

Katowice, dn. 05.01.2023

dr hab. Damian Gruszka, prof. UŚ
Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska
Wydział Nauk Przyrodniczych
Uniwersytet Śląski
40-032 Katowice
Jagiellońska 28
Tel.: (32) 2009 – 482
e-mail: damian.gruszka@us.edu.pl

Recenzja osiągnięcia naukowego oraz istotnej aktywności naukowej w postępowaniu w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego Pani dr Magdalenie Pawełkowicz

Podstawa formalna: niniejszą recenzję sporządzono na podstawie Uchwały nr 10/HAB/11/2022/710000 Rady Dyscypliny Nauki Biologiczne Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie z dnia 10.11.2022 r. dotyczącej powołania Komisji Habilitacyjnej w postępowaniu w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne Pani dr Magdalenie Pawełkowicz. Wspomniana wyżej uchwała zawiera wykaz stosownych aktów prawnych oraz przepisów.

Do oceny przedłożono zestaw dokumentów zawierających wnioski o przeprowadzenie postępowania oraz 7 załączników, wśród nich m. in. autoreferat, wykaz osiągnięć naukowych oraz publikacje wchodzące w skład osiągnięcia.

1. Ocena osiągnięcia naukowego

1a. Ocena wartości parametrów bibliometrycznych publikacji wchodzących w skład osiągnięcia naukowego

W skład przedłożonego do oceny osiągnięcia naukowego pt. „*Charakterystyka zmienności genetycznej wybranych linii ogórka z zastosowaniem technik omicznych*” wchodzi cykl 7 wieloautorskich artykułów naukowych, którym w autoreferacie przypisano numerację H1-H7. Wśród artykułów wchodzących w skład osiągnięcia naukowego znajdują się dwie publikacje przeglądowe (H1 - Pawełkowicz et al. 2016, *Plant Science* oraz H2 - Pawełkowicz et al. 2019, *Molecular Breeding*), pozostałe artykuły to publikacje oryginalne. Należy odnotować, że tematyka artykułów naukowych, które wchodzi w skład osiągnięcia jest spójna, a aspekty w nich omawiane są ze sobą ściśle powiązane. Habilitantka ma status pierwszego autora i/lub autora korespondującego sześciu z tych publikacji, co wskazuje na jej wiodącą rolę w procesie przygotowywania tych artykułów naukowych. Publikacje te ukazały się w latach 2016 – 2022 w czasopismach *Plant Science*, *Molecular Breeding*, *Plant Reproduction*, *Molecular Genetics and Genomics*, *Genes*, *Plant Cell, Tissue and Organ Culture* oraz *International Journal of Molecular Sciences*. Czasopisma, w których opublikowane zostały te artykuły naukowe znajdują się na liście Journal Citation Reports (JCR), a wartości współczynnika *Impact factor* (IF) tych czasopism w latach publikacji tych artykułów wynosiły od 2,149 do 5,923. Łączna wartość współczynnika IF artykułów wchodzących w skład

osiągnięcia naukowego wynosi 25,56. W mojej opinii taką łączną wartość współczynnika IF należy uznać za wynik bardzo dobry, biorąc pod uwagę liczbę publikacji oraz dyscyplinę naukową. Łączna liczba punktów przypisanych przez Ministerstwo Edukacji i Nauki (lista MEiN z roku 2021) dla tych publikacji wynosi 710, co również zasługuje na dobrą ocenę. Publikacje wchodzące w skład osiągnięcia zacytowane zostały jak dotąd 83 razy (w autoreferacie nie wskazano, czy liczba cytowań artykułów wchodzących w skład osiągnięcia naukowego obejmuje autocytywania). Niemniej, w mojej opinii taką liczbę cytowań należy uznać za wynik satysfakcjonujący, biorąc pod uwagę liczbę artykułów oraz lata ich publikacji. Generalnie, wartości parametrów bibliometrycznych osiągnięcia naukowego oceniam bardzo pozytywnie.

1b. Ocena merytoryczna publikacji wchodzących w skład osiągnięcia naukowego

W pierwszej z publikacji wchodzących w skład osiągnięcia naukowego, **H1 – Pawelkiewicz et al. 2016, Plant Science** Habilitantka wraz ze współautorami dokonali charakterystyki nowoczesnych metod sekwencjonowania NGS (*Next Generation Sequencing*) oraz możliwości ich wykorzystania w mapowaniu genomów oraz badaniu profilu ekspresji genów u ogórka (*Cucumis sativus* L.) oraz innych przedstawicieli rodziny *Cucurbitaceae*. Ten artykuł przeglądowy stanowi interesujące opracowanie na temat zastosowania metod NGS w badaniach z zakresu genomiki strukturalnej i funkcjonalnej oraz transkryptomiki. W tej publikacji przedstawiono również wykorzystanie strategii TILLING (*Targeting Induced Local Lesions in Genomes*) w celu identyfikacji nowych wariantów genów oraz opisano postępy w badaniach zmierzających do charakterystyki genomów chloroplastowych i mitochondrialnych u tych gatunków roślin uprawnych. W tym artykule omówiono również możliwości wykorzystania tych metod genetyki molekularnej i genomiki w celu lepszego poznania mechanizmów kontrolujących cechy fenotypowe oraz procesy fizjologiczne, które mają kluczowe znaczenie dla rozwoju roślin tych gatunków uprawnych oraz ich produktywności. W tej publikacji odniesiono się również do wyników badań z zastosowaniem metody BAC-FISH, uzyskanych w zespole, w którym pracuje Habilitantka, które mogą być użyte w analizie cytogenetycznej oraz klonowaniu pozycyjnym genów. W tym artykule szeroko omówiono również zastosowanie metod NGS do profilowania transkryptomów w różnych tkankach roślin ogórka, w tym również określania poziomów akumulacji mikroRNA. Uzyskane w takich badaniach dane mogą służyć do wyjaśnienia mechanizmów regulujących różne procesy rozwojowe u tego gatunku oraz pokrewnych gatunków uprawnych.

Kolejnym aspektem biologii roślin ogórka, któremu poświęcono publikacje wchodzące w skład tego osiągnięcia naukowego, jest rozwój generatywny oraz determinacja płci, z uwagi na fakt, że mają one kluczowe znaczenie dla produktywności roślin. Należy zwrócić uwagę, że jak dotąd mechanizmy regulujące rozwój generatywny i determinujące płć roślin ogórka nie zostały w pełni poznane, stąd konieczność usystematyzowania zgromadzonej dotychczas wiedzy oraz określenia celów kolejnych badań w tym zakresie. W kolejnym artykule przeglądowym **Pawelkiewicz et al. 2019, Molecular Breeding**, wchodzącym w skład osiągnięcia naukowego (**H2**), Habilitantka wraz ze współautorami dokonali kompilacji wiedzy zgromadzonej na temat tych zagadnień, w tym również pochodzącej z badań własnych, a także zaproponowali model mechanizmu determinującego płć u roślin ogórka. Publikacja zawiera

ponadto charakterystykę genetycznych, epigenetycznych, hormonalnych oraz środowiskowych czynników wpływających na określenie płci roślin, ze szczególnym uwzględnieniem ogórka, jako gatunku modelowego. W artykule dokonano również charakterystyki genów zaangażowanych w rozwój generatywny i determinację płci, które zostały zidentyfikowane na podstawie określenia profilu ich ekspresji w organach generatywnych. Przedstawiono również rolę mikroRNA w regulacji rozwoju generatywnego roślin ogórka. Zaproponowany model obejmuje przewidywane interakcje genów związanych z biosyntezą i sygnalizacją etyleny oraz mechanizmy regulacji ich działania przez inne fitohormony (auksynę, brasinosteroidy, giberelinę oraz kwas abscysynowy), a także czynniki środowiskowe (niską temperaturę). Ten artykuł przeglądowy stanowi wartościowe zestawienie zgromadzonej wiedzy z tego zakresu, proponuje model interakcji genowych wpływających na determinację płci i rozwój generatywny roślin, a także sugeruje zastosowanie innych metod badawczych w celu lepszego poznania tych zagadnień biologii roślin.

W kolejnej publikacji wchodzącej w skład osiągnięcia naukowego, artykule oryginalnym **Pawelkiewicz et al. 2019, Plant Reproduction (H3)** Habilitantka wraz ze współautorami opisali wyniki eksperymentu profilowania transkryptomów pochodzących z liści i stożków wzrostu wraz z rozwijającymi się pąkami kwiatowymi sześciu linii ogórka o różnej płci: męskiej (linie B10 i 859), żeńskiej (2gg i Gy3) oraz linii hermafrodytycznych (2667 i Hgy3). W trakcie prowadzonych badań stworzono transkryptom referencyjny, a następnie zmapowano do niego odczyty uzyskane w sekwencjonowaniu. W wyniku przeprowadzonych procedur anotowano 25628 genów. Następnie dokonano analiz porównawczych transkryptomów pochodzących z tkanek wegetatywnych (liści) oraz generatywnych (stożki wzrostu wraz z rozwijającymi się pąkami kwiatowymi) w celu identyfikacji genów ulegających zróżnicowanej ekspresji między tymi tkankami. Na podstawie tych analiz porównawczych wytypowano 2852 genów ulegających zróżnicowanej ekspresji oraz stwierdzono, że 1919 genów wykazało zwiększoną ekspresję w liściach, natomiast 29 genów nie ulegało ekspresji w stożkach wzrostu. Jednocześnie ekspresja 933 genów była wyższa w stożkach wzrostu w porównaniu do liści, z czego 150 genów ulegało specyficznej ekspresji tylko w stożkach wzrostu. Analiza ontologii genów o zróżnicowanej ekspresji wykazała, że są one związane głównie z procesami metabolicznymi, komórkowymi oraz reakcją roślin na czynniki środowiskowe. Do dalszych analiz wybrano wyżej wspomniane 933 geny, które wykazały podwyższoną ekspresję w stożkach wzrostu w porównaniu do liści. W analizach porównawczych transkryptomów specyficznych dla linii żeńskich, męskich i hermafrodytycznych wskazano 310 genów o zróżnicowanej ekspresji. Geny te są zaangażowane głównie w komórkowe procesy metaboliczne związków azotu, a także procesy kataboliczne i metabolizm węglowodanów. Warto zauważyć, że funkcje tych genów są również związane z rozwojem i budową anatomiczną kwiatów. Dodatkowo, w ramach opisanych w tej publikacji badań dokonano przewidywania interakcji między białkami kodowanymi przez geny wykazujące zróżnicowaną ekspresję. Warto zauważyć, że tego typu analizy nie były uprzednio prowadzone w zakresie mechanizmów determinacji płci u roślin ogórka, co wskazuje na oryginalność zastosowanego podejścia. Przeprowadzone analizy bioinformatyczne pozwoliły na określenie modelu przewidywanych interakcji między białkami, co może stanowić istotny wkład w lepsze poznanie mechanizmów regulujących rozwój generatywny roślin ogórka i gatunków pokrewnych.

W kolejnej publikacji wchodzącej w skład osiągnięcia naukowego, artykule oryginalnym **Osipowski et al. 2020, Molecular Genetics and Genomics (H4)**, Habilitantka wraz ze współautorami przedstawili wyniki analiz zmierzających do ustalenia najbardziej zaawansowanej wersji genomu ogórka, w którym wykorzystano jednocześnie dane pochodzące z dwuetapowego sekwencjonowania długich odczytów (PacBio) oraz dane pochodzące z sekwencjonowania krótkich odczytów (Illumina), które użyto w celu korekty błędów sekwencjonowania, które występują w odczytach po zastosowaniu technologii PacBio. Przeprowadzone eksperymenty, które cechowały się zastosowaniem zaawansowanych metod bioinformatycznych, pozwoliły na opracowanie złożonej wersji genomu referencyjnego, która została wykorzystana w dalszych etapach badań zmierzających do anotacji strukturalnej z wykorzystaniem profili transkrypcyjnych pochodzących z różnych organów roślin ogórka. Dodatkowo, kolejne analizy opisane w tej publikacji pozwoliły na charakterystykę dynamiki zmian genomu linii referencyjnej B10 ogórka, polegającą na określeniu typów, lokalizacji i częstości mutacji zidentyfikowanych w opracowanym genomie referencyjnym oraz odczytach sekwencji pochodzących z trzech roślin odległych od siebie o 21-22 pokolenia. Wyniki przeprowadzonych analiz wskazały, że poziom dynamiki zmian genomu jest niski. Zastosowane przez Autorów oryginalne podejście zmierzające do określenia dynamiki zmian genomu, określanej również jako ewolucja w czasie rzeczywistym, a także uzyskane dzięki tej strategii wyniki uważam za bardzo interesujące. Opracowana wersja genomu ogórka może również stanowić bardzo istotny wkład w dalsze badania z zakresu genomiki strukturalnej, funkcjonalnej oraz transkryptomiki u ogórka oraz pokrewnych gatunków uprawnych.

W kolejnym artykule oryginalnym, wchodzącym w skład osiągnięcia naukowego, **Pawełkiewicz et al. 2020, Genes (H5)**, Habilitantka wraz ze współautorami opisali wyniki badań, których celem było określenie zmian wywołanych w transkryptomie owoców ogórka w wyniku transformacji genetycznej roślin konstruktem zawierającym gen kodujący taumatynę u trzech linii transgenicznym (212, 224 i 225) w porównaniu do linii kontrolnej (B10). Przeprowadzone analizy umożliwiły identyfikację grup genów ulegających zróżnicowanej ekspresji w każdej z badanych linii transgenicznym w odniesieniu do linii kontrolnej. Stwierdzono, że geny ulegające zróżnicowanej ekspresji są związane m. in. z metabolizmem lipidów, reakcją roślin na patogeny, a także procesami związanymi z odpowiedzią roślin na światło i fitohormony. W wyniku przeprowadzonych analiz zidentyfikowano również mikroRNA ulegające zróżnicowanej ekspresji w każdej z badanych linii transgenicznym. Ta publikacja opisuje również analizy bioinformatyczne sekwencji promotorów genów wykazujących zróżnicowaną ekspresję w badanych liniach transgenicznym. Przeprowadzone przez Habilitantkę i współautorów analizy wykazały, że większość sekwencji promotorów zawierała motywy związane m. in. z reakcją roślin na światło, zmiany metaboliczne oraz fitohormony, a także stesy biotyczne i abiotyczne. W mojej ocenie jednym z istotnych wniosków płynących z analiz opisanych w tej publikacji jest stwierdzenie, że integracja transgeny może wpływać na epigenom roślin poprzez zmiany w profilu akumulacji mikroRNA, jednak efekty tych zmian mogą być niewielkie i zależne od funkcji docelowych cząsteczek mRNA.

W kolejnej publikacji oryginalnej, wchodzącej w skład osiągnięcia naukowego, **Pawełkiewicz et al. 2021, Plant Cell, Tissue and Organ Culture (H6)** Habilitantka wraz ze współautorami przedstawili opis badań nad zmiennością somaklonalną występującą podczas

regeneracji roślin ogórka w warunkach kultury *in vitro* i stanowiącą źródło zmienności genetycznej. Warto zaznaczyć, że mechanizmy molekularne leżące u podstaw tego zjawiska są wciąż słabo poznane i ze względu na istotność tego zagadnienia wymagają dalszych badań. Eksperymenty przeprowadzono na trzech liniach somaklonalnych S1, S2 i S3 ogórka o tym samym tle genetycznym oraz linii kontrolnej B10, u których dokonano analiz transkryptomu owoców. U badanych linii somaklonalnych S1, S2 i S3 zidentyfikowano odpowiednio 418, 364 i 278 genów o zróżnicowanej ekspresji, przy czym u każdej z linii zidentyfikowano zarówno geny wykazujące obniżoną ekspresję względem linii kontrolnej B10, jak i geny o zwiększonej ekspresji w porównaniu do tej linii. Podobnie jak w przypadku eksperymentów opisanych w poprzednich publikacjach Habilitantka wraz ze współautorami przeprowadzili analizy bioinformatyczne mające na celu określenie funkcji i ontologii genów oraz identyfikacji procesów komórkowych, w które zaangażowane są geny ulegające zróżnicowanej ekspresji. Stwierdzono, że geny ulegające zróżnicowanej ekspresji kodują białka zaangażowane m. in. w metabolizm cukrów oraz lipidów. Co ciekawe, zidentyfikowano trzy geny wykazujące zmieniony profil ekspresji w każdej z badanych linii somaklonalnych, jednak funkcja dwóch z tych genów nie została do tej pory wyjaśniona. W ramach przeprowadzonych badań przeanalizowano również występowanie zmian (polimorfizmów) nukleotydowych w obrębie genów ulegających zróżnicowanej ekspresji oraz ich sekwencji promotorowych. W każdej z badanych linii Autorzy zidentyfikowali grupy genów zawierających zmiany nukleotydowe. Co ciekawe, poszczególne linie różniły się znacząco, jeśli chodzi o liczbę genów ze zidentyfikowanymi polimorfizmami, a szczególnie co do liczby wykrytych polimorfizmów, odpowiednio 277, 156 i 1148 dla linii S1, S2 i S3. Podobnie jak w poprzednio opisanych publikacjach w tych badaniach przeprowadzono analizy bioinformatyczne w celu przewidywania interakcji między białkami kodowanymi przez geny o zróżnicowanej ekspresji oraz zawierające zidentyfikowane polimorfizmy nukleotydów. Dla poszczególnych linii somaklonalnych opracowano specyficzne modele przewidywanych interakcji białkowych. W mojej ocenie przeprowadzone przez Habilitantkę i współpracowników badania doprowadziły do sformułowania kilku ciekawych wniosków, rzucających nowe światło na zjawisko zmienności somaklonalnej. Stwierdzono, m. in. że zmiany w fenotypie linii somaklonalnych mogą być spowodowane zróżnicowaną ekspresją genów o różnej funkcji, które w swoich sekwencjach promotorowych zawierają motywy związane z reakcją roślin na światło oraz fitohormony, ze szczególnym uwzględnieniem jasmonianu metylu oraz kwasu abscysynowego.

W ostatniej z publikacji wchodzących w skład osiągnięcia naukowego, **Pawelkiewicz et al. 2022, International Journal of Molecular Sciences (H7)**, Habilitantka wraz ze współautorami przedstawili wyniki eksperymentów, które stanowiły kontynuację badań nad zjawiskiem zmienności somaklonalnej. W tym eksperymencie szczególny nacisk położono na analizę profilu akumulacji mikroRNA w owocach linii somaklonalnych. Celem badań, w mojej opinii bardzo interesującym, była identyfikacja procesów komórkowych, które podlegają specyficznej, opartej o mikroRNA regulacji w liniach somaklonalnych w porównaniu do linii kontrolnej. Wytypowanie takich procesów pozwoliłoby na wskazanie molekularnych podstaw zmienności somaklonalnej, które pozostają słabo poznane. W wyniku przeprowadzonego eksperymentu sekwencjonowania mikrotranskryptomów owoców trzech wyżej wspomnianych linii somaklonalnych S1, S2 i S3 oraz linii kontrolnej B10 zidentyfikowano mikroRNA ulegające zróżnicowanej ekspresji między liniami somaklonalnymi a linią kontrolną. Warto

zauważyć, że oprócz mikroRNA występujących uprzednio w bazach danych, zidentyfikowano również nowe cząsteczki mikroRNA. Co ciekawe, zidentyfikowano cząsteczkę mikroRNA, która wykazała zwiększoną ekspresję we wszystkich badanych liniach somaklonalnych w porównaniu do linii kontrolnej. Dla każdej linii somaklonalnej zidentyfikowano również grupy docelowych mRNA o znacząco różnej liczebności w każdej z tych linii. Podobnie jak w przypadku poprzednio omówionych publikacji, w ramach eksperymentów przeprowadzono również analizy bioinformatyczne, które miały na celu przewidywanie interakcji między białkami kodowanymi przez mRNA docelowe dla mikroRNA ulegających zróżnicowanej ekspresji. Dla każdej z badanych linii somaklonalnych zaproponowano model interakcji białkowych. Podejście badawcze zastosowane w tych eksperymentach uważam za nowatorskie, a uzyskane wyniki za ciekawe i mogące przyczynić się do lepszego poznania molekularnych mechanizmów zjawiska zmienności somaklonalnej.

Podsumowując merytoryczną ocenę wyżej wspomnianych publikacji wchodzących w skład osiągnięcia naukowego stwierdzam, że badania w nich opisane prowadzone były w oparciu o oryginalne podejścia, z zastosowaniem różnorodnych i zaawansowanych metod, ze szczególnym uwzględnieniem technik sekwencjonowania nowej generacji oraz analiz bioinformatycznych. Uzyskane wyniki stanowią istotny wkład w rozwój tego zakresu wiedzy biologicznej. Biorąc pod uwagę materiał prowadzonych badań, jakim jest gatunek uprawny, uzyskane wyniki mogą również przyczynić się do wyprowadzenia form cechujących się ulepszonymi parametrami plonowania w przyszłych programach hodowlanych.

2. Ocena pozostałego dorobku naukowego

Oprócz publikacji wchodzących w skład osiągnięcia naukowego Habilitantka zgromadziła znaczący dorobek obejmujący inne publikacje naukowe w czasopismach z listy JCR (2 publikacje przed uzyskaniem stopnia doktora oraz 16 publikacji po doktoracie). Łączna wartość współczynnika IF tych artykułów naukowych w latach ich publikacji wynosi 42,17, co w mojej ocenie należy uznać za wynik dobry, biorąc pod uwagę liczbę tych publikacji. Habilitantka ma również w swoim dorobku publikacje rozdziałów w monografiach naukowych – 1 rozdział w monografii opublikowany przed uzyskaniem stopnia doktora oraz 18 rozdziałów opublikowanych po doktoracie. Ponadto, Habilitantka jest współautorką 12 publikacji pokonferencyjnych. Wyniki prowadzonych przez Habilitantkę badań naukowych były prezentowane w formie 26 referatów w języku obcym oraz 1 referatu w języku polskim. Ten dorobek również uznaję za znaczący.

Na dużą aktywność naukową Habilitantki wskazuje również fakt, że pełniła rolę kierownika jednego projektu międzynarodowego realizowanego w ramach European Plant Phenotyping Network oraz dwóch projektów krajowych – jednego finansowanego ze środków Narodowego Centrum Nauki (projekt OPUS) oraz jednego finansowanego ze środków Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego. Obecnie Habilitantka pełni rolę kierownika projektu krajowego, finansowanego ze środków Narodowego Centrum Nauki (projekt OPUS). Ponadto, Habilitantka brała udział jako wykonawca w realizacji 11 krajowych projektów badawczych, finansowanych przez Narodowe Centrum Nauki, Narodowe Centrum Badań i Rozwoju, Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego oraz Komitet Badań Naukowych.

Podsumowując stwierdzam, że Habilitantka zgromadziła istotny, niewchodzący w skład osiągnięcia, dorobek obejmujący publikacje naukowe z listy JCR oraz publikacje rozdziałów w monografiach naukowych. Na podkreślenie zasługuje aktywność Habilitantki w pozyskiwaniu środków finansowych na badania naukowe.

3. Ocena aktywności naukowej realizowanej w więcej niż jednej uczelni lub instytucji naukowej, w szczególności zagranicznej.

W trakcie prowadzenia badań naukowych Habilitantka współpracowała z naukowcami reprezentującymi kilka zagranicznych oraz polskich instytucji naukowych. Współpraca z instytucjami zagranicznymi: Max-Planck Institute of Molecular Plant Physiology (Poczdám, Niemcy), Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (Gatersleben, Niemcy) oraz Institute of Computational Medicine, Department of Genomics of Gene Expression, Centro de Investigaciones Principe Felipe (Walencja, Hiszpania) miała formę krótkoterminowych staży naukowych, które odbyły się w latach 2004, 2013 oraz 2015. Warto zauważyć, że współpraca w ramach stażu naukowego w Max-Planck Institute of Molecular Plant Physiology zaowocowała udziałem Habilitantki w publikacji Urbańczyk-Wochniak et al. 2006, Plant Molecular Biology, a wiedza i umiejętności zdobyte podczas stażu zostały wykorzystane w trakcie ubiegania się o projekty naukowe. Zdobyta wiedza oraz wyniki eksperymentów realizowanych podczas staży naukowych w Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research oraz Institute of Computational Medicine, Department of Genomics of Gene Expression, Centro de Investigaciones Principe Felipe pozwoliły na realizację projektów naukowych oraz wnioskowanie o kolejne projekty.

Habilitantka prowadziła również współpracę z polskimi instytucjami naukowymi: Instytutem Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Państwowego Instytutu Badawczego w Młochowie, Zakładem Sztucznej Inteligencji Politechniki Warszawskiej oraz Międzynarodowym Instytutem Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie. W tym przypadku współpraca również przyniosła wymierne efekty w postaci współautorstwa publikacji m. in. w czasopismach Virus Research, Plant Pathology oraz Archives of Virology, a także publikacji artykułu Pawełkowicz et al. 2019, Plant Reproduction (H3), która wchodzi w skład osiągnięcia naukowego.

Podsumowując ocenę aktywności naukowej Habilitantki stwierdzam, że spełniła ona stawiane wymagania, a jej współpraca może być uważana za szeroką i efektywną.

Wniosek końcowy:

Biorąc pod uwagę wszystkie moje powyższe opinie i oceny dotyczące osiągnięcia naukowego Pani dr Magdaleny Pawełkowicz, jej pozostałego dorobku naukowego oraz aktywności naukowej realizowanej w więcej niż jednej uczelni lub instytucji naukowej, w szczególności zagranicznej, stwierdzam, że przedstawione do oceny osiągnięcia naukowe oraz całość dorobku spełnia wymagania ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2018 r. poz. 1668 z późniejszymi zmianami) w zakresie nadawania stopnia doktora habilitowanego i tym samym popieram wniosek Pani dr Magdaleny Pawełkowicz o nadanie stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, dyscyplinie nauki biologiczne.



dr hab. Damian Gruszka, prof. UŚ