnym locus gygy; Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin; 285; 167 – 168

4. Osipowski Paweł; Wojcieszek Michał; **Pawełkowicz Magdalena**; Skarzyńska Agnieszka; Koren Sergey; Lomsadze Alex; Wóycicki Rafał; Pląder Wojciech; Yagi Kohei; Borodovsky Mark; Progress in assembling the cucumber (*Cucumis sativus*) borszczagowski B10 line genome using long single molecule, real-time reads. Cucurbitaceae 2016, XIth Eucarpia Meeting on Cucurbit Genetics & Breeding, July 24-28; 72-74; 2016, Warsaw, Poland, Cucurbitaceae 2016
5. Kowalczyk Cezary; **Pawełkowicz Magdalena**; Chądryńska Katarzyna; Paziewska Agnieszka; Wóycicki Rafał; Ostrowski Jan; Cebula Justyna; Przybecki Zbigniew; Evaluation of reference genes transcription stability in generative whorls of cucumber flower (*Cucumis sativus* L.), Biotechnology and Plant Breeding perspectives, published by Agrobios, 2014 str. 275 – 286, 2014
6. Nowotka Michał; **Pawełkowicz Magdalena**; Wojcieszek Michał; Przybecki Zbigniew; Nowak Robert; Automated functional annotation using classification and data fusion algorithms for genomic, transcriptomic and proteomic science; Molecular biology in diagnostics of infectious diseases and biotechnology; WULS-SGGW; 164-167, 2012
7. **Pawełkowicz Magdalena**; Osipowski Paweł; Przybecki Zbigniew; The differential expression of genes potentially involved in cucumber floral buds development; Molecular biology in diagnostics of infectious diseases and biotechnology; WULS-SGGW; 171-174, 2012
8. **Pawełkowicz Magdalena**; Siedlecka Ewa; Przybecki Zbigniew; The Differences Between Products Of Gene Expression In Male, Female And Hermaphrodite Cucumber Floral Buds (*Cucumis Sativus* L.); Nature Precedings; 2011
9. Siedlecka Ewa; Hromada-Judycka Aneta; **Pawełkowicz Magdalena**; Wóycicki Rafał; Rakoczy-Trojanowska Monika; Przybecki Zbigniew; Applying of novel subtraction method Genetically Directed Differential Subtraction Chain (GDDSC) in plant genomes, Nature Precedings; 2011
10. Wóycicki Rafał; Witkiewicz Justyna; **Pawełkowicz Magdalena**; Siedlecka Ewa; Gutman Wojciech; Pląder Wojciech; Seroczyńska Anna; Śmiech Mieczysław; Niemirowicz-Szczytt Katarzyna; Karpiński Stanisław; 12x coverage 454/Sanger Hybrid Assembly of Cucumber (*Cucumis sativus* L. cv. Borszczagowski) genome—the most efficient way to begin post genomic era; Nature Precedings, 2011
11. **Pawełkowicz Magdalena**; Pabudzińska Klaudyna; Kowalczyk Cezary; Wóycicki Rafał; Przybecki Zbigniew; Studies on *ETHYLENE-INSENSITIVE3* – like sequences in flower morphogenesis in cucumber (*Cucumis sativus* L.); Molecular biology in diagnostics of infectious diseases and biotechnology, WULS-SGGW; 110-113, 2010
12. **Pawełkowicz Magdalena**; Kowalczyk Cezary; Skrzypczak Magdalena; Paziewska Anna; Ostrowski Jan; Przybecki Zbigniew; Studies on flower morphogenesis with using *LCM – Laser Capture Microdissection* in cucumber (*Cucumis sativus* L); Molecular biology in diagnostics of infectious diseases and biotechnology, WULS-SGGW; 106-109, 2010

II.3 Informacja o członkostwie w redakcjach naukowych monografii.

Brak

II.4 Wykaz opublikowanych artykułów w czasopismach naukowych (z zaznaczeniem pozycji niewymienionych w pkt I).

Pozycje wymienione w pkt I zostały zaznaczone poprzez pogrubienie.

Przed uzyskaniem stopnia doktora

1. Szwacka Maria; Krzymowska Magdalena; Osuch Anita; **Kowalczyk Magdalena**; Malepszy Stefan; Variable properties of transgenic cucumber plants containing the thaumatin II gene from *Thaumatococcus daniellii*; *Acta Physiologiae Plantarum*; 8,2,173 – 185, 2002

IF 2002 = 0.31

lista MNiSW 2004: 6 pkt.

IF 2021 = 2.354

lista MEiN 2021: 70 pkt.

liczba cytowań: 44

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na przygotowaniu materiału roślinnego, izolacji kwasów nukleinowych, przeprowadzeniu hybrydyzacji typu Southern i Northern.

2. Przybecki Zbigniew; **Kowalczyk Magdalena**; Siedlecka Ewa; Urbanczyk-Wochniak Ewa; Malepszy Stefan; The isolation of cDNA clones from cucumber (*Cucumis sativus* L.) floral buds coming from plants differing in sex, *Cellular and Molecular Biology Letters*, 8, 2, 421-438, 2003

IF 2004 = 0.455

lista MNiSW 2004: 4 pkt.

IF 2021 = 5.787

lista MEiN 2021: 100 pkt.

liczba cytowań: 15

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na przygotowaniu materiału roślinnego, izolacji RNA, konstrukcji bibliotek cDNA, przygotowaniu sond, hybrydyzacji i przeglądaniu bibliotek, izolacji klonów, sekwencjonowaniu i analizie bioinformatyczne otrzymanych wyników, oraz napisaniu manuskryptu.

Po uzyskaniu stopnia doktora

3. Przybecki Zbigniew; **Kowalczyk Magdalena** Ewa; Witkowicz Justyna; Filipecki Marcin; Siedlecka Ewa; Polymorphism of sexually different cucumber (*Cucumis sativus* L.) NIL lines; *Cellular and Molecular Biology Letters*; vol 4, 4b, 919-933, 2004.

IF 2004 = 0.495

lista MNiSW 2004: 5 pkt.

IF 2021 = 5.787

lista MEiN 2021: 100 pkt.

liczba cytowań: 15

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na przygotowaniu membran z bibliotekami cDNA, a także koordynacji przygotowania membran do hybrydyzacji z bibliotekami genomowymi, przygotowaniu sond i przeprowadzeniu eksperymentów hybrydyzacji i detekcji a także analizie uzyskanych wyników.

4. Urbanczyk-Wochniak Ewa; Usadel Björn; Thimm Oliver; Nunes-Nesi Adriano; Carrari Fernando; Davy Marcus; Bläsing Oliver; **Kowalczyk Magdalena**; Weicht Daniel; Polinceusz Anna; Conversion of MapMan to allow the analysis of transcript data from Solanaceous species: effects of genetic and environmental alterations in energy metabolism in the leaf; Plant Molecular Biology; n 60; 5; 773-792; 2006

IF 2006 = 3.577

lista MNiSW 2004: 24 pkt.

IF 2021 = 4.076

lista MEiN 2021: 100 pkt.

liczba cytowań: 93

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na przygotowaniu bazy danych genów pomidora w oparciu o bazę danych rzodkiewnika i manualnej adnotacji przypisów ontologicznych oraz na transferze atrybutów opisujących dane geny i wizualizacji aktywności genów różnicowych wskazanych w analizach mikromacierzy w programie MapMan, współprzygotowałam też eksperymenty hybrydyzacji mikromacierzy.

5. Gutman Wojciech; **Pawełkowicz Magdalena**; Woycicki Rafał; Piszczek Ewa; Przybecki Zbigniew; The construction and characteristics of a BAC library for *Cucumis sativus* L. 'B10'; Cellular and Molecular Biology Letters; 13; 1; 74 – 91, 2008

IF 2008 = 1.454

lista MNiSW 2008: 10 pkt.

IF 2021 = 5.787

lista MEiN 2021: 100 pkt.

liczba cytowań: 8

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na przygotowaniu replik membran, charakterystyce biblioteki BAC oraz współpracy przy hybrydyzacji. Zbierałam również materiały źródłowe i robiłam korekty manuskryptu.

6. Wóycicki Rafał; Witkowicz Justyna; Gawroński Piotr; Dąbrowska Joanna; Lomsadze Alexandre; **Pawełkowicz Magdalena**; Siedlecka Ewa; Yagi Kohei; Pląder Wojciech; Seroczyńska Anna; Śmiech Mieczysław; Gutman Wojciech; Niemirowicz-Szczytt Katarzyna; Bartoszewski Grzegorz; Tagashira Norikazu; Hoshi Yoshikazu; Borodovsky Mark; Karpiński Stanisław; Malepszy Stefan; Przybecki Zbigniew; The genome sequence of the North-European cucumber (*Cucumis sativus* L.) unravels evolutionary adaptation mechanisms in plants; PloS ONE; 6; 7; e22728; 2011

IF 2011 = 4.092

lista MNiSW 2011: 40 pkt.

IF 2021 = 3.240

lista MEiN 2021: 100 pkt.

liczba cytowań: 79

Mój wkład w powstanie pracy polegał na udziale w eksperymentach dotyczących biblioteki BAC oraz przygotowaniu dodatkowych sekwencji EST użytych w adnotacji funkcjonalnej.

7. Yin Zhimin; **Pawełkowicz Magdalena**; Michalak Krystyna; Chrzanowska Mirosława; Zimnoch-Guzowska Ewa; The genomic RNA1 and RNA2 sequences of the tobacco rattle virus isolates found in Polish potato fields; Virus Research; 185; 110 – 113; 2014

IF 2014 = 2.324

lista MNiSW 2014: 25 pkt.

IF 2021 = 3.303

lista MEiN 2021: 70 pkt.

liczba cytowań: 8

Mój wkład w powstanie pracy polegał na przeprowadzeniu adnotacji strukturalnej sekwencji wirusowych w programach bioinformatycznych, konsolidacji wyników i ustaleniu sekwencji konsensusowych, a także na przeprowadzeniu adnotacji funkcjonalnych i analiz porównawczych. Ponadto umieściłam otrzymane sekwencje w bazach danych.

8. Yin Zhimin; **Pawełkowicz Magdalena**; Michalak Krystyna; Chrzanowska Mirosława; Zimnoch-Guzowska Ewa; Single-nucleotide polymorphisms and reading frame shifts in RNA2 recombinant regions of tobacco rattle virus isolates Slu24 and Deb57; Archives of Virology; 159; 11; 3119 – 3123; 2014

IF 2014 = 2.390

lista MNiSW 2014: 20 pkt.

IF 2021 = 2.574

lista MEiN 2021: 70 pkt.

liczba cytowań: 4

Mój wkład w powstanie pracy polegał na przeprowadzeniu adnotacji strukturalnej sekwencji wirusowych w programach bioinformatycznych, konsolidacji wyników i ustaleniu sekwencji konsensusowych, a także na przeprowadzeniu adnotacji funkcjonalnych i analiz porównawczych. Ponadto umieściłam otrzymane sekwencje w bazach danych.

9. Yagi Kouhei; Siedlecka Ewa; **Pawełkowicz Magdalena**; Wojcieszek Michał; Przybecki Zbigniew; Tagashira Norikazu; Hoshi Yoshikazu; Malepszy Stefan; Pląder Wojciech; Karyotype analysis and chromosomal distribution of repetitive DNA sequences of *Cucumis metuliferus* using fluorescence in situ hybridization; Cytogenetic and Genome Research; 144; 3; 237 – 242; 2014

IF 2014 = 1.561

1.561 lista MNiSW 2014: 15 pkt.

IF 2021 = 1.636

lista MEiN 2021: 70 pkt.

liczba cytowań: 5

Mój wkład w powstanie pracy polegał na zebraniu materiałów źródłowych, w pisaniu publikacji i kontakcie z wydawnictwem.

10. Yagi Kouhei; **Pawełkowicz Magdalena**; Osipowski Paweł; Siedlecka Ewa; Przybecki Zbigniew; Tagashira Norikazu; Hoshi Yoshikazu; Malepszy Stefan; Pląder Wojciech; Molecular cytogenetic analysis of Cucumis wild species distributed in southern Africa: physical mapping of 5S and 45S rDNA with DAPI; Cytogenetic and Genome Research; 146; 1; 80 – 87; 2015

IF 2014 = 1.638

lista MNiSW 2014: 20 pkt.

IF 2021 = 1.636

lista MEiN 2021: 70 pkt.

liczba cytowań: 7

Mój wkład w powstanie pracy polegał na zebraniu materiałów źródłowych, pisaniu publikacji i kontakcie z wydawnictwem.

11. **Pawełkowicz Magdalena**; Zieliński Konrad; Zielińska Dorota; Pląder Wojciech; Yagi Kouhei; Wojcieszek Michał; Siedlecka Ewa; Bartoszewski Grzegorz; Skarzyńska Agnieszka; Przybecki Zbigniew; Next generation sequencing and omics in cucumber (*Cucumis sativus* L.) breeding directed research. Plant Science; 242; 77-88; 2016

IF 2016 = 3.437

lista MNiSW 2016: 35 pkt.

IF 2021 = 4.729

lista MEiN 2021: 100 pkt.

liczba cytowań: 26

12. Gawroński Piotr; **Pawełkowicz Magdalena**; Tofil Katarzyna; Uszyński Grzegorz; Sharifova Said; Ahluwalia Shivaksh; Tyrka Mirosław; Wędzony Maria; Kilian Andrzej; Bolibok-Bragoszewska Hanna; DArT markers effectively target gene space in the rye genome; Frontiers in Plant Science; 7, 1600; 2016

IF 2016 = 4.291

lista MNiSW 2016: 40 pkt.

IF 2021 = 5.754

lista MEiN 2021: 100 pkt.

liczba cytowań: 18

Mój wkład w powstanie pracy polegał na przeprowadzeniu adnotacji funkcjonalnej i klasyfikacji ontologicznej sekwencji DART i przygotowaniu publikacji.

13. Yin Zhimin; Xie Fuliang; Michalak Krystyna; **Pawełkowicz Magdalena**; Zhang Baohong; Murawska Zofia; Lebecka Renata; Zimnoch-Guzowska Ewa; Potato cultivar Etola exhibits hypersensitive resistance to PVYNTN and partial resistance to PVYZ-NTN and PVYN-Wi strains and strain-specific alterations of certain host miRNAs might correlate with symptom severity; Plant Pathology; 66; 4; 539 – 550; 2017

IF 2016 = 2.303

lista MNiSW 2016: 35 pkt.

IF 2021 = 2.590

lista MEiN 2021: 140 pkt.

liczba cytowań: 7

Mój wkład przygotowanie tej pracy polegał na przeprowadzeniu analiz bioinformatycznych, dotyczących analiz funkcjonalnych, statystycznych oraz filogenetycznych.

14. Szwacka Maria; **Pawełkowicz Magdalena**; Skarzyńska Agnieszka; Osipowski Paweł; Wojcieszek Michał; Przybecki Zbigniew; Pląder Wojciech; Biological significance, computational analysis, and applications of plant microRNAs; Acta Physiologiae Plantarum; 40; 8; 146; 2018

IF 2018 = 1.608

lista MNiSW 2018: 70 pkt.

IF 2021 = 2.354

lista MEiN 2021: 70 pkt.

liczba cytowań: 3

Mój wkład w powstanie pracy polegał na zbieraniu materiałów źródłowych, projektowaniu grafik i udziale w pisaniu artykułu oraz kontaktach z wydawnictwem.

15. Yin Zhimin; Murawska Zofia; Xie Fuliang; **Pawełkowicz Magdalena**; Michalak Krystyna; Zhang Baohong; Lebecka Renata; microRNA response in potato virus Y infected tobacco shows strain-specificity depending on host and symptom severity; Virus Research; 260; 20 – 32; 2019

IF 2019 = 2.934

lista MNiSW 2019: 70 pkt.

IF 2021 = 3.303

lista MEiN 2021: 70 pkt.

liczba cytowań: 6

Mój wkład w tę pracę polegał na bioinformatycznej analizie funkcjonalnej anotacji i klasyfikacji ontologicznej cząsteczek docelowych miRNA.

16. **Pawełkowicz Magdalena**; Skarzyńska Agnieszka; Pląder Wojciech; Przybecki Zbigniew; Genetic and molecular bases of cucumber (*Cucumis sativus* L.) sex determination; Molecular Breeding; 39; 3; 50; 2019

IF 2019 = 2.149

lista MNiSW 2019: 70 pkt.

IF 2021 = 2.589

lista MEiN 2021: 70 pkt.

liczba cytowań: 19

17. **Pawełkowicz Magdalena**; Pryszcz Leszek; Skarzyńska Agnieszka; Wóycicki Rafał K; Posyniak Kacper; Rymuszka Jacek; Przybecki Zbigniew; Pląder Wojciech; Comparative transcriptome analysis reveals new molecular pathways for cucumber genes related to sex determination; Plant Reproduction; 32; 2; 193-216; 2019

IF 2019 = 3.957

lista MNiSW 2019: 100 pkt.

IF 2021 = 3.767

lista MEiN 2021: 100 pkt.

liczba cytowań: 13

18. Merheb Joe; **Pawełkowicz Magdalena**; Branca Ferdinando; Bolibok-Bragoszewska Hanna; Skarzyńska Agnieszka; Pląder Wojciech; Chalak Lamis; Characterization of Lebanese Germplasm of Snake Melon (*Cucumis melo* subsp. *melo* var. *flexuosus*) Using Morphological Traits and SSR Markers; *Agronomy*; 10; 9; 1293; 2020

IF 2020 = 3.417

lista MNiSW 2020: 100 pkt.

IF 2021 = 3.417

lista MEiN 2021: 100 pkt.

liczba cytowań: 2

Mój wkład w przygotowanie tej pracy polegał na przygotowaniu materiału roślinnego, opracowaniu wyników, udziale w pisanu artykułu i odpowiedzi na recenzje.

19. Skarzyńska Agnieszka; **Pawełkowicz Magdalena**; Pląder Wojciech; Genome-wide discovery of DNA variants in cucumber somaclonal lines; *Gene*; 736; 144412; 2020

IF 2020 = 3.688

lista MNiSW 2020: 70 pkt.

IF 2021 = 3.688

lista MEiN 2021: 70 pkt.

liczba cytowań: 5

Mój wkład w powstanie pracy polegał na konsultacji wyników i udziale w pisanu artykułu.

20. Osipowski Paweł; **Pawełkowicz Magdalena**; Wojcieszek Michał; Skarzyńska Agnieszka; Przybecki Zbigniew; Pląder Wojciech; A high-quality cucumber genome assembly enhances computational comparative genomics; *Molecular Genetics and Genomics*; 295; 1; 177-193; 2020

IF 2020 = 3.291

lista MNiSW 2020: 100 pkt.

IF 2021 = 3.291

lista MEiN 2021: 100 pkt.

liczba cytowań: 18

21. **Pawełkowicz Magdalena**; Skarzyńska Agnieszka; Sroka Małgorzata; Szwacka Maria; Pniewski Tomasz; Pląder Wojciech; Effect of Transgenesis on mRNA and miRNA Profiles in Cucumber Fruits Expressing Thaumatin II; *Genes*; 11; 3; 334; 2020

IF 2020 = 4.096

lista MNiSW 2020: 100 pkt.

IF 2021 = 4.096

lista MEiN 2021: 100 pkt.

liczba cytowań: 4

22. **Pawełkowicz Magdalena**; Skarzyńska Agnieszka; Mróz Tomasz; Bystrzycki Estelle; Pląder Wojciech; Molecular insight into somaclonal variation phenomena from transcriptome profiling of cucumber (*Cucumis sativus* L.) lines; *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*; 145; 2; 239 – 259; 2021.

IF 2021 = 2.711

lista MEiN 2021: 100 pkt.

liczba cytowań: 4

23. Skarzyńska Agnieszka; **Pawełkowicz Magdalena**; Pląder Wojciech; Influence of transgenesis on genome variability in cucumber lines with a thaumatin II gene; *Physiology and Molecular Biology of Plants*; 27; 5; 985 – 996; 2021

IF 2021 = 2.391

lista MEiN 2021: 700 pkt.

liczba cytowań: 0

Mój wkład w powstanie pracy polegał na konsultacji wyników i udziale w pisanu artykułu.

24. Popek Robert; Fornal – Pieniak Beata; Chyliński Filip; **Pawełkowicz Magdalena**; Bobrowicz Jan; Chrzanowska Dominika; Piechota Natalia; Przybysz Akadiusz Not only trees matter – traffic related PM accumulation by vegetation of urban forests; Sustainability; 145; 5; 2973; 2022

IF 2021 = 3.251

lista MEiN 2021: 100 pkt.

liczba cytowań: 0

Mój wkład w powstanie pracy polegał na współopracowaniu wyników, udziale w pisaniu artykułu oraz odpowiedzi na recenzje.

25. **Pawełkowicz Magdalena**, Skarzyńska Agnieszka, Koter Marek Daniel, Turek Szymon, Pląder Wojciech (2022). miRNA Profiling and Its Role in Multi-Omics Regulatory Networks Connected with Somaclonal Variation in Cucumber (*Cucumis sativus* L.). International Journal of Molecular Sciences; 23; 8 4317; 2022.

IF 2021 = 5.923

lista MEiN 2021: 140 pkt.

liczba cytowań: 0

Publikacje bez współczynnika IF zaliczane do ssawnej listy B MNiSW

1. Przybecki Zbigniew; **Pawełkowicz Magdalena**; Wóycicki Rafał; Sekwencjonowanie genomów i rozwój biotechnologii; Biotechnologia; 4; 91; 9-23; 2010

IF 2010 = 0

lista B MNiSW 2010: 6 pkt.

IF 2021 = 0

lista MEiN 2021: 70 pkt.

liczba cytowań: 3

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na przygotowaniu materiałów źródłowych, robiłam grafiki i korekty manuskryptu

2. **Pawełkowicz Magdalena**; Osipowski Paweł; Wojcieszek Michał; Wóycicki Rafał; Witkiewicz Justyna; Hinch Dirk; Przybecki Zbigniew; Identification and characterization of genes connected with flower morphogenesis in cucumber; BioTechnologia; 93; 3; 123 – 134; 2012

IF 2012 = 0

lista B MNiSW 2012: 5 pkt.

IF 2021 = 0

lista MEiN 2021: 70 pkt.

liczba cytowań: 11

Mój wkład w powstanie pracy polegał na przygotowaniu materiału roślinnego, konstrukcji bibliotek ekspresyjnych DH i cDNA-DSC, analizach bioinformatycznych dotyczących adnotacji funkcjonalnej genów i elementów, promotorowych, napisaniu publikacji i przygotowaniu jej do wydawnictwa

II.5 Wykaz osiągnięć projektowych, konstrukcyjnych, technologicznych

Brak

II.6 Wykaz publicznych realizacji dzieł artystycznych

Brak

II.7. Informacja o wystąpieniach na krajowych lub międzynarodowych konferencjach naukowych lub artystycznych, z wyszczególnieniem przedstawionych wykładów na zaproszenie i wykładów plenarnych.

Przed uzyskaniem stopnia doktora

Brak

Po uzyskaniu stopnia doktora

Referaty w języku obcym

1. **Pawełkowicz M.** Localization of expression of cDNA sequences related to flower morphogenesis in cucumber's (*Cucumis sativus*) floral buds; The 2nd Polish Congress of Biochemistry and Cell Biology, Jagiellonian University, 5-9.09.2011, Kraków, Polska
2. Woycicki R., Witkowicz J., Gawronski P., Dabrowska J., Lomsadze A., **Pawełkowicz M.**, Siedlecka E., Yagi K., Plader W., Seroczynska A., Smiech M., Gutman W., Niemirowicz-Szczytt K., Bartoszewski G., Tagashira N., Hoshi Y., Borodovsky M., Karpinski S., Malepszy S., Przybecki Z. Cucumber (*Cucumis sativus* L.) genome sequencing and comparative analysis Plant and Animal Genome XX Conference, W222; 14-18.01.2012, San Diego, USA
3. **Pawełkowicz M.**, Wojcieszek M., Nowak R., Przybecki Z. 2012. Genome browser algorithm -, XXVIII Wilga Symposium, 27-28.01.2012, Wilga, Polska
4. **Pawełkowicz M.**, Nowak R., Osipowski P., Rymuszka J., Świerkula K., Wojcieszek M., Przybecki Z. The discrepancies in the results of bioinformatics for genomic structural annotation. Konferencja: XXXV IEEE-SPIE Joint symposium in Wilga 2014 – 28.05.2014, Wilga, Polska
5. Osipowski P., **Pawełkowicz M.**, Przybecki Z. Computational structural variation discovery in genomes state of the art and challenges - Konferencja: XXXV IEEE-SPIE Joint symposium in Wilga 2014 – 28.05.2014, Wilga, Polska
6. Wojcieszek M., **Pawełkowicz M.**, Nowak R., Przybecki Z. Genomes correction and assembling - present methods and tools - Konferencja: XXXV IEEE-SPIE Joint symposium in Wilga 2014 – 28.05.2014, Wilga, Polska
7. **Pawełkowicz M.**, Kowalczyk C., Osipowski P., Wojcieszek M., Kojder G., Kosik K., Przybecki Z., The role of ubiquitins in cucumber (*C. sativus* L.) flower morphogenesis. 5th European Congress EUROBIOTECH 2013; p 128, 8 – 13.10.2013, Kraków, Polska
8. Skarzyńska A., **Pawełkowicz M.**, Krzywkowski T., Świerkula K., Plader W., Przybecki Z., 2015. Bioinformatics pipeline for functional identification and characterization of proteins. XXXVI-th IEEE-SPIE Joint Symposium Wilga 2015 – 25-31.05.2015, Wilga, Polska
9. **Pawełkowicz M.**, Skarzyńska A., Posyniak K., Ziąbska K., Plader W., Przybecki Z., 2015. Advantages and disadvantages in usage of bioinformatic programs in promoter region analysis 25-31.05.2015 XXXVI-th IEEE-SPIE Joint Symposium Wilga 2015 – 25-31.05.2015, Wilga, Polska
10. Osipowski P., **Pawełkowicz M.**, Wojcieszek M., Przybecki Z., 2015. Progress in cucumber genome assembly using NGS technologies 25-31.05.2015 XXXVI-th IEEE-SPIE Joint Symposium Wilga 2015, – 25-31.05.2015, Wilga, Polska
11. Wojcieszek M., Osipowski P., **Pawełkowicz M.**, Przybecki Z., 2015 Genome structural annotation enhancement with RNAseq data. 25-31.05.2015 XXXVI-th IEEE-SPIE Joint Symposium Wilga 2015, – 25-31.05.2015, Wilga, Polska

12. **Pawełkowicz M.**, Wojcieszek M., Osipowski P., Krzywkowski T., Pląder W., Przybecki Z., 2016. Identification and bioinformatics comparison of two novel phosphatases in monoecious and gynoeceious cucumber lines. XXXVIII-th IEEE-SPIE Joint Symposium Wilga 2016 – 30.05 – 05.06.2016, Wilga, Polska
13. **Pawełkowicz M.**, Wojcieszek M., Osipowski P., Kowalczyk C., Pląder W., Przybecki Z., 2016 Bioinformatic investigation of the role of ubiquitins in cucumber flower morphogenesis. ,XXXVIII-th IEEE-SPIE Joint Symposium Wilga 2016, Wilga, – 30.05 – 05.06.2016 2016 Wilga, Polska
14. Skarzyńska A., **Pawełkowicz M.**, Pląder W., Przybecki Z. 2016. The utility of optical detection system (qPCR) and bioinformatics methods in reference gene expression analysis, XXXVIII-th IEEE-SPIE Joint Symposium Wilga 2016, – 30.05 – 05.06.2016 Wilga, Polska
15. Osipowski P., Wojcieszek M., **Pawełkowicz M.**, Skarzyńska A., Koren S., Lomsadze A., Wóycicki R., Pląder W., Yagi K., Borodovsky M., Malepszy S., Przybecki Z. 2016. Progress in Assembling the Cucumber (*Cucumis sativus*) Borszczagowski B10 Line Genome Using Long Single Molecule, Real-Time Reads. XIth Eucarpia Cucurbitaceae 2016, 24-28.06.2016, Warszawa, Polska
16. **Pawełkowicz M.**, Skarzyńska A., Pląder W., Przybecki Z. 2016. Differences in expression of cytochrome P450 genes during cucumber flower morphogenesis. V Polski Kongres Genetyki, 19-22.09.2016, Łódź, Polska
17. Bolibok-Brągoszewska H., Gawroński P., Hawliczek – Strulak A., Borzęcka E., Tofil K., Yagi K., **Pawełkowicz M.**, Schmitter K., Ringauf A., Pląder W., Przybecki Z. 2016. Development of genomics resources in a large-genome non-model species *Secale cereale* L. V Polski Kongres Genetyki, 19-22.09.2016, Łódź, Polska
18. **Pawełkowicz M.**, Skarzyńska A., Cebula J., Hinch D., Ziąbska K., Pląder W., Przybecki Z. Bioinformatics and expressional analysis of cDNA clones from floral buds. XL-th IEEE-SPIE Joint Symposium Wilga 2017 28.05-04.06.2017, Wilga, Polska
19. **Pawełkowicz M.**, Skarzyńska A., Kowalczyk C., Pląder W., Przybecki Z. Laser capture microdissection to study flower morphogenesis XL-th IEEE-SPIE Joint Symposium Wilga 2017; 28.05-04.06.2017, Wilga, Polska
20. Skarzyńska A., Kuśmirek W., **Pawełkowicz M.**, Pląder W., Nowak RM. Assembly of cucumber (*Cucumis sativus* L.) somaclones; XL-th IEEE-SPIE Joint Symposium Wilga 2017 28.05-04.06.2017, Wilga, Polska
21. Haponiuk, M., **Pawełkowicz, M.**, Przybecki, Z., & Nowak, R. M CuGene as a tool to view and explore genomic data. XL-th IEEE-SPIE Joint Symposium Wilga 2017; 28.05-04.06.2017, Wilga, Polska
22. Kulawik, M., **Pawełkowicz, M.**, Wojcieszek, M., Pląder, W., & Nowak, R. M. Detection of genomic rearrangements in cucumber using genomecmp software; XL-th IEEE-SPIE Joint Symposium Wilga 2017; 28.05-04.06.2017, Wilga, Polska
23. Wojcieszek, M., Kuśmirek, W., **Pawełkowicz, M.**, Pląder, W., & Nowak, R. M. Comparison of de novo assembly statistics of *Cucumis sativus* L. XL-th IEEE-SPIE Joint Symposium Wilga 2017; 28.05-04.06.2017, Wilga, Polska
24. Skarzyńska A., **Pawełkowicz M.**, Pląder W. Is an in vitro regeneration process a source of genomic changes? 4th International Conference “Plant Genetics & Breeding Technologies IV” 12-13.07.2018, Wiedeń, Austria,

25. Skarzyńska A., **Pawełkowicz M.**, Pląder W. Comparison of bioinformatics programs for analysis of single nucleotide variants. XLII-th IEEE-SPIE Joint Symposium Wilga 2018, 03-10.06.2018 Wilga, Polska
26. Skarzyńska A., **Pawełkowicz M.**, Pląder W. Comparative genomics of cucumber lines obtained by transgenesis and in vitro regeneration 6th International Symposium on Cucurbits; 30.06-04.07.2019, Gent, Belgium;

Referaty na konferencji w języku polskim

1. Borzęcka E., Hawliczek A., Gawroński P., **Pawełkowicz M.**, Tofil K. Bolibok-Brągoszewska H. Biblioteka BAC i technologia Oxford Nanopore w poszukiwaniu genów warunkujących istotne użytkowo cechy żyta. XIV Ogólnopolska Konferencja Naukowa Nauka dla Hodowli i Nasiennictwa roślin uprawnych; Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin 285, 41-42, 5-8.02.2019, Zakopane, Polska

Postery w języku obcym

1. Szwacka M., Krzymowska M., **Kowalczyk M.**, Osuch A. Transgenic cucumber plants expressing the thaumatin gene". IX International Symposium „ Food Biotechnology”, 9 –12.05.1999, Zakopane, Polska
2. **Kowalczyk M.E.**, Hennig J., Wałek W., Przybecki Z. 2001 Identification of homologous sequence of ethylene receptor from *Nicotiana Tabacum* in floral cucumber cDNA libraries. XIV Congress of Polish Society of Genetic, 2001, book of abstract pp 60; 11-13.06.2001, Poznań, Poland
3. **Kowalczyk M.E.**, Urbańczyk-Wochniak E., Przybecki Z. 2002 The identification of differential cDNA clones from two floral libraries in cucumber *Cucumis sativus* L. Cell. Mol. Biol. Lett. supplement, Vol.7, p55, VIII Polish Conference on Cell Biology, 23-25.09.2002, Wrocław, Polska
4. Siedlecka E, **Kowalczyk M.E.**, Przybecki Z.; Differential Subtraction Chain method reveals genomic differences in cucumber (*Cucumis sativus* L.): approaches to studying sex analysis". 2nd National Congress of Biotechnology, 23-27.06.2003, Łódź, Polska
5. **Kowalczyk M.E.**, Siedlecka E., Malepszy S., Przybecki Z. 2003 The differences between products of gene expression in male, female and hermaphrodite cucumber floral buds (*Cucumis Sativus* L.)", 7th International Congress of Plant Molecular Biology, poster S20 – 57: abstrakt str.283., 23-29.06.2003, Barcelona, Hiszpania
6. Witkowicz J., **Pawełkowicz M.E.**, Siedlecka E., Wóycicki R., Alvarez-Orti M., Hinch D.K., Przybecki Z. 2007. Sex determination in cucumber: construction of a transcriptome map by macroarray analysis of near isogenic lines. EMBO Conference series on Plant Molecular Biology "From basic genomics to systems biology" page: 94; abstract no.87; 02-04.05.2007, Ghent, Belgium
7. Witkowicz J, **Pawełkowicz ME**, Siedlecka E, Woycicki R, Kowalczyk C, Przybecki Z, Hinch DK 2009. The analysis of cucumber (*Cucumis sativus* L.) genomic and transcriptomic differences reveals ESTs probably involved in plant sex determination processes. Konferencja "Plant and Animal Genome Meeting" XVII p.711., 10 – 14.01.2009, San Diego, CA, USA
8. Woycicki R., Gutman W., Malepszy S., **Pawełkowicz M.**, Plader W., Seroczynska A., Siedlecka E., Smiech M., Witkowicz J., Przybecki Z. 2009. Sequencing of the cucumber (*Cucumis sativus* L.) genome. Konferencja "Plant and Animal Genome Meeting" XVII, 10 – 14.01 2009, p. 030. San Diego, CA, USA

9. Woycicki R., Witkowicz J., **Pawełkowicz** M, Siedlecka E., Gutman W., Plader W., Seroczynska A., Smiech M., Niemirowicz-Szczytt K., Karpinski S, Malepszy S., Przybecki Z. 2010. 12x coverage 454/Sanger Hybrid Assembly of Cucumber (*Cucumis sativus* L. cv. Borszczagowski) genome – the most efficient way to begin post genomic era. 5th Annual Sequencing, Finishing, Analysis in the Future Meeting.02-04.06.2010, Santa Fe, New Mexico, USA
10. **Pawełkowicz** M., Pabudzińska K., Kowalczuk C., Wóycicki R., Przybecki Z. 2010. Studies on *ETHYLENE-INSENSITIVE3* – like sequences in flower morphogenesis in cucumber (*Cucumis sativus* L.). Materiały XI Konferencja "Biologia molekularna w diagnostyce chorób zakaźnych i biotechnologii" "DiagMol 2010" P.106, 27.11.2010, Warszawa, Polska
11. **Pawełkowicz** M., Kowalczuk C., Skrzypczak M, Paziewska A., Ostrowski J., Przybecki Z. 2010. Studies on flower morphogenesis with using *LCM – Laser Capture Microdissection* in cucumber (*Cucumis sativus* L.). Materiały XI Konferencja "Biologia molekularna w diagnostyce chorób zakaźnych i biotechnologii" "DiagMol 2010" P.110, 27.11.2010, Warszawa, Polska
12. Yagi K., Wóycicki R., **Pawełkowicz** M., Przybecki Z., Malepszy S., Plader W. 2011 Cytogenetic mapping using chromosome-specific BACs probes in *Cucumis sativus* L. 'B10'. The 2nd Congress of Biochemistry and Cell Biology, September 5th - 9th, 2011, Session B14-27 Advances in plant biochemistry P27.15; 05 – 09.11.2011, Kraków, Polska
13. Kowalczuk C., **Pawełkowicz** M., Witkowicz J., Chądzyńska K., Paziewska A., Ostrowski J., Przybecki Z. 2011. The expression of putative lipid binding protein is influenced by the sex gene *Gy/gy* in cucumber (*Cucumis sativus* L.). The 2nd Congress of Biochemistry and Cell Biology September 5th - 9th, 2011, Kraków Poland Session B14-27 Advances in plant biochemistry P27.14, 05 – 09.11.2011, Kraków, Polska
14. **Pawełkowicz** M, Wojcieszek M, Witkowicz J, Osipowski P, Wóycicki R, Hinch D, Przybecki Z. 2012. The genome-wide overview of genes connected with flower morphogenesis in cucumber. XIII Overall Polish *in vitro* culture and plant Biotechnology Conference. Plant Cell – the objective of genetic and physiological manipulations, BiOTechnologia 93 (2),2012 page 170. 24 -27.09.2012, Rogów, Polska
15. Nowotka M, **Pawełkowicz** M, Wojcieszek M, Przybecki Z, Nowak R. 2012 Automated functional annotation using classification and data fusion algorithms for genomic, transcriptomic and proteomic science. Proceedings of XIII conference DIAGMOL 2012” Molecular biology in diagnostics of infectious diseases and biotechnology” pp 164. 24.11.2012, Warszawa, Polska
16. **Pawełkowicz** M, Osipowski P, Przybecki Z. 2012. The differential expression of genes potentially involved in cucumber floral buds development. Proceedings of XIII conference DIAGMOL 2012” Molecular biology in diagnostics of infectious diseases and biotechnology” pp171. 24.11.2012, Warszawa, Polska
17. Kowalczuk C, **Pawełkowicz** M, Chądzyńska K, Paziewska A, Wóycicki R, Ostrowski J, Cebula J, Przybecki Z, 2012. Evaluation of reference genes transcription stability in generative whorls of cucumber flower (*Cucumis sativus* L.). Biotechnology and Plant Breeding: perspectives towards food security and sustainability". p. 139; 10-12.09.2012, Radzików, Polska
18. Wojcieszek M., **Pawełkowicz** M., at all; Identification and analysis of WUSCHEL (WUS/WOX) and CLAVATA genes in cucumber (*Cucumis sativus*). 5th European Congress EUROBIOTECH 2013 p132; 8 – 13.10,2013 Kraków, Polska
19. Osipowski P., Wóycicki R., Witkowicz J., **Pawełkowicz** M., Wojcieszek M., Siedlecka E., Gutman E., Przybecki Z. Genomic identification and characterization of *GY/gy* gene in cucumber. IV Polish Congress of Genetics p.185, 10 - 13. 09. 2013, Poznań, Polska
20. **Pawełkowicz** M., Krzykowski T., Kowalczuk C., Woycicki R., Osipowski P., Przybecki Z; Identification and characterization of novel CsABI1 and CsABI2 genes in cucumber genome

using comparative analysis. IV Polish Congress of Genetics p.145-146. 10 - 13. 09. 2013, Poznań, Polska

21. Wojcieszek M., **Pawełkowicz M.**, Osipowski P., Przybecki Z., Third generation sequencing method – solution for improving genome of North European cucumber assembly. The 2nd Plant Genomics Congress p 19. 12 – 13.05.2014, Londyn, Wielka Brytania
22. **Pawełkowicz M.** Pryszcz L. Wojcieszek, M. Osipowski P. Pląder W. Przybecki Z. 2015. Comparative Analysis of Transcriptomes Connected with Sex Expression in Cucumber. In Plant and Animal Genome XXIII Conference. Plant and Animal Genome, P0476. 10–14.01.2015, San Diego, CA, USA
23. Osipowski, P. Wojcieszek M. **Pawełkowicz M.** Yagi K. Pląder W. Przybecki Z. 2015. High Quality Short Read Assembly of B10 Cucumber Line Genome. In Plant and Animal Genome XXIII Conference. Plant and Animal Genome, P0032, 10–14.01.2015, San Diego CA, USA
24. Bolibok – Brągoszewska H., Gawroński P., **Pawełkowicz M.**, Uszyński G., Ahluwalia S., Ceglińska A., Wróblewska J., Tyrka M., Wędzony M., Kilian A., 2015 DArT markers sequences facilitate functional, comparative and structural genomics of rye. International Conference on Rye Breeding and Genetics P s4-02 p 81, 24-26.06.2015, Wrocław, Polska
25. **Pawełkowicz M.**, Skarzyńska A., Pryszcz L., Osipowski P., Wojcieszek M., Pląder W., Przybecki Z. 2016. Preface to Identification of the Genes Involved in Cucumber Flower Morphogenesis. XIth Eucarpia Cucurbitaceae 2016, 24-28.06.2016, Warszawa, Polska
26. Skarzyńska A., Osipowski P., **Pawełkowicz M.**, Pląder W. Different approaches of NGS reads correction for structural variant calling of cucumber somaclonal lines, 6th Central European Congress of Life Sciences Eurobiotech P3.35 p. 96; 11-14.09.17, Kraków, Polska
27. Skarzyńska A., Osipowski P., **Pawełkowicz M.**, Pląder W. Is transgenesis significantly altering the cucumber genome?; 6th Central European Congress of Life Sciences Eurobiotech P3.36 p96; 11-14.09.17 Kraków, Polska
28. Osipowski P., Wojcieszek M., **Pawełkowicz M.**, Skarzyńska A., Pląder W., Przybecki Z. Comparative genomics of homozygous B10 cucumber line individuals show dynamics within functional loci; Central European Congress of Life Sciences Eurobiotech P3.29 p.93; 6th; 11-14.09.17, Kraków, Polska
29. Wojcieszek M., **Pawełkowicz M.**, Przybecki Z., Pląder W., Genomic comparison of cucumber growth type of mutants; 6th Central European Congress of Life Sciences Eurobiotech P3.30 p.93; 11-14.09.17; Kraków, Polska
30. Skarzyńska A., **Pawełkowicz M.**, Pląder W., Przybecki Z. Identification of hypothetical changes caused by in vitro regeneration process 5th Conference on Plant Genome Evolution 2017; P2.08; 1-3.10.2017, Sitges, Hiszpania
31. Skarzyńska A., **Pawełkowicz M.**, Pląder W., Przybecki Z. Interaction analysis of genes potentially involved in sex differentiation in cucumber; 5th Conference on Plant Genome Evolution 2017; P2.09; 1-3.10.2017, Sitges, Hiszpania
32. Mróz T., **Pawełkowicz M.**, Skarzyńska A., Pląder W. Use of transcriptomic data and protein interaction networks in determining genotype – phenotype interaction of MSC19 cucumber somaclonal mutant. 6th International Plant Phenotyping Symposium, 22 – 26.10.2019 Nanjing, China

Postery w języku polskim

1. Wóycicki R., Witkiewicz J., Siedlecka E., **Pawełkowicz** M.E., Śmiech M., Malepszy S., Przybecki Z. 2007 Poszukiwanie markerów molekularnych genu płci Gy u ogórka (*Cucumis sativus* L.). II Polski Kongres Genetyki Streszczenia GR80 str. 265; 18-20.09.2007, Warszawa, Polska
2. Wóycicki R., Marczak J., Urbańczyk-Wochniak E., **Pawełkowicz** M.E., Witkiewicz J., Przybecki Z. 2007 Analiza fenotypowa linii B10 i 859 ogórka (*Cucumis sativus* L.) różniących się płcią. II Polski Kongres Genetyki Streszczenia GR81 str. 266; 18-20.09.2007, Warszawa, Polska
3. **Pawełkowicz** M.E., Wóycicki R., Siedlecka E., Witkiewicz J., Kowalczyk C., Pogorzelska P., Przybecki Z. 2007 Wstępna charakterystyka klonów różnicujących transkryptomy pąków kwiatowych i genomy linii ogórka o różnej płci. II Polski Kongres Genetyki Streszczenia GR73 str. 89, 18-20.09.2007, Warszawa, Polska
4. **Pawełkowicz** M., Kowalczyk C., Pabudzińska-Kossek K., Kosik K., Chądzyska K., Kurek K., Komar D., Przybecki Z. 2010. Lokalizacja ekspresji sekwencji polimorficznych w pąkach kwiatowych ogórka (*Cucumis sativus*). III Polski Kongres Genetyki p.195; 12 – 15.09.2010, Lublin, Polska
5. **Pawełkowicz** M., Wóycicki R., Kolmer M., Siedlecka E., Witkiewicz J., Przybecki Z. 2010. Analiza strukturalna i funkcjonalna sekwencji polimorficznych powiązanych z morfogenezą kwiatów ogórka (*cucumis sativus* L.). III Polski Kongres Genetyki p.197; 12 – 15.09.2010, Lublin, Polska
6. Wóycicki R., Witkiewicz J., **Pawełkowicz** M., Siedlecka E., Gutman W., Przybecki Z. 2010. Analiza chromosomalnego obszaru determinującego płć roślin ogórka. III Polski Kongres Genetyki p.200, 12 – 15.09.2010, Lublin, Polska
7. Kowalczyk I., Kaczorowska K., Martyniuk E., Góral K., **Pawełkowicz** M., Fiszdon K. "The effects of selection towards on mass testis of male laboratory mice and their age on the length of the period between the mating with a female and the birth of the young. "II Conference - Animal in scientific research"-p.119; 5-7.09. 2011 Warszawa, Polska
8. Borzęcka E., Hawliczek A., Gawroński P., **Pawełkowicz** M., Tofil K. Bolibok-Brażgoszewska H. (2019). Biblioteka BAC i technologia Oxford Nanopore w poszukiwaniu genów warunkujących istotne użytkowo cechy żyta. XIV Ogólnopolska Konferencja Naukowa Nauka dla Hodowli i Nasiennictwa roślin uprawnych Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin 285, 41-42; 5- 8.02.2019, Zakopane, Polska
9. Siedlecka E., Skarzyńska A., Majewska A., Gałądyk A., Wojcieszek M., **Pawełkowicz** M., Płader W., Przybecki Z., (2019), Gen *CsWIP1* o doemnie palca cynkowego *Cys_c/His₂* w zmutowanej linii ogórka 2gg o recesywnym *locus gygy*. XIV Ogólnopolska Konferencja Naukowa Nauka dla Hodowli i Nasiennictwa roślin uprawnych; Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin 285, 167-168; 5- 8.02.2019, Zakopane, Polska
10. Siedlecka Ewa, Majewska Alicja, Wojcieszek Michał, **Pawełkowicz** Magdalena, Skarzyńska Agnieszka, Przybecki Zbigniew: *CsWIP2* transcription gene revealed differences between B10 "Borszczagowski" line and recessive gynocious mutant 2gg in cucumber. 8th CASEE Conference 2017 :Sustainable development in Europe -cooperation between science and practice - What's the position of Central and South Easter Europe? Wydawnictwo SGGW, ISBN 978-83-7583-738-4, ss. 65, 14-16.05.2017, Warszawa, Polska

Wygłaszane referaty na zaproszenie w języku angielskim

1. Seminarium w Max-Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Potsdam, Niemczech.- „Studies of sex determination in plants on the example of cucumber” 16.09.2004
2. Seminarium w Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) Gatersleben w Niemczech.- „Sex determination in plants” 18.06.2013
3. Seminarium w Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) Gatersleben w Niemczech.- „Mutants of cucumber obtained by different techniques of variability generation” 20.02.2015
4. Seminarium Panel Meeting of Europe 2020 wygłoszone w SGGW – “The use of GC-MS profiling of metabolites in the acquisition of raw vegetable materials” 27.11.2015

Wygłaszane referaty na zaproszenie w języku polskim

1. Seminarium w Katedrze Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin, SGGW – „Sprawozdanie z pobytu w Max Planck Institute für Molekulare Pflanzen Physiologie w Gölml” - 24.05.2005
2. Seminarium w Katedrze Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin, SGGW – „Technika LCM (Laser Capture Microdissection) i jej zastosowanie” - 20.04.2007
3. Seminarium w Katedrze Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin, SGGW – „Charakterystyka sekwencji genomowych i transkryptomowych powiązanych z morfogenezą pąków kwiatowych ogórka” - 21.05.2010
4. Seminarium w Katedrze Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin, SGGW – „Genomika funkcjonalna i strukturalna genów w powiązaniu” - 1.04.2011
5. Seminarium w Zakładzie Sztucznej Inteligencji, Instytut Systemów Elektronicznych Politechnika Warszawska – „Genomy jak poznać ich strukturę?” – 15.12.2011
6. Seminarium w Katedrze Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin, SGGW – „Negatywne regulatory przekazu kwasu ABA w powiązaniu z morfogenezą kwiatów ogórka” - 09.03.2012
7. Seminarium w Katedrze Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin, SGGW – „Profile metaboliczne powiązane z płcią u ogórka” 19.06.2015
8. Seminarium w Katedrze Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin, SGGW – „Transkryptomika porównawcza powiązana z morfogenezą kwiatów ogórka” 13.05.16

II.8. Informacja o udziale w komitetach organizacyjnych i naukowych konferencji krajowych lub międzynarodowych, z podaniem pełnionej funkcji.

Przed uzyskaniem stopnia doktora

Brak

Po uzyskaniu stopnia doktora

1. Organizacja II Polskiego Kongresu Genetyki 18 – 20.09.2007 – pełniona funkcja: sekretarz kongresu
2. Współorganizator Szkoły Letniej „Genomics for Plant Breeding and Biotechnology” w ramach sieci Euroleague for Life Sciences (ELLS). 19-25 sierpnia 2018 - - brałam udział w komisji kwalifikującej kandydatów, organizacji szkoły oraz prowadziłam wykłady – „Introduction to structural and functional genomics”, „ NGS methods” oraz prowadziłam warsztaty „Bioinformatic excerscises, adnotationa and prediction” oraz współprowadziłam ćwiczenia „ BAC library, screening, application”.

3. Organizacja konferencji "Genetyka Aplikacyjna Roślin – wyzwania XXI wieku" 22 – 24.09.2021
– pełniona funkcja: członek komitetu naukowego

II.9. Informacja o uczestnictwie w pracach zespołów badawczych realizujących projekty finansowane w drodze konkursów krajowych lub zagranicznych, z podziałem na projekty zrealizowane i będące w toku realizacji, oraz z uwzględnieniem informacji o pełnionej funkcji w ramach prac zespołów.

Projekty międzynarodowe

1. European Plant Phenotyping Network: Identification of metabolic parameters related to flower sex expression in cucumber plants. 7th Framework Program UE; 2012 – 2015 r.
kierownik projektu

Projekty krajowe

MNiSW – Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego

NCN – Narodowe Centrum Nauki

NCBiR – Narodowe Centrum Badań i Rozwoju

KBN – Komitet Badań Naukowych

2. Projekt NCN OPUS 2020/37/B/NZ9/00586: Integracja danych multi-omicznych ogórka w celu identyfikacji mechanizmów determinacji płci i ich uwarunkowań klimatycznych. 2020 – 2025 r.
kierownik projektu
3. Projekt NCN OPUS 2011/01/B/NZ2/01631: Analiza transkryptomów w rozwiązaniu zagadnienia determinacji płci roślin. 2011 – 2014 r.
kierownik projektu
4. Projekt nr MNiSW, N N302 3633 33: Analiza ekspresji genów zaangażowanych w rozwój płci kwiatów ogórka (*Cucumis sativus* L.). 2007-2011 r.
kierownik projektu
5. Projekt NCN OPUS 2013/11/B/NZ9/00814 Genomiczne i transkryptomiczne konsekwencje różnych metod generowania zmienności u ogórka. 2014 – 2017 r. **wykonawca**
6. Projekt NCBiR zad4 UDA-POKL-04.03.00-00-042/12-00: Wykorzystania techniki GC-MS profilowania metabolitów w ocenie surowców roślinnych NCBiR zad4. 2014 – 2015 r.
wykonawca
7. Projekt MNiSW nr N N302 429734: Podstawy metodyczne transformacji ogórka (*Cucumis sativus* L.) wysokocząsteczkowym DNA. 2008 – 2013 r.
wykonawca
8. Projekt NCN OPUS 2011/03/B/NZ2/02480 Eksploracja regionów bogatych w geny u gatunku o dużym genomie (*Secale cereale* L.) z wykorzystaniem markerów DaRT. 2012 – 2015 r.
wykonawca
9. Projekt MNiSW (kończony w NCN) nr N N302083139: Rekonstrukcja molekularnej mapy genomu ogórka. 2010 – 2013 r.
wykonawca
10. Projekt MNiSW nr N N302 429 734 MNiSW: Podstawy metodyczne transformacji ogórka (*Cucumis sativus* L.) wysokocząsteczkowym DNA. 2007 – 2013 r.
wykonawca
11. Projekt MNiSW nr PB2-MNiSW-2/3/2006/36; Konstrukcja fizycznej STC genomu ogórka i jej użycie do izolacji regionu CSMS3_G_Gy zawierającej gen płci Gy3. 2007-2010 r.
wykonawca

12. Projekt KBN nr 2P06A02328; Konstrukcja mapy transkryptomu genów różnicujących linie izogeniczne ogórka różniące się płcią. 2005 – 2008 r.
wykonawca
13. Projekt KBN grant promotorski nr 3P06A 012 23; Analiza porównawcza produktów ekspresji genów w pakach kwiatowych ogórka. 2002-2004 r.
wykonawca
14. Projekt KBN nr 029/PO6/0.7; Analiza molekularna różnic genomowych ogórka o odmiennej płci. 2001-2004 r.
wykonawca
15. Projekt KBN nr 5P06A 001 17; Izolacja klonów cDNA kosegregujących z płcią u ogórka (*Cucumis sativus* L.). 1999 – 2002 r.
wykonawca

II.10 Członkostwo w międzynarodowych lub krajowych organizacjach i towarzystwach naukowych wraz z informacją o pełnionych funkcjach.

1. Od roku 2000 – obecnie - członek Polskiego Towarzystwa Genetycznego
2. 11.2005 – 11.2007 - członek Zarząd Polskiego Towarzystwa Genetycznego – pełniona funkcja sekretarz
3. 2009 – 2020 – członek Konsorcjum Sekwencjonowania Genomu Ogórka – Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin SGGW, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, W. Legutko Przedsiębiorstwo Hodowlano-Nasienne Sp. z o.o, Center for Bioinformatics and Computational Genomics, Joint Wallace H. Coulter Georgia Tech and Emory Department of Biomedical Engineering, School of Computational Science and Engineering, Georgia Institute of Technology, Atlanta, Georgia, United States of America, Department of Living Design and Information Science, Faculty of Human Development, Hiroshima Jogakuin University, Higashiku, Japan; Department of Plant Science, Tokai University, Minamiaso-mura, Kumamoto, Japan
4. 2006 - 2009 - członek Sieci Naukowej „Genomika i transgeneza roślin użytkowych”- Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin Państwowy Instytut Badawczy (IHAR-BIP), Instytut Genetyki Roślin PAN (IGR PAN), Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Instytut Warzywnictwa, Instytut Fizjologii Roślin PAN im. Franciszka Górskiego, Wydział Ogrodnictwa i Architektury Krajobrazu SGGW w Warszawie, Wydział Kształtowania Środowiska i Rolnictwa Zachodniopomorskiego Uniwersytetu technologicznego w Szczecinie, Wydział Rolniczo-Ekonomiczny Akademii Rolniczej w Krakowie, Wydział Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biotechnologii Uniwersytetu Wrocławskiego, Wydział Nauk o Zdrowiu Akademii Polonijnej w Częstochowie

II.11. Informacja o odbytych stażach w instytucjach naukowych lub artystycznych, w tym zagranicznych, z podaniem miejsca, terminu, czasu trwania stażu i jego charakteru.

1. Staż naukowy w Max-Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Potsdam, Niemcy.- 1 miesiąc: 01.09.2004 – 30.09.2004; - współpraca dotyczyła analizy danych transkryptomicznych, analiz qRT-PCR i analiz microarray oraz analiz bioinformatycznych
2. Staż zagraniczny w Department of Genomics of Gene Expression, Institute of Computational Medicine, Centro de Investigaciones Principe Felipe, Walencja, Hiszpania - dwa tygodnie: 01.03.2013 – 15.03.2013; - współpraca dotyczyła analizy danych bioinformatycznych DNA-seq i RNA-seq.
3. Staż zagraniczny w Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) Gatersleben; Niemcy – 1 miesiąc: 01.06.2013 – 30.06.2013 - współpraca dotyczyła analizy profili metabolicznych, w ramach projektu EPPN.
4. Staż naukowy w Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) Gatersleben; Niemcy – 3 miesiące: 05.01.2015 – 31.03.2015- współpraca dotyczyła analizy danych NGS oraz danych metabolomicznych, w ramach projektu POKL – SGGW, NCBIr

II.12. Członkostwo w komitetach redakcyjnych i radach naukowych czasopism wraz z informacją o pełnionych funkcjach

Członek komitetu redakcyjnego kwartalnika Biotechnologia poświęconemu sekwencjonowaniu genomów 2010, 4 (91) – 7 -155.

II.13. Informacja o recenzowanych pracach naukowych lub artystycznych, w szczególności publikowanych w czasopismach międzynarodowych.

W sumie wykonałam 106 recenzji prac naukowych publikowanych w czasopismach znajdujących się w bazie Journal Citation Reports i posiadających IF:

1. Acta Physiologiae Plantarum (IF= 2.354) - 2 (2021); 1 (2006);
2. Agricultural Science (IF= 0.82) - 1 (2020); 2 (2019); 3 (2018);
3. Agronomy (IF=3.417) - 2 (2020);
4. Bio catalysis and Agricultural Biotechnology (IF=0.70) - 1 (2021);
5. BMC Genomics (IF=3.969) - 2 (2021); 3 (2020);
6. BMC Plant Biology (IF=4.215) - 2 (2021);
7. BMC Medical Genomics (IF=3.063) - 1 (2015);
8. Communications Biology (IF=6.268) - 3 (2020);
9. European Journal of Horticultural Science (IF=1.482) - 1 (2021); 3 (2020); 1 (2019); 2 (2017);
10. Folia Horticulturae (IF=1.873) - 2 (2019);
11. Forests (IF=2.634) - 2 (2021);
12. Frontiers Plant Science (IF=5.754) -1 (2019);
13. Gene (IF=3.688) - 2 (2021);
14. Genes (IF=4.096) - 1 (2018);
15. Horticulture Research (IF=6.793) - 1 (2019);
16. Industrial Crops and Products (IF=5.645) - 1 (2021); 3 (2020);
17. International Journal of Molecular Science (IF=5.924) - 2 (2022); 2 (2020); 1 (2018); 1 (2017);

18. Journal of Applied Genetics (IF=3.240) - 1 (2007);
19. Journal of Plant Growth Regulation (IF=4.169) -1 (2020); 1 (2019);
20. Molecular Biology Reports (IF=2.316) -2 (2021); 2 (2020); 1 (2019);
21. Molecules (IF=4.412) - 3 (2018); 1 (2017);
22. PeerJ (IF=2.984) - 1 (2021); 2 (2020); 1 (2019);
23. Physiology and Molecular Biology of Plants (IF=2.391) - 4 (2020); 1 (2019); 1 (2018); 1 (2017);
24. Phytochemistry (IF=4.072) - 3 (2020);
25. Plants (IF=3.935) – 4 (2022); 9 (2021); 1 (2020);
26. Plant Science (IF=4.729) - 2 (2020);
27. Plos One (IF=3.240) - 1 (2021); 3 (2020); 1 (2017);
28. Scientific reports (IF=4.380) - 1 (2021); 3 (2020);
29. Scientific Research Publishing (IF=0.445) -1 (2018);
30. Theoretical and Applied Genetics (IF=5.699) - 2 (2021); 1 (2019);

II.14. Informacja o uczestnictwie w programach europejskich lub innych programach międzynarodowych.

05.10.2012 - 30.04.2015 - Brałam udział w programie europejskim EPPN – European Plant Phenotyping Network w ramach siódmego programu ramowego Wspólnoty Europejskiej (7PR-UE) w ramach tego programu realizowałam projekt: „Identification of metabolic parameters related to flower sex expression in cucumber plants”, który przeprowadziłam będąc na stażu w Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) Gatersleben, Niemcy

II.15. Informacja o udziale w zespołach badawczych, realizujących projekty inne niż określone w pkt. II.9.

1. Projekt wewnętrzny SGGW – grant rektorski – Identyfikacja sekwencji różnicujących linii NIL ogórka o odmiennej płci. 2004 - 2005 r. – **kierownik** projektu
2. Projekt wewnętrzny SGGW – grant rektorski – Uruchomienie i przetestowanie system profilowania ekspresji genów GenEST. 2002 - 2004 r. – **kierownik** projektu
3. Projekt wewnętrzny SGGW – grant dziekański – Izolacja klonów różnicowych cDNA kosegregujących z płcią u ogórka - 2001 – 2004 r. – **główny wykonawca**

II.16. Informacja o uczestnictwie w zespołach oceniających wnioski o finansowanie badań, wnioski o przyznanie nagród naukowych, wnioski w innych konkursach mających charakter naukowy lub dydaktyczny.

W latach 2011 – 2012 byłam powołana do zespołu oceniającego wnioski naukowe w ramach grantów uczelnianych SGGW

III. INFORMACJA O WSPÓŁPRACY Z OTOCZENIEM SPOŁECZNYM I GOSPODARCZYM

III.1. Wykaz dorobku technologicznego.

Brak

III.2. Informacja o współpracy z sektorem gospodarczym.

1. 2012 - 2018 – współpraca z Centrum Genomicznym Uniwersytetu McGill w Kanadzie dotycząca analiz wysokoprzepustowych danych po sekwencjonowaniu genomów i transkryptomów
2. 2015 –2016 współpraca z firmą Ideas4biology w zakresie badań bioinformatycznych dotyczących analiz strukturalnych i funkcjonalnych danych po sekwencjonowaniu
3. 2013 - 2016 Współpraca z Fundacją Pelikan w ramach programu- "dajemy dzieciom siłę" – organizowałam spotkania naukowe dla licealistów
4. 2007 – współpraca z Instytutem Badawczym Leśnictwa w Sękocinie Starym i prowadzenie warsztatów naukowych nt. Techniki stosowane w biologii molekularnej zorganizowanym przez władze kierunku Biotechnologia SGGW
5. 2020 – 2021 r. Współpraca z firmami i instytutami Naukowymi (w sumie 24 instytucje) jako Prodziekan kierunku Biotechnologia w ramach wzmocnienia i rozwoju potencjału dydaktycznego uczelni, przygotowanie katalogu kluczowych pracodawców dla kierunków studiów Biotechnologia i Biologia

III.3. Uzyskane prawa własności przemysłowej, w tym uzyskane patenty, krajowe lub międzynarodowe.

Brak

III.4. Informacja o wdrożonych technologiach.

Brak

III.5. Informacja o wykonanych ekspertyzach lub innych opracowaniach wykonanych na zamówienie instytucji publicznych lub przedsiębiorców.

Brak

III.6. Informacja o udziale w zespołach eksperckich lub konkursowych.

Brak

III.7. Informacja o projektach artystycznych realizowanych ze środowiskami pozaartystycznymi.

Brak

IV. INFORMACJE NAUKOMETRYCZNE

IV.1. Informacja o punktacji Impact Factor (w dziedzinach i dyscyplinach, w których parametr ten jest powszechnie używany jako wskaźnik naukometryczny).

Sumaryczny IF: 90.034

IV.2. Informacja o liczbie cytowań publikacji wnioskodawcy, z oddzielnym uwzględnieniem autocytowań.

Liczba cytowań – 419; bez autocytowań – 340

Stan na dzień 01.05.2022 według Web of Science Core Collection

IV.3. Informacja o posiadanym indeksie Hirscha.

H=10 (stan na dzień 01.05.2022) według Web of Science Core Collection

IV.4. Informacja o liczbie punktów MNiSW

Sumaryczna liczba punktów MNiSW: 2740 pkt

Magdalena Pawłtwar