

prof. dr hab. inż. Rafał Barański
Katedra Biologii Roślin i Biotechnologii
Wydział Biotechnologii i Ogrodnictwa
Uniwersytet Rolniczy im. H. Kołłątaja w Krakowie
Al. Mickiewicza 21, 31-120 Kraków

Recenzja w postępowaniu w sprawie nadania stopnia
doktora habilitowanego Pani dr inż. Magdaleny Pawełkiewicz

1. Dane podstawowe o Kandydatce

- a) Dr inż. Magdalena Pawełkiewicz uzyskała stopień doktora nauk rolniczych w zakresie ogrodnictwa nadany uchwałą Rady Wydziału Ogrodnictwa i Architektury Krajobrazu SGGW w Warszawie z dnia 9.07.2004 r. Tytuł rozprawy doktorskiej pt.: *Analiza porównawcza produktów ekspresji genów w pakach kwiatowych ogórka (Cucumis sativus L.)*. Promotorem był prof. dr hab. Zbigniew Przybecki, a recenzentami w przewodzie doktorskim doc. dr hab. Tadeusz Rorat oraz prof. dr hab. Stefan Malepszy. Rozprawa doktorska została wyróżniona przez tą samą Radę.
- b) Dr inż. Magdalena Pawełkiewicz nie ubiegała się wcześniej o nadanie stopnia doktora habilitowanego.
- c) Dr inż. Magdalena Pawełkiewicz została zatrudniona w Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Wydział Ogrodnictwa i Architektury Krajobrazu SGGW w Warszawie, na stanowisku referenta technicznego w 2004 r., a następnie w tym samym roku na stanowisku adiunkta, gdzie nadal pracuje.

2. Podstawa prawna

Dr inż. Magdalena Pawełkiewicz złożyła wniosek z dnia 9.07.2022 o wszczęcie postępowania w sprawie o nadanie stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne na podstawie przepisów ustawy Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce z dnia 20.07.2018. Rada Dyscypliny Nauki Biologiczne SGGW w Warszawie podjęła w dniu 10.11.2022 uchwałę o powołaniu komisji habilitacyjnej i wyznaczyła recenzentów.

Wymagania przy ubieganiu się o nadanie stopnia doktora habilitowanego obowiązujące w dniu składania wniosku określa art. 219 w/w ustawy:

- 1. posiadanie przez kandydata stopnia doktora;
 - 2. wykazanie przez kandydata osiągnięć naukowych stanowiących znaczny wkład w rozwój dyscypliny naukowej, w tym co najmniej:
 - a. 1 monografię naukową wydaną przez wydawnictwo, które w roku opublikowania monografii w ostatecznej formie było ujęte w wykazie sporządzonym zgodnie z przepisami wydanymi na podstawie art. 267 ust. 2 pkt 2 lit. a,
 - lub
 - b. 1 cykl powiązanych tematycznie artykułów naukowych opublikowanych w czasopiśmie naukowym lub w recenzowanych materiałach z konferencji międzynarodowych [...] (które w roku opublikowania artykułu w ostatecznej formie były ujęte w wykazach wymienionych w Ustawie)
 - lub
 - c. 1 zrealizowane oryginalne osiągnięcie projektowe, konstrukcyjne, technologiczne lub artystyczne;
- przy czym osiągnięcie może stanowić część pracy zbiorowej, jeżeli opracowanie wydzielonego zagadnienia jest indywidualnym wkładem kandydata (art. 219 ust. 2).
- 3. wykazanie się przez kandydata istotną aktywnością naukową realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej.

3. Informacja o ocenianych osiągnięciach naukowych

1) stwierdzenie, czy wśród wskazanych do oceny osiągnięć naukowych znajduje się co najmniej jedna z pozycji wymieniona w art. 219 ust. 1 pkt 2

Dr M. Pawełkowicz wskazała jako osiągnięcie naukowe cykl siedmiu artykułów oznaczonych H1-H7:

- 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**
- 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**
- H3. **Pawełkowicz Magdalena***; Pryszcz Leszek; Skarzyńska Agnieszka; Wóycicki Rafał K; Posyniak Kacper; Rymuska 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**
- H4. 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**
- H5. **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**
- H6. **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**.
- H7. **Pawełkowicz 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**

któremu nadała tytuł: „Charakterystyka zmienności genetycznej wybranych linii ogórka z zastosowaniem technik omicznych”.

Przedstawione artykuły są opracowaniami naukowymi opublikowanymi w ostatecznej formie w czasopismach naukowych w latach 2016 i 2019-2022, tj. po uzyskaniu stopnia doktora i przed dniem złożenia wniosku o wszczęcie postępowania przez dr M. Pawełkowicz. Opublikowane zostały 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 roku opublikowania były ujęte w wykazach czasopism punktowanych MNiSW/MEiN. Wszystkie wymienione czasopisma publikują opracowania naukowe w zakresie nauk biologicznych, mają zasięg międzynarodowy i są uznanymi periodykami przez społeczność naukową w zakresie genetyki, genomiki i transkryptomiki roślin oraz roślinnych kultur in vitro. Ich wysoką pozycję w rankingach odzwierciedlają wskaźniki bibliometryczne, tj. Impact Factor kształtujący się w granicach 2,1-5,9, a wg. punktacji przyjętej przez MEiN wartość punktowa: 35 pkt (artykuł z 2016), artykuły w latach 2019-2022: 70 pkt (1 artykuł), 100 pkt (4), 140 pkt (1).

Publikacje zostały zebrane w cykl i opisują zagadnienia naukowe dotyczące jednego gatunku tj. ogórka (*Cucumis sativus* L.). Opisują stan wiedzy oraz wyniki badań własnych dotyczących głównie czynników genetycznych warunkujących płęć w ujęciu genomowym i transkryptomycznym, a ponadto zmienności genetycznej na poziomie transkryptomu, w tym miRNA. Zakres badań jest spójny tematycznie i przedmiotowo. Zagadnienia ukazane są w świetle aktualnej wiedzy, a szereg uzyskanych wyników jest nowych i ważnych dla rozwoju dyscypliny. Przedstawione siedem publikacji jako osiągnięcie naukowe stanowi spójnie tematyczny cykl publikacji spełniający wymagania ustawowe.

2) stwierdzenie, czy spełnione jest kryterium art. 219 ust. 2 o indywidualnym wkładzie

Publikacje H1-H7 są wieloautorские. Deklaracje dr M. Pawełkowicz o jej wkładzie w powstanie publikacji są zgodne z tymi opublikowanymi w artykułach. Jednoznacznie wskazują, że dr M. Pawełkowicz we wszystkich publikacjach pełniła wiodącą rolę, tworzyła koncepcję badań, planowała eksperymenty, wykonywała znaczną część analiz laboratoryjnych, analizowała wyniki, opracowywała i analizowała wyniki bioinformatyczne, przygotowywała manuskrypty artykułów i wersje ostateczne. Pozyskiwała także środki finansowe na badania, w ramach których powstały publikacje. Jej wiodąca rola także jasno wynika z faktu, że jest autorem korespondencyjnym w 6 z 7 publikacji oraz jest wymieniona na pierwszej pozycji wśród autorów 6 publikacji. Współautorzy dostarczyli podpisane oświadczenia wskazujące na ich wkład w powstanie poszczególnych artykułów. Uczestniczyli oni w procesie koncepcyjnym badań, wykonywali część analiz i uczestniczyli w różnym stopniu w redagowaniu i korekcie manuskryptów, jednak ich wkład można określić zasadniczo jako pomocniczy i na pewno znacznie mniejszy. W pełni uzasadnione jest zatem stwierdzenie indywidualnego wkładu dr inż. Magdaleny Pawełkowicz w powstanie przedstawionego do oceny osiągnięcia.

3) stwierdzenie czy wskazane osiągnięcie naukowe stanowi znaczny wkład w rozwój dyscypliny naukowej nauki biologiczne

Ogórek ma duże znaczenie gospodarcze zarówno w Polsce jak i na świecie i jest powszechnie uprawianym warzywem w różnych strefach geograficznych i klimatycznych. Stanowi też gatunek referencyjny dla badań roślin z rodziny Cucurbitaceae charakteryzującej się ogromną zmiennością form uprawnych. Hodowla plennych i wysokiej jakości odmian ogórka jest ukierunkowana zarówno na formy przydatne do uprawy polowej jak i pod osłonami, a dominującym typem odmian są odmiany mieszańcowe i wykazujące efekt heterozji. Hodowla odmian ogórka jest w znacznej mierze zdeterminowana przez możliwość doboru form różniących się płcią. Ogórek będący rośliną jednopienną wykształca zarówno kwiaty męskie jak i żeńskie oraz hermafrodytyczne, które mogą występować w różnym stosunku na jednej roślinie. Genetycznie uwarunkowane wykształcanie kwiatów różnej płci podlega modyfikacji środowiskowej, co do pewnego stopnia jest wykorzystywane do sterowania stosunkiem między typami kwiatów na roślinie poprzez stosowanie zabiegów agrotechnicznych i traktowanie preparatami chemicznymi. Pomimo wieloletnich badań realizowanych na świecie, genetyczne determinanty płci u ogórka nie są w pełni poznane, tym bardziej ich modulująca ekspresja pod wpływem czynników zewnętrznych. Dlatego głębsze poznanie determinant płci, w tym czynników transkrypcyjnych i czynników modyfikujących ekspresję determinant jest kluczowe dla dalszego postępu nie tylko z poznawczego punktu widzenia i zrozumienia biologii kwitnienia i reprodukcji u tego gatunku, ale także dla zapewnienia postępu hodowlanego w tworzeniu nowych wartościowych odmian. Istniejąca wiedza o genomie ogórka jeszcze do niedawna opierała się o upublicznione wyniki sekwencjonowania genomu zrealizowane przez trzy ośrodki naukowe na świecie, w tym przez zespół Katedry Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin SGGW, którego członkiem jest dr M. Pawełkowicz. Jakość dostępnych danych genomowych były jednak niesatysfakcjonujące z uwagi na niski ok. 50% stopień pokrycia genomu.

Przedstawione do oceny osiągnięcie obejmuje badania genomiczne i transkryptomiczne mające na celu głębsze poznanie strukturalne i funkcjonalne genomu ze szczególnym uwzględnieniem determinant płci. Pierwsza publikacja wchodząca w skład przedstawionego cyklu stanowi niezwykle wartościowe i kompleksowe zestawienie dotychczasowej wiedzy jaka wynika ze stosowania różnych metod analiz genetycznych u ogórka. Stanowi ona wprowadzenie i przegląd technik omicznych oraz cytogenetycznych stosowanych w badaniach nad ogórkiem z krytycznym przedstawieniem ich możliwości i ograniczeń. Jednocześnie wprowadza w złożoną problematykę badań genomicznych u tego gatunku. Dzięki temu obszernemu opracowaniu zidentyfikowane zostały pilne kierunki badawcze, w tym zrozumienie

mechanizmów biologii kwitnienia, wymagające stosowania nowo pojawiających się technik analitycznych oraz narzędzi bioinformatycznych dla ich prowadzenia. Wykazane zostało także, że dostępne zasoby informacji o strukturze genomu i adnotacji genów są niewystarczające i wymagają znacznego uzupełnienia. Kolejne publikacje w przedstawionym cyklu są wynikiem badań ukierunkowanych właśnie na wzbogacenie baz danych genomicznych i transkryptomicznych ogórka, a głównym problemem biologicznym eksplorowanym w tych badaniach był mechanizm rozwoju kwiatów o różnej płci. Na podstawie badań genetycznych zaproponowany został model powiązania genów oddziałujących na tworzenie się pąków i kwiatów ogórka o różnej płci, ze szczególnym podkreśleniem roli genów biosyntezy etylenu i jego receptorów. Model podstawowy został rozbudowany o alternatywne ścieżki represji sygnałów hormonalnych i tłumaczące możliwość przekierowania rozwoju pąków w kwiaty męskie lub hermafrodytyczne.

Bardzo wartościowe i ważne z poznawczego punktu widzenia są przedstawione wyniki badań nad resekwencjonowaniem genomu ogórka z wykorzystaniem wcześniej nie stosowanej u tego gatunku technologii PacBio pozwalającej na sekwencjonowanie długich fragmentów. Z uwagi na niedoskonałość techniki objawiającą się dużą częstością błędów odczytów, uzyskaną wstępną wersję resekwencjonowanego genomu zweryfikowano w oparciu o odczyty uzyskane techniką Illumina. W efekcie wzajemnej weryfikacji wyników dwoma komplementarnymi technikami uzyskano, jak do tej pory, najlepiej złożony genom referencyjny tj. na poziomie 93% genomu ogórka z pokryciem do 42x. Adnotacja strukturalna została przeprowadzona na podstawie 150 zestawów transkrypcyjnych uzyskanych w wyniku analiz różnych organów roślin, w tym pąków kwiatowych i owoców. Rezultatem było zidentyfikowanie blisko 190 tys. transkryptów i 22 tys. genów, a adnotacja wykonana *ab-initio* ujawniła występowanie kolejnych 5,5 tys. genów.

Badania determinant rozwoju typu kwiatów zostały oparte o analizy transkryptomów linii ogórka o różnej płci wykorzystując próby liści, stożków wzrostu i pąków kwiatowych. Stworzony został transkryptom referencyjny o wysokim ponad 90% stopniu zmapowania i adnotowano ponad 25 tys. genów. Wytypowanych zostało kilkadziesiąt genów potencjalnie uczestniczących w morfogenezie kwiatów i różnicujących rośliny o odmiennej płci. Posłużyły one do zaproponowania sieci interakcji kodowanych przez nie białek i zachodzących podczas formowania się pąków. Tym samym przedstawione zostały modele molekularne powiązań uwzględniające czynniki regulatorowe m.in. MADS-box, Wuschel, KNOx i inne oraz geny związane z gospodarką hormonalną, zwłaszcza etylenem.

Oprócz osiągnięć o znaczeniu dla budowania bazy danych genomicznych i transkryptomicznych, które zostały znacząco wzbogacone oraz dla poznania determinant płci, niezwykle cenne są wyniki ukazujące zmienność genetyczną. Dzięki możliwości dostępu do materiałów linii ogórka B10, która była jako pierwsza sekwencjonowana, i posiadaniu roślin po ponad 20 kolejnych rozmnożeniach, zbadana została zmienność genomu ogórka ujawniająca się w potomstwie po wielu pokoleniach. Badania wykazały zaledwie 20-42 warianty pojedynczych nukleotydów w trzech analizowanych genomach porównywanych z genomem wyjściowym. Tym samym wykazano stabilność genetyczną linii dla której wykonano resekwencjonowanie i stworzono genom referencyjny wykorzystywany w badaniach własnych i który jest udostępniony publicznie. W przedstawionym cyklu publikacji znaczącym osiągnięciem jest także poznanie zmian zachodzących na poziomie genomu, transkryptomu i ekspresji miRNA wywołane procesem transgenezy i długotrwałym oddziaływaniem warunków prowadzenia materiałów w kulturach *in vitro*. Wykazana została stabilność integracji i ekspresji transgenów w dziewiątym pokoleniu trzech linii transgenicznych przy jednoczesnej zmianie ekspresji 47 genów, z których część związana jest z reakcją na światło. Wykazane zostały także niewielkie zmiany w ekspresji 12 miRNA. Zaproponowane zostały oddziaływania miRNA na geny docelowe i ich potencjalne znaczenie w rozwoju. Również badaniom poddano trzy linie somaklonalne wykazujące odmienne fenotypy owoców od odmiany wyjściowej. Zidentyfikowano ok. 300-400 genów o różnicowej ekspresji i wykazano, że zmiany zachodziły w tych liniach niezależnie i losowo. Ponadto, zidentyfikowano trzy geny o zmienionej ekspresji we wszystkich badanych liniach, z czego jednego funkcja

jest nieznana, drugi koduje białko transpozonowe, a trzeci koduje peptyd sygnałny uczestniczący w reakcji na stres. Wykazano, częstotliwość wariantów pojedynczych nukleotydów w obrębie genów, promotorów jak i poza nimi oraz, że w identyfikowanych promotorach często występowały motywy regulujące ekspresję genów w odpowiedzi na sygnał światła. Wykonana analiza sieci molekularnych wykazała, że utrwalone fenotypy są prawdopodobnie wynikiem złożonym oddziaływaniem białek uczestniczących w różnych procesach. Znaczącym elementem badań było przeanalizowanie profili miRNA w owocach somaklonów. Zidentyfikowano miRNA różnicujące linie somaklonalne i linię wyjściową B10 oraz ich geny docelowe. Spośród blisko 3000 genów docelowych trzy zidentyfikowano we wszystkich trzech badanych liniach i były one rozpoznawane przez to samo miRNA. Analiza funkcjonalna i powiązania interakcyjne ponownie wskazały, że jednym ze zidentyfikowanych procesów biologicznych była reakcja na światło.

Przeprowadzone badania opisane w przedstawionym cyklu publikacji dostarczyły nowe i ważne informacje. Przedstawione wyniki są oryginalne i znacząco poszerzają wiedzę podstawową w zakresie genomiki i transkryptomiki ogórka. Uzyskany prawie pełny genom referencyjny podobnie jak uzyskane liczne profile transkryptomiczne i miRNA zostały upublicznione i znacząco wzbogacają dostępne zasoby bioinformatyczne ogórka. Mają one szczególne znaczenie dla dalszego postępu badań. Opisane wyniki nad procesem determinacji płci oraz występowania zmienności genetycznej i epigenetycznej znacząco wzbogacają dostępną wiedzę i przyczyniają się do lepszego zrozumienia tych procesów. Wyniki te mają także potencjalne znaczenie dla prowadzenia dalszych badań nad poznaniem mechanizmu rozwoju kwiatów o różnej płci i w efekcie tworzenia odmian udoskonalonych spełniających ściśle określone wymagania jakościowe. Należy jednoznacznie podkreślić, że przedstawione osiągnięcie ma wysoką wartość także dzięki wykorzystaniu różnych zaawansowanych i nowoczesnych technologii sekwencjonowania i analiz bioinformatycznych dostarczających komplementarnych danych i wyników, których złożoność została uwypuklona w postaci konstruowanych sieci interakcji. W mojej opinii, przedstawione osiągnięcie w postaci cyklu artykułów stanowi zatem znaczny wkład w rozwój dyscypliny nauki biologiczne.

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

Dr inż. Magdalena Pawełkowicz prowadziła także badania w innych jednostkach naukowych niż w miejscu zatrudnienia, także zagranicznych. Odbiła cztery staże: w Max-Planck Institute of Molecular Plant Physiology (Poczdami, Niemcy) – 1 miesiąc, Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (Gatersleben, Niemcy) – dwa staże 1 i 3 miesięczne, oraz w Institute of Computational Medicine (Walencja, Hiszpania) – 2 tygodnie. W trakcie pobytów prowadziła badania z zakresu analizy transkryptomów i metabolitów u roślin psiankowatych i opracowywała modyfikację softwarową MapMan. W IPK Gatersleben prowadziła badania nad metabolitami różnicującymi organy i tkanki, stadia rozwojowe oraz płęć u ogórka. Natomiast staż w Hiszpanii miał charakter poznawczy, gdzie dr M. Pawełkowicz poznawała nowe metody analiz bioinformatycznych. W kraju prowadziła badania we współpracy z naukowcami oddziału w Młochowie IHAR. Badania prowadziła z zakresu analizy miRNA i ich genów docelowych oraz adnotacji strukturalnej i funkcjonalnej izolatów PVY, najgroźniejszego w Polsce wirusa ziemniaka. Ponadto, dr M. Pawełkowicz aktywnie współpracowała z dwoma innymi jednostkami naukowymi w Warszawie tj., Zakładem Sztucznej Inteligencji na Politechnice Warszawskiej oraz Międzynarodowym Instytutem Biologii Molekularnej i Komórkowej w zakresie analiz bioinformatycznych.

Dzięki odbytym stażom i współpracy, dr inż. M. Pawełkowicz znacznie poszerzyła swoje zainteresowania naukowe. Poznała nowe techniki i zdobyła doświadczenie w ich stosowaniu dla realizacji złożonych projektów badawczych. Uzyskane wyniki miały duże znaczenie dla poszerzenia wiedzy w naukach rolniczych i biologicznych. Prowadzone badania i współpraca została dobrze udokumentowana w postaci kilkunastu

wspólnych publikacji w uznanych międzynarodowych periodykach naukowych. Warto zwrócić uwagę, że wiedzę oraz doświadczenie pozyskane w innych ośrodkach naukowych dr M. Pawełkiewicz wykorzystywała następnie w prowadzeniu własnego głównego nurtu badawczego, dzięki czemu mogła zaplanować i wykonać złożone analizy komplementarnymi technikami. Nie bez znaczenia były one także dla skutecznego pozyskania przez nią finansowania projektów badawczych w postępowaniach konkursowych.

5. Informacja uzupełniająca o aktywności naukowej, dydaktycznej, popularyzującej naukę i organizacyjnej

Dr M. Pawełkiewicz posiada znaczący dorobek naukowy obejmujący łącznie 25 artykułów naukowych w czasopismach indeksowanych (z IF), 2 w czasopismach nieindeksowanych (bez IF) i 31 publikacji klasyfikowanych jako rozdziały w monografiach i doniesień konferencyjnych, w tym 16 artykułów naukowych w czasopismach z IF opublikowanych po doktoracie. Wartości wskaźników naukometrycznych są wysokie i wynoszą łącznie (w roku opublikowania) IF = 67 i 1620 pkt MNiSW/MEiN (nie uwzględniając osiągnięcia będącego przedmiotem postępowania habilitacyjnego: IF = 42 i 975 pkt.), Indeks Hirscha 10 (WoS) do 13 (Google Scholar) oraz liczba cytowań wynosząca w zależności od źródła danych od 484 (WoS) do 685 (Google Scholar). Miała, głównie w języku angielskim, 27 doniesień ustnych i 42 posterów na konferencjach naukowych. Podczas staży zagranicznych wygłosiła także 3 referaty w j. angielskim na seminariach w Max-Planck Institute i IPK Gatersleben w Niemczech, a także 1 na spotkaniu panelowym Europe 2020 w SGGW oraz 8 w języku polskim na seminariach w jednostce macierzystej (7) i na Politechnice Warszawskiej (1),.

Dr M. Pawełkiewicz ma duże doświadczenie w wykonywaniu zadań w projektach badawczych, pozyskiwaniu środków na badania i kierowaniu zespołami badawczymi. Była kierownikiem międzynarodowego projektu badawczego finansowanego ze środków UE w ramach programu 7th Framework Program w latach 2012-2015 oraz w latach 2007-2014 była kierownikiem 2 projektów (MNiSW i OPUS NCN), a aktualnie kieruje projektem OPUS (2020-2025). W trakcie całego okresu zatrudnienia była także wykonawcą w 10 projektach badawczych finansowanych przez KBN, MNiSW, NCN i NCBiR.

Aktywnie uczestniczy w rozwoju młodych naukowców. Była promotorem pomocniczym w dwóch zakończonych doktoratach i aktualnie pełni taką funkcję w kolejnych trzech. Opiekowała się 13 magistrantami i 22 inżynierantami i licencjantami oraz była opiekunem w dwóch pracach magisterskich w j. angielskim. Wykonała recenzje 24 prac dyplomowych. Ponadto, opiekowała się sześcioma studentami z zagranicy w ramach wymiany międzynarodowej.

Jest aktywnym członkiem Polskiego Towarzystwa Genetycznego, w latach 2005-2007 była sekretarzem zarządu. Jest także członkiem Konsorcjum Sekwencjonowania Genomu Ogórka i Sieci Naukowej Genomika i transgeneza roślin użytkowych. Wykonała kilkadziesiąt recenzji manuskryptów skierowanych do międzynarodowych indeksowanych czasopism naukowych.

Angażowała się także w organizację konferencji i warsztatów naukowych. Była sekretarzem II Polskiego Kongresu Genetyki (2007) oraz członkiem komitetu naukowego konferencji Genetyka Aplikacyjna Roślin (2021). Współorganizowała Szkołę letnią Genomics for Plant Breeding and Biotechnology, na której także wygłaszała wykłady i prowadziła warsztaty z zakresu genomiki, sekwencjonowania NGS i bioinformatycznej analizy danych. Organizowała także warsztaty naukowe dla pracowników Instytutu Badawczego Leśnictwa.

Prowadzi zajęcia dydaktyczne dla doktorantów i studentów różnych kierunków studiów, w tym w ramach wymiany międzynarodowej Erasmus. Opracowała i prowadzi zarówno wykłady jak i ćwiczenia z m.in. z takich przedmiotów jak Genetyka, Biotechnologia roślin, Inżynieria genetyczna, Biologia systemów, Rośliny transgeniczne, Genomics, Introduction to genomics. Opracowała także kurs e-learningowy Genomika strukturalna i funkcjonalna za który uzyskała dyplom Komisji Certyfikacyjnej Stowarzyszenia E-learning Akademickiego.

Aktywnie działa na rzecz popularyzacji nauki opiekując się studenckimi kołami naukowymi. Osobiście opiekowała się sześcioma studentami, którzy prezentowali swoje wyniki na sesji kół naukowych, a jedno doniesienie zostało wyróżnione. Organizowała także warsztaty naukowe dla licealistów, wizytowała szkoły oraz opracowywała i prowadziła różne spotkania z młodzieżą mające na celu promocję macierzystej jednostki i upowszechnianie nauki. Wielokrotnie organizowała i prowadziła wykłady w ramach wydarzeń otwartych dla publiczności takich jak Festiwal Nauki, Dni SGGW i Piknik Naukowy.

W uczelni pełniła i pełni szereg funkcji. Jest prodziekanem ds. dydaktyki (2020-2024), była przewodniczącą Rady programowej kierunku Biotechnologia, członkiem szeregu komisji wydziałowych i pełnomocnikiem Dziekana.

Dr M. Pawełkowicz uzyskała za swoje osiągnięcia naukowe 5 nagród Rektora SGGW oraz 5 nagród i dyplomów uznania przyznanych przez Rektora SGGW za osiągnięcia organizacyjne.

Konkluzja

W świetle powyższych faktów stwierdzam, że dr inż. Magdalena Pawełkowicz wykazała osiągnięcie w postaci cyklu siedmiu wieloautorskich artykułów pod tytułem "Charakterystyka zmienności genetycznej wybranych linii ogórka z zastosowaniem technik omicznych", w którym jej indywidualna rola jest merytoryczna i dominująca, a osiągnięcie to stanowi znaczący wkład w rozwój nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne. Tym samym, przedstawione osiągnięcie naukowe spełnia wymaganiom określonym w art. 219 ust. 1 pkt. 2 i ust. 2 ustawy Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce z dnia 20.07.2018 (Dz. U. 2022 poz. 574 ze zm.).

Ponadto, dr inż. Magdalena Pawełkowicz wykazuje się istotną aktywnością naukową realizowaną w więcej niż jednej uczelni lub instytucji naukowej, w tym zagranicznej. Tym samym, dr inż. Magdalena Pawełkowicz spełnia wymaganiom określonym w art. 219 ust. 1 pkt. 3 w/w ustawy.

Kraków, 4 stycznia 2023

prof. dr hab. inż. Rafał Barański

