



INSTYTUT HODOWLI I AKLIMATYZACJI ROŚLIN

– PAŃSTWOWY INSTYTUT BADAWCZY
RADZIKÓW, 05-870 BŁONIE
Oddział w Młochowie
05-831 Młochów, ul. Platanowa 19

tel. (22)7299248, fax:(22)7299247, email:mlochow@ihar.edu.pl, www.ihar.edu.pl
REGON 00007948000026, NIP 529-000-70-29, KRS 0000074008
Nr konta: 98 1240 6348 1111 0000 5117 6831

Młochów, 09.01.2023

Prof. dr hab. Jadwiga Śliwka
Zakład Genetyki i Materiałów
Wyjściowych Ziemiaka

Recenzja

**w postępowaniu o nadanie dr inż. Magdalenie Pawełkowicz stopnia doktora
habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki
biologiczne**

Pani dr inż. Magdalena Pawełkowicz ukończyła studia magisterskie na Wydziale Ogrodnictwa i Architektury Krajobrazu w Szkole Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, w 1999. Stopień doktora uzyskała w dziedzinie nauk rolniczych, w zakresie ogrodnictwa w roku 2004, również w Szkole Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie. Rozprawa doktorska przygotowana pod kierunkiem prof. dr hab. Zbigniewa Przybeckiego nosiła tytuł „Analiza porównawcza produktów ekspresji genów w pąkach kwiatowych ogórka *Cucumis sativus* L.”.

Ocena znaczenia osiągnięć naukowych dla rozwoju dyscypliny nauki biologiczne

Osiągnięciem naukowym przedłożonym przez dr inż. Pawełkowicz do oceny jest cykl siedmiu powiązanych tematycznie artykułów naukowych opublikowanych w latach 2016-2022. Są to prace wieloautorskie, liczba współautorów mieści się w zakresie od czterech do dziesięciu. Dwie prace to artykuły przeglądowe, pozostałe pięć to oryginalne artykuły opisujące prace eksperymentalne. Wszystkie prace łączy obiekt badań, ogórek *Cucumis sativus* L. Udział Kandydatki w powstaniu tych prac był duży i polegał na m.in.: tworzeniu koncepcji badań i

prac przeglądowych, przygotowaniu materiału roślinnego, wykonaniu prac laboratoryjnych (izolacja kwasów nukleinowych), analizie uzyskanych wyników (analizy bioinformatyczne w badaniach ekspresji genów i miRNA, adnotacji funkcjonalnej, klasyfikacji ontologicznej, badaniach sieci molekularnych) i przygotowaniu manuskryptów. Udziały współautorów zostały potwierdzone stosownymi oświadczeniami, nie oszacowano wielkości udziałów w %. Dr inż. Pawełkowicz jest pierwszą autorką sześciu spośród siedmiu prac wchodzących w skład osiągnięcia naukowego, a także w sześciu pracach pełni funkcję autorki korespondencyjnej, co świadczy o jej wiodącej roli w powstaniu tych prac.

W autoreferacie Kandydatki cele badań nie zostały jasno sformułowane. Celem badań przedstawionych jako osiągnięcie naukowe, było „... pozyskanie i zintegrowanie danych z wielu poziomów omicznych dla ogórka”. W mojej opinii sformułowanie to nie definiuje celu badań, czyli powodu, dla którego analizowano genom i transkryptomy ogórka, oraz integrowano uzyskane dane. Lepiej określono cele szczegółowe badań, takie jak: poznanie genów istotnych dla rozmnażania i determinacji płci ogórka, określenie „...wpływu hodowli kultur in-vitro i transgenezy na zmienność transkryptomów w owocach”, czy „...lepsze zrozumienie i kontrolę cech istotnych dla produktywności i jakości upraw.” W skład cyklu publikacji wchodzi:

H1 Pawełkowicz i in. 2016 Plant Science. Praca przeglądowa omawiająca szeroki wachlarz badań genetycznych ogórka, z uwzględnieniem m. in., sekwencjonowania genomów, sekwencjonowania nowej generacji transkryptomów i miRNA, tworzenia platform TILLinG oraz wykorzystaniu wyników tych badań do identyfikacji genów leżących u podłoża cech ogórka ważnych dla jego biologii i hodowli.

H2 Pawełkowicz i in. 2019 Molecular Breeding. Przegląd literatury na temat determinacji płci u roślin, szczegółowo traktujący to zagadnienie u ogórka. Autorzy zaproponowali modele współdziałania genów i innych czynników zaangażowanych w determinację płci ogórka.

H3 Pawełkowicz i in 2019 Plant Reproduction. Celem pracy było porównanie transkryptomów liści i stożków wzrostu izogenicznych linii męskich, żeńskich i hermafrodytycznych ogórka. Zidentyfikowano 310 genów ulegających zróżnicowanej ekspresji w roślinach różniących się płcią, z których część jest związana z procesami wcześniej nie łączonymi z determinacją płci, jak np. z homeostazą jonową, modyfikacjami ściany i błony komórkowej oraz cytoszkieletu. Odkrycie to rozszerzyło wiedzę na temat determinacji płci u ogórka i otworzyło nowe ścieżki badawcze.

H4 Osipowski i in. 2020 *Molecular Genetics and Genomics*. W pracy tej zastosowano sekwencjonowanie PACBio SMRT do uzyskania nowej, udoskonalonej wersji genomu referencyjnego ogórka B10v3 oraz wykazano przez porównanie z wcześniejszymi wynikami sekwencjonowania tego genomu, że ulega on nielicznym mutacjom. Praca ta, w mojej opinii, wnosi bardzo istotny wkład w rozwój badań nad ogórkiem i innymi spokrewnionymi roślinami, gdyż wyższa jakość genomu referencyjnego pozwoli wszystkim korzystającym z niego badaczom m. in., na uniknięcie wielu błędów, poprawną adnotację nowych wyników sekwencjonowania, weryfikację badań genetycznych w oparciu o doskonalszą mapę fizyczną oraz precyzyjne i poprawne wykonywanie badań typu GWAS (genome-wide association study).

H5 Pawełkowicz i in. 2020 *Genes*. W tej pracy wykazano badając transkryptomy linii transgeniczných i typu dzikiego ogórka, że ekspresja transgeny taumatyny w pokoleniu dziewiątym pozostaje stabilna, a także, że modyfikacja ta wywiera minimalny wpływ na ekspresję innych genów.

H6 Pawełkowicz i in. 2021 *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*. Celem pracy było zbadanie wpływu zmienności somaklonalnej na transkryptomy owocu trzech linii ogórka prowadzonych *in vitro* i uzyskanych różnymi metodami. Linie te różniły się od linii wyjściowej B10 fenotypowo. Wykazano, że badane linie różniły się od typu dzikiego ekspresją wielu (od 273 do 418) genów.

H7 Pawełkowicz i in. 2022 *International Journal of Molecular Sciences*. Podobnie jak w poprzedniej pracy Autorzy badali zmienność somaklonalną trzech linii ogórka, tym razem analizując jednak zróżnicowanie cząsteczek miRNA i ich docelowych genów. Zidentyfikowano charakterystyczne dla poszczególnych linii ogórka miRNA, docelowe mRNA i kodujące je geny. Zidentyfikowano także kilka nowych miRNA, co stanowi istotny wkład w badania nad regulacją ekspresji genów tą drogą.

Oceniany cykl publikacji zawiera prace o wysokiej wartości naukowej, nowatorskie i rozszerzające zakres dotychczasowej wiedzy na temat genomu ogórka, determinacji płci u tej rośliny, zmienności somaklonalnej i zmianach transkryptomu związanych z transgenezą. Prace te dostarczyły wiedzy i nowych narzędzi badawczych, które mogą znaleźć zastosowanie w badaniach aplikacyjnych prowadzących do usprawnienia hodowli ogórka. Wyniki badań mają istotne znaczenie poznawcze i mogą być przydatne dla badaczy pracujących nad zrozumieniem podstawowych zagadnień biologii: determinacji płci roślin, tworzenia kwiatów, skutków transgenezy i prowadzenia kultur roślinnych *in vitro*. Szerokie zastosowanie w badaniach ogórka znajdzie niewątpliwie wysokiej jakości genom referencyjny ogórka B10v3 (H4). Wraz

z rozwojem technik sekwencjonowania, coraz więcej dowiadujemy się o błędach i niedostatkach zsekwencjonowanych wcześniej genomów, stąd badania mające na celu skorygowanie i uzupełnienia wcześniejszych wersji genomów referencyjnych są kluczowym i nieodzownym etapem rozwoju dyscypliny naukowej nauk biologicznych. Oceniany cykl prac został opublikowany w renomowanych czasopismach o zasięgu międzynarodowym i wysokich współczynnikach wpływu, co potwierdza jego wysoką jakość. Mimo, że prace wchodzące w skład ocenianego cyklu zostały opublikowane niedawno (2016-2022), wywarły już wpływ na pracę innych badaczy, o czym świadczą ich stosunkowo liczne cytowania (od 4 do 26 cytowań poszczególnych prac, z wyjątkiem jednej nie cytowanej jeszcze pracy, opublikowanej w 2022). Prace polegające na sekwencjonowaniu transkryptomów i puli miRNA z różnych genotypów czy warunków eksperymentalnych, silnie reprezentowane w ocenianym osiągnięciu naukowym, mają jednak charakter prac wstępnych często kończąc się opublikowaniem list genów czy miRNA o podwyższonej bądź obniżonej ekspresji. Listy takie zawierają geny potencjalnie istotne dla badanych procesów i zjawisk, jednak ich faktyczne funkcje i role muszą zostać potwierdzone eksperymentalnie innymi metodami, co jest etapem stojącym wciąż przed Kandydatką.

Na pozostałe osiągnięcia naukowe Kandydatki składają się dwie prace opublikowane przed doktoratem w czasopismach z listy Journal Citation Reports (JCR), 16 prac opublikowanych po doktoracie w czasopismach z listy JCR, dwie publikacje w czasopismach spoza listy JCR oraz 19 rozdziałów w monografiach i 12 publikacji pokonferencyjnych. Według bazy danych Scopus łączna liczba cytowań prac dr inż. Pawełkiewicz wynosi 484, zaś współczynnik Hirscha - 10. Wielkość i jakość dorobku naukowego dr inż. Pawełkiewicz nie budzą zastrzeżeń. Dr inż. Pawełkiewicz jest czynną członkinią społeczności naukowej, często i aktywnie uczestniczyła w konferencjach naukowych: wygłosiła 26 referatów na konferencjach międzynarodowych i jeden referat na konferencji krajowej. Zaprezentowała swoje badania w formie 32 posterów na konferencjach zagranicznych i 10 posterów w języku polskim. Współorganizowała trzy konferencje. Wygłosiła także cztery referaty na zaproszenie w języku angielskim i osiem w języku polskim, co świadczy o docenieniu jej dorobku naukowego przez innych uczonych. Dr inż. Pawełkiewicz jest członkinią Polskiego Towarzystwa Genetycznego, była też członkinią jego zarządu. Uczestniczyła w pracach dwóch sieci naukowych. Dr inż. Pawełkiewicz z sukcesem ubiegała się o granty badawcze: kierowała jednym projektem międzynarodowym i trzema krajowymi. Pełniła role wykonawcy w 11 innych projektach naukowych. Wykonała liczne recenzje dla szerokiej gamy czasopism naukowych, co świadczy o jej dobrej rozpoznawalności w środowisku naukowym.

Podsumowując, w mojej opinii dr inż. Pawełkowicz posiada w swoim dorobku osiągnięcia naukowe stanowiące znaczny wkład w rozwój dyscypliny nauk biologicznych.

Ocena aktywności naukowej

Pani dr inż. Pawełkowicz, choć pozostaje związana z uczelnią, na której ukończyła studia magisterskie i uzyskała stopień doktora, prowadziła swą aktywność badawczą także w innym ośrodku naukowym. W 2004, spędziła miesiąc na stażu w Max-Planck Institute of Molecular Plant Physiology (Poczdam, Niemcy), gdzie pracowała nad analizą danych transkryptomicznych roślin psiankowatych. Współpraca kontynuowana po powrocie do kraju, została zwieńczona wspólną publikacją (Urbańczyk-Wochniak i in. 2006). Ta aktywność, jest w mojej ocenie, spełnieniem minimalnego wymogu wykazania się aktywnością naukową w więcej niż jednej instytucji naukowej. Kolejne trzy staże zagraniczne miały charakter szkoleniowy, nie zostały zakończone opublikowaniem wyników badań. W 2013 i w 2015, Kandydatka odbyła staże trwające odpowiednio, jeden i trzy miesiące w Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research Gatersleben, w Niemczech. Staże te były poświęcone profilowaniu metabolicznemu, a zdobyte podczas nich kompetencje zostały wykorzystane przez dr inż. Pawełkowicz w kolejnych projektach badawczych. Trzeci staż badawczy miał miejsce również w 2013 w Institute of Computational Medicine, Department of Genomics of Gene Expression Centro de Investigaciones Principe Felipe, Walencja, Hiszpania, trwał dwa tygodnie i był poświęcony bioinformatyce.

Dr inż. Pawełkowicz w autoreferacie opisuje także cenne i owocne, jeśli chodzi o dorobek publikacyjny, współprace z trzema instytucjami w Polsce (Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie, Politechnika Warszawska i Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie). We współpracach tych, dr inż. Pawełkowicz reprezentowała jednak SGGW, nie prowadziła aktywności naukowej w wymienionych instytucjach.

Podsumowując, dr inż. Pawełkowicz wykazała się istotną, choć niewielką, aktywnością naukową w więcej niż jednej uczelni lub instytucji naukowej.

Konkluzja: opierając się na kryteriach określonych w art. 219 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce, stwierdzam, że:

1. Przedstawiony do oceny cykl powiązanych tematycznie publikacji zatytułowany „Charakterystyka zmienności genetycznej wybranych linii ogórka z zastosowaniem technik omicznych” stanowi znaczny wkład w rozwój dyscypliny nauk biologicznych

2. Pozostałe osiągnięcia Kandydatki także wnoszą znaczny wkład w rozwój dyscypliny nauk biologicznych
3. Kandydatka wykazała się istotną aktywnością naukową realizowaną w więcej niż jednej uczelni lub instytucji naukowej.

W związku z tym oceniam pozytywnie wniosek o nadanie pani dr inż. Magdalenie Pawełkiewicz stopnia doktora habilitowanego w dyscyplinie nauk biologicznych.

Prof. dr hab. Jadwiga Śliwka

