



Prof. UAM dr hab. Andrzej Pacak
Zakład Ekspresji Genów
Instytut Biologii Molekularnej i Biotechnologii
Wydział Biologii
Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

Poznań, 21.12.2023

Ocena osiągnięć dr inż. Piotra Gawrońskiego w związku z Jego wnioskiem o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie – nauki biologiczne

1. Informacje ogólne:

Piotr Gawroński odbył studia w Szkole Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, na Międzywydziałowym Studium Biotechnologii. Uzyskał tytuł magistra inżyniera biotechnologii w produkcji roślinnej przedstawiając pracę zatytułowaną „Analiza molekularna wybranych mitochondrialnych klonów BAC ogórka (*Cucumis sativus* L.)”, wrzesień 2008.

Mgr inż. Piotr Gawroński stopień doktora nauk biologicznych, w dyscyplinie biochemia uzyskał w Instytucie Biochemii i Biofizyki, Polskiej Akademii Nauk prezentując pracę „Molecular, physiological and bioinformatic analysis of the cellular signalling for regulation of biotic and abiotic stress responses in higher plants”, 24 czerwca 2014 rok.

W latach 2014-2017 **dr inż. Piotr Gawroński** pracował jako samodzielny biotechnolog w Katedrze Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, na Wydziale Ogrodnictwa, Biotechnologii i Architektury Krajobrazu, w Szkole Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie. Od 2017 roku do 30.09.2019 **habilitant** był zatrudniony na stanowisku adiunkta w Katedrze Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, na Wydziale Ogrodnictwa, Biotechnologii i Architektury Krajobrazu, w Szkole Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie. Od 1 października 2019 roku do chwili obecnej **dr inż. Piotr Gawroński** pracuje na stanowisku adiunkta w Katedrze Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, w Instytucie Biologii, Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie.

2. Ocena osiągnięcia naukowego.

Zgodnie z wymaganiami określonymi w art. 219 ust. 1 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. (Dziennik Ustaw Rzeczypospolitej Polskiej, Warszawa, dnia 20 kwietnia 2023 r. poz. 742) stopień doktora habilitowanego nadaje się osobie, która posiada:

1. stopień doktora – **Pan Piotr Gawroński** spełnia ten warunek
2. posiada w dorobku naukowym osiągnięcia o znacznym wpływie na rozwój dyscypliny w tym co najmniej:
 - a. 1 monografię – w przedstawionych materiałach brak jest monografii autorstwa/współautorstwa **Pana dr inż. Piotra Gawrońskiego**. Zatem ten warunek nie jest spełniony.

Jest rozdział w monografii - Szechyńska-Hebda M, Burdiak P, **Gawroński P**, Górecka M, Kulasek M, Karpiński S. (2015). Plant physiomics: Photoelectrochemical and molecular retrograde signalling in plant acclimatory and defence responses. *PlantOmics: The Omics of Plant Science* pp 439–457.

- b. 1 cykl powiązanych ze sobą artykułów naukowych – **Pan dr inż. Piotr Gawroński spełnia to kryterium**. Do oceny został przedstawiony cykl 5 prac, opublikowanych w czasopismach o łącznym współczynniku wpływu wynoszącym 34,2 (36,654, 2021 rok) i liczbie punktów MEiN wynoszącej 630 i liczbą cytowań 52.

Tytuł osiągnięcia naukowego – „**Określenie roli translacji w chloroplastach i komunikacji chloroplast-jądro w odpowiedzi na stresy abiotyczne**”.

- c. 1 oryginalne osiągnięcie projektowe, konstrukcyjne – **Pan dr inż. Piotr Gawroński nie spełnia tego kryterium**.

3. wykazuje się istotną aktywnością naukową albo artystyczną realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej – **Pan dr inż. Piotr Gawroński spełnia ten warunek** odbył następujące staże naukowe: Wageningen University, Laboratory of Nematology, Holandia (11.2008 - 04.2009), University of Leeds, Wielka Brytania (05.2013 - 08.2013), Copenhagen Plant Science Centre, Dania (03.2015 - 02.2016). Staże te oprócz wzbogacenia samego **habilitanta** w nowe umiejętności, kompetencje społeczne zaowocowały publikacjami, powstałymi we współpracy z naukowcami z goszczących Instytucji naukowych.

-Pobyt w Holandii zaowocował publikacją:

Lozano-Torres J.L, Wilbers R.H.P, **Gawronski P**, Boshoven J.C, Finkers-Tomeczak A, Cordewener J.H.G, America A.H.P, Overmars H.A, Van 't Klooster J.W, Baranowski L, Sobczak M, Ilyas M, van der Hoorn R.A.L, Schots A, de Wit P.J.G.M, Bakker J, Goverse A, Smant G. (2012) Dual disease resistance mediated by the immune receptor Cf-2 in tomato requires a common virulence target of a fungus and a nematode. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, 109(25), 10119–10124.

-Pobyt w Wielkiej Brytanii zaowocował publikacjami:

Gawroński P, Witoń D, Vashutina K, Bederska M, Betliński B, Rusaczonek A, Karpiński S. (2014) Mitogen-activated protein kinase 4 is a salicylic acid-independent regulator of growth but not of photosynthesis in *Arabidopsis*. **Molecular Plant**, 7(7), 1151–1166.

-Pobyt w Danii zaowocował publikacjami:

Pulido P, Zagari N, Manavski N, **Gawronski P**, Matthes A, Scharff L.B, Meurer J, Leister D. (2018) Chloroplast ribosome associated supports translation under stress and interacts with the ribosomal 30S subunit. **Plant Physiology**, 177(4), 1539–1554.

Gawroński P, Jensen P.E, Karpiński S, Leister D, Scharff L.B. (2018) Pausing of chloroplast ribosomes is induced by multiple features and is linked to the assembly of photosynthetic complexes. **Plant Physiology**, 176(3), 2557–2569.

Gawroński P, Burdiak P, Scharff L.B, Mielecki J, Górecka M, Zaborowska M, Leister D, Waszczak C, Karpiński S. (2021) CIA2 and CIA2-LIKE are required for optimal photosynthesis and stress responses in *Arabidopsis thaliana*. **The Plant Journal**, 105(3), 619–638.

Gawroński P, Enroth C, Kindgren P, Marquardt S, Karpiński S, Leister D, Jensen P, Vinther J, Scharff L. (2021) Light-dependent translation change of *Arabidopsis psbA* correlates with RNA structure alterations at the translation initiation region. **Cells**, 10(2), 322.

Gawroński P, Pałac A, Scharff L.B. (2020) Secondary structure of chloroplast mRNAs in vivo and in vitro. **Plants**, 9(3), 323.

Prace wchodzące w skład osiągnięcia naukowego przedstawione są poniżej:

P1. Gawroński P, Burdiak P, Scharff L.B, Mielecki J, Górecka M, Zaborowska M, Leister D, Waszczak C, Karpiński S. (2021) CIA2 and CIA2-LIKE are required for optimal photosynthesis and stress responses in *Arabidopsis thaliana*. **The Plant Journal**, 105(3), 619–638.

P2. Gawroński P, Jensen P.E, Karpiński S, Leister D, Scharff L.B. (2018) Pausing of chloroplast ribosomes is induced by multiple features and is linked to the assembly of photosynthetic complexes. *Plant Physiology*, 176(3), 2557–2569.

P3. Gawroński P, Pałac A, Scharff L.B. (2020) Secondary structure of chloroplast mRNAs in vivo and in vitro. *Plants*, 9(3), 323.

P4. Gawroński P, Enroth C, Kindgren P, Marquardt S, Karpiński S, Leister D, Jensen P, Vinther J, Scharff L.B. (2021) Light-dependent translation change of *Arabidopsis psbA* correlates with RNA structure alterations at the translation initiation region. *Cells*, 10(2), 322.

P5. Qureshi M.K, Gawroński P, Munir S, Jindal S, Kerchev P. (2022) Hydrogen peroxide-induced stress acclimation in plants. *Cellular and Molecular Life Sciences*, 79, 129.

W czterech publikacjach P1, P2, P3 i P4 dr inż. Piotr Gawroński jest pierwszym autorem, zaś w publikacji P3 jest jednym z dwóch autorów korespondujących. Trochę niepokoi mnie fakt, że **habilitant** nie jest wyłącznym autorem korespondującym co sugerowałoby, że to on wyznacza kierunek badań i dobiera współpracowników do jego realizacji. Być może wytłumaczeniem takiego stanu rzeczy może być fakt, że cztery prace eksperymentalne powstały na bazie eksperymentów i danych powstałych we współpracy z naukowcami z Copenhagen Plant Science Centre, w Danii. Opracowanie tych danych jak i wykonanie kolejnych eksperymentów warunkowało zatem, że autorem korespondującym jest inna osoba: Stanisław Karpinski, Dario Leister, Lars B. Scharff. Pomimo tego zastrzeżenia w pełni uznaję wkład Pana dr inż. Piotra Gawrońskiego w powstanie publikacji albowiem to, że jest w nich pierwszym autorem (prace P1, P2, P3, P4) świadczy o uznaniu wkładu **habilitanta** w powstanie publikacji przez pozostałych współautorów. A jest ich jak w przypadku publikacji P1 nawet ośmiu.

Głównym obiektem badań przedstawionego cyklu publikacji są chloroplasty i ich udział oraz znaczenie w funkcjonowaniu komórki. Chloroplasty posiadają swój własny genom, który w przypadku *Arabidopsis thaliana* liczy 129 genów i ma wielkość 154478 pz. Jednak jeśli spojrzysz się na liczbę białek zwartych w chloroplastach to ponad 2000 z nich jest kodowanych przez genom jądrowy. Prawidłowe funkcjonowanie chloroplastów wymaga koordynacji polimeraz NEP i PEP jak i transkrypcji genów kodowanych przez genom jądrowy. Sam fakt, na który zwrócił uwagę **habilitant** w swoim autoreferacie, że kodowane przez genom chloroplastowy białko - duża podjednostka enzymu RuBisCo to najliczniejsze białko na Ziemi pokazuje jak niezwykle ważne są badania zarówno nad genomem chloroplastowym jak i genami jądrowymi

kodującymi białka chloroplastowe. Albowiem wspomiane RuBisCo to multimeryczny enzym złożony z 8 małych (20 kDa) i 8 dużych podjednostek (53 kDa), który do powstania wymaga transkrypcji genów jądrowych kodujących małe podjednostki (u *Arabidopsis* są 4 geny *rbcS*) i chloroplastowego genu *rbcL*. To pokazuje jak ważna jest koordynacja transkrypcji, translacji w różnych przedziałach komórkowych aby w jednym miejscu i czasie doszło do utworzenia białka. Stąd niezwykle ważne są prace pokazujące w których miejscach może dochodzić do regulacji procesu powstawania białek, na ile transkrypcja genów jądrowych kodujących białka chloroplastowe wpływa na powstawanie białek w chloroplastach i na odwrót. Jedną z cząsteczek zaangażowanych w przekazywanie sygnału z chloroplastów do jądra jest nadtlenek wodoru H₂O₂. Jak napisano w publikacji P1 powstający w chloroplastach nadtlenek wodoru w warunkach niedoboru wody, nadmiernego światła wpływa na metabolizm PAP (3'-phosphoadenosine-5'-phosphate, 3'-fosfoadenozyno-5'-fosforan), gdy zaś dojdzie do akumulacji PAP w chloroplastach, i część trafi do jądra to dochodzi do modulacji ekspresji genów jądrowych w odpowiedzi na stres.

Poniżej przedstawiam uwagi do przedstawionych publikacji:

P1. W pracy „CIA2 and CIA2-LIKE are required for optimal photosynthesis and stress responses in *Arabidopsis thaliana*” skupiono się na białkach - czynnikach transkrypcyjnych, które chociaż kodowane w genomie jądrowym to mogłyby być lokalizowane w chloroplastach. Przygotowano 67 homozygotycznych mutantów insercyjnych T-DNA w 53 genach. Po przeanalizowaniu wpływu stresów cHL (high light intensity in combination with cold, wysokie natężenie światła w połączeniu z chłodem) i/lub UV-AB na funkcjonowanie wybranych mutantów do dalszej pracy wytypowano te mutanty, które wykazywały zwiększoną wrażliwość na zastosowane stropy. Wśród nich były rośliny zawierające mutację w genie/locus AT5G57180. Kodowane przez ten gen białko lokalizowało się zarówno w jądrze jak i chloroplastach. Gen ten oznaczony jako chloroplast import apparatus 2 (*CIA2*), MUL3.13, MUL3_13 w bazie Ensembl Plants koduje 4 izoformy: 376 AA, 376 AA, 424 AA, 435 AA. Dalsze badania pokazały, że białko to jest związane z odpowiedzią na stropy wywołane przez cHL i UV-AB. Co ważne wykonane badania/pomiary, roślin typu dzikiego jak i roślin transgenicznych *cia2-2*, *cil-1*, *cia2-2 cil-1*, których wyniki zostały zaprezentowane na Rysunku 4 tj. F_v/F_m, [Y(NO)], (NPQ) w warunkach zastosowania światła UV pokazały, że geny/białka *CIA2*, *CIL* są wymagane do prawidłowej odpowiedzi na światło UV (UV-AB). Kolejne badania pokazały, że geny *CIA2*, *CIL* są niezbędne do prawidłowego przebiegu fotosyntezy chociażby

poprzez prawidłową asymilację dwutlenku węgla. Analizy ekspresji genów wykonane technikami RT-qPCR i NGS pokazały wyraźnie, że geny *CIA2*, *CIL* wpływają na ekspresję chloroplastowych genów: kodujących białka PPR (pentatricopeptide repeat proteins), czy genów kodujących białka rybosomalne. Generalnie wykonane analizy pokazały, że 21 genów dla białek rybosomalnych kodowanych w genomie chloroplastowym ma obniżoną ekspresję w mutantach *cia2* i *cia2 cil*. Co bardzo ciekawe wpływ wspomnianych genów na translację został zaprezentowany przy wykorzystaniu analizy stopnia wiązania mRNA z rybosomami. Wyniki wykonane dla chloroplastowego *psbD* mRNA w podwójnym mutancie *cia2-2 cil-1* pokazały wyraźnie mniejszy poziom mRNA *psbD* związanego z rybosomami w roślinach transgenicznym w porównaniu do roślin typu dzikiego. Podsumowując wykazano w tej pracy wpływ czynnika transkrypcyjnego kodowanego w gnomie jądrowym tj. CIA2 na ekspresję i translację genów chloroplastowych.

Habilitant był odpowiedzialny za sformułowanie zarówno hipotezy i pomysłu badawczego. Był także zaangażowany w przeprowadzenie eksperymentów (m.in. uzyskanie mutantów, pomiary *NPQ*), analizę danych i napisanie manuskryptu.

P2. W pracy tej przeanalizowano bardzo interesujący proces zatrzymywania/pauzowania rybosomów (ribosome pausing) zachodzący w chloroplastach. Bardzo interesujące byłoby sprawdzenie jak zachowuje się mRNA transkrybowany z genomu jądrowego na rybosomach chloroplastowych w porównaniu do tych transkrybowanych z genomu chloroplastowego. Dobrym tego przykładem byłoby sprawdzenie transkryptów *rbcS* i *rbcL*. Podano tutaj przykład *rbcL*, gdzie główna pozycja pauzowania jest związana z kodonem Ser-398. Jak pokazały wykonane analizy elementy w obrębie mRNA wpływające na pauzowanie rybosomów w tym miejscu są zakonserwowane. Chciałbym bardzo mocno podkreślić precyzję i wysoką jakość przeprowadzonych eksperymentów czego dobrym przykładem było usunięcie z analizy odczytów, które mapowały do pierwszych i ostatnich 17 kodonów (51 nukleotydów). Miało to na celu usunięcie z analizy wyników tych sekwencji mRNA, gdzie zostały zatrzymane rybosomy w czasie translacji, które (wyniki) mogły być zaburzone przez sam proces inicjacji i terminacji translacji. W podsumowaniu, wykonane analizy pozwoliły na postawienie twierdzenia, że w przypadku *Arabidopsis* 94,9% głównych zatrzymań rybosomów w chloroplastach jest spowodowane drugorzędową strukturą mRNA, obecnością sekwencji Shine-Dalgarno w obrębie sekwencji kodujących, albo obecnością dodatnio naładowanych aminokwasów w powstającym peptydzie. Kompozycja kodonów w procesie zatrzymywania rybosomów na mRNA została określona jako marginalna. W mojej opinii to co jest najbardziej wartościową informacją/tematem publikacji P2 jest kwestia tego po co dochodzi do

zatrzymania rybosomów na mRNA w czasie translacji. Przedstawione dane sugerują, że jest to związane z koniecznością przeprowadzenia poprawnego zwinięcia się białka, tych fragmentów peptydowych, które już powstały. Zatem może to też oznaczać, że w przypadku białek, które wymagają bardzo precyzyjnego zwinięcia część kodonów na których dochodzi do zatrzymania translacji, koduje aminokwasy, które w powstałym białku istnieją nie dlatego, że są potrzebne do funkcjonowania białka ale zostały włączone do białka, gdyż potrzebne były określone kodony/struktury do zatrzymania translacji i poprawnego zwinięcia N-końcowej części białka. W tym kontekście bardzo interesujący jest fragment publikacji, w którym opisano proces zatrzymywania translacji w chloroplastowych rybosomach, co jest związane z integracją domen transbłonowych z błonami.

Udział **habilitanta** polegał na zaplanowaniu i wykonaniu eksperymentów, przygotowaniu skryptów w języku R w celu wykonania analiz, przygotowaniu wszystkich rysunków oraz we współuczestnictwie w pisaniu pracy.

P3. W tej pracy autorzy skupili się na drugorzędowej strukturze mRNA pod kątem wpływu takiej struktury na translację a dokładniej na inicjację translacji w chloroplastach. Niezwykle precyzyjne analizy wykorzystujące siarczan dimetylu (dimethyl sulfate (DMS)-MaPseq) m.in. pokazały, że tworzące się struktury w obrębie większości mRNA *in vivo* były mniej ustrukturyzowane (większa reaktywność DMS) w porównaniu do struktur tworzonych *in vitro*. Same zaś struktury w obrębie miejsca inicjacji translacji w mRNA tworzyły struktury drugorzędowe dostosowane do przeprowadzenia translacji z wysoką wydajnością. Na uznanie zasługuje fakt, że w analizie struktur drugorzędowych uwzględniono różne kategorie chloroplastowego mRNA ze względu na poziom ekspresji tj. wysokiej (*psbA*, *rbcL*), średniej (*psaA/B/rps14*, *psbD/C/Z*, *psbE/F/L/J*) i niskiej (*clpP*). Jako kontrolę wykorzystano 16S rRNA, którego struktura jest dobrze poznana. W przypadku genu *clpP*, którego mRNA nie zawiera sekwencji Shine-Dalgarno (SD) pokazano, że reaktywność DMS w rejonie kodonu start była wyższa *in vivo* niż dla próby analizowanej *in vitro* bez obecności białek. Oznacza to, że kodon start jest dostępny dla rybosomów przypuszczalnie na skutek modyfikacji struktury przez białka wiążące RNA. Zwrócono także uwagę na samą organizację genomu chloroplastowego, ułożenia genów na jednej i drugiej nici. W przypadku genu tRNA^{Ser}(UGA), który leży pomiędzy genami *psbC* i *psbZ* ale na nici komplementarnej sprawdzono czy struktura tworzona z transkryptu pomiędzy genami *psbC* i *psbZ* także przypomina strukturę tRNA. Jest to o tyle ważne, że taka struktura podobna do tRNA mogłaby być cięta przy udziale RNaz. W tym miejscu chciałbym wyrazić uznanie dla autorów, w tym dla **habilitanta** za prawidłową adnotację genu tRNA^{Ser}(UGA), która zarówno w bazie Ensembl Plants jak i w wielu

opracowaniach jako sekwencje kodującą tRNA podawana jest jako sekwencja o orientacji forward zawarta pomiędzy genami *psbC* i *psbZ*. Jest to sekwencja podana poniżej:

>ATCG00290.1 cdna:tRNA

```
AGGAGAGAGAGGGATTCTGAACCCTCGATAGTTATTTTTATGAACTATAACCGGTTT  
TCAAGACCGGAGCCATCAACCACTCGGCCATCTCTCC
```

>Pt dna:chromosome chromosome:TAIR10:Pt:35312:35403:1

```
AGGAGAGAGAGGGATTCTGAACCCTCGATAGTTATTTTTATGAACTATAACCGGTTT  
TCAAGACCGGAGCCATCAACCACTCGGCCATCTCTCC
```

Źródło - Ensembl Plants release 57 - July 2023

Podana powyżej sekwencja jest sekwencją nici antysens do nici tRNA_{ser}^(UGA) identyczną z sekwencją antisense tRNA zamieszczoną na rysunku 5C. Podsumowując, w pracy zastosowano nowatorskie metody badań struktury drugorzędowej RNA, które pozwoliły na powiązanie rodzaju struktury z wydajnością procesu translacji.

Dr inż. Piotr Gawroński był odpowiedzialny za koncepcję badań i analizę wyników oraz za przygotowanie manuskryptu, wizualizację wyników i nadzór nad badaniami wraz z Lars B. Scharff. W załączniku 4 jest też informacja o przygotowaniu skryptów w języku R w celu wykonania analizy bioinformatycznej wszystkich uzyskanych wyników, predykcji struktury drugorzędowej RNA.

P4. W tej pracy autorzy, a wśród nich habilitant skupili się kolejny raz na strukturze drugorzędowej. W tym przypadku strukturze mRNA *psbA*. Przeanalizowano jak translacja mRNA *psbA* indukowana przez światło o wysokim natężeniu jest skorelowana ze strukturami tworzącymi się w miejscu inicjacji translacji. Wykorzystano zaawansowane techniki takie jak profilowanie rybosomów, Ribo-seq, zdefiniowanie 3'końców chloroplastowych transkryptów, DMS-MaPseq i SHAPE-seq. W wyniku przeprowadzonych analiz wykazano, że światło o wysokim natężeniu stymuluje lepszą dostępność miejsca inicjacji translacji dla mRNA *psbA* (mniej stabilna struktura drugorzędowa) co jest skorelowane ze zwiększoną translacją. Widać to na rysunku 1A, gdzie w rejonie AUG jest zwiększona wartość znormalizowanej reaktywności DMS. Wykazano też, że do 5'UTR wiążą się domniemane białka regulatorowe. Analizowany mRNA *psbA* jest o tyle ciekawy, że zawiera on słabą sekwencję Shine-Dalgarno, zatem inne elementy w mRNA muszą niejako zastąpić istniejącą sekwencję aby prawidłowo umieścić kodon start w rybosomie i rozpocząć translację. Właśnie w tym momencie recenzji zastanowiłem się nad genami jądrowymi *rbcS* i chloroplastowym *rbcL*. Jak w ich przypadku wygląda porównanie struktury/braku sekwencji Shine-Dalgarno. Jak wygląda poziom transkrypcji jądrowych transkryptów i chloroplastowego, jak wygląda poziom białek. Czy

zwiększenie poziomu transkrypcji chloroplastowego *rbcL* wpływa też na zwiększenie jądrowego *rbcS*. Te pytania powstały pod wpływem lektury bardzo ważnych zagadnień opracowanych przez **dr inż. Piotra Gawrońskiego**. Chcę dodać, że idąc za tokiem mojego myślenia w dalszej części pracy pojawił się rozdział:

3.3. mRNA Secondary Structure of the Translation Initiation Regions of *rbcL*, w którym opisano, że inicjacja translacji nie jest powiązana/regulowana przez dostępność sekwencji Shine-Dalgarno czy też kodonu start, co widać na rysunku 3A.

Dr inż. Piotr Gawroński był współodpowiedzialny za przygotowanie koncepcji badań, wykonanie eksperymentów (m.in. DMS-MaPseq), analizę wyników i ich wizualne przedstawienie oraz za napisanie manuskryptu.

P5. W pracy przeglądowej jaka ukazała się *Cellular and Molecular Life Sciences* autorzy opisali rolę nadtlenu wodoru H_2O_2 w aklimatyzacji do stresów środowiskowych u roślin. Wśród ważnych zadań/właściwości tej cząsteczki autorzy wymienili: sposoby jej powstawania m.in. w apoplazmie w wyniku aktywności oksydazy NADPH i przekształcenia anionorodnika ponadtlenu O_2^- . Ze względu na stosunkowo długi czas półtrwania i podobieństwo do cząsteczki wody H_2O_2 może się przemieszczać na duże odległości z przestrzeni międzykomórkowych do komórek przez akwaporyny. Czyni to zatem cząsteczki H_2O_2 dobrym nośnikiem informacji przenoszącej sygnał m.in. z chloroplastów do jądra (bardzo dobry rysunek 1). To co wiąże przedstawioną pracę przeglądową z poprzednimi pracami eksperymentalnymi to opis wpływu nadtlenu wodoru na proces translacji (rysunek 2) i potranslacyjne modyfikacje białek. W tym ostatnim przypadku została opisana modyfikacja cysteiny. Utlenienie cysteiny (grupy tiolowej) prowadzi kolejno do kwasów sulfenowych, następnie kwasów sulfinowych, i następnie do kwasów sulfonowych, produktami reakcji są też odpowiednie rodniki. Modyfikacja grupy tiolowej do $-SO_2H$ i $-SO_3H$ jest procesem nieodwracalnym i prowadzi do inaktywacji białka. Ciekawym byłoby sprawdzenie wpływu H_2O_2 na cysteinę wiążącą cząsteczki ubikwityny w enzymach typu E2.

Dr inż. Piotr Gawroński wraz z Pavel Kerchev wymyślił i napisał artykuł.

3. Ocena pozostałego dorobku naukowo-badawczego i aktywności naukowej.

Dr inż. Piotr Gawroński oprócz przedstawionego cyklu posiada bogaty dorobek zarówno naukowy jaki dydaktyczny, organizacyjny i popularyzatorski. Oprócz 5 przedstawionych do oceny publikacji **Pan dr inż. Piotr Gawroński** jest współautorem 14 publikacji powstałych po



otrzymaniu stopnia naukowego doktora o łącznym IF = 68,895 (w roku publikacji; 82,006 w roku 2021) i punktacji MNiSW/ MEiN w roku publikacji wynoszącym 1250. Jest to bardzo dobry, bogaty i wartościowy dorobek. Jest wśród nich m.in. praca pokazująca możliwości przemysłowego zastosowania wyników badań podstawowych tj. praca Bernacki MJ, Mielecki J, Antczak A, Drożdżek M, Witoń D, Dąbrowska-Bronk J, **Gawroński P**, Burdiak P, Marchwicka M, Rusaczek A, Dąbkowska-Suszał K, Strobel WR, Mellerowicz EJ, Zawadzki J, Szechyńska-Hebda M, Karpiński S. (2023) Biotechnological Potential of the Stress Response and Plant Cell Death Regulators Proteins in the Biofuel Industry. *Cells*, 12(16):2018.

Jeśli chodzi o dorobek organizacyjny to **habilitant** był zaangażowany m.in. w przygotowanie raportu samooceny na Wydziale Ogrodnictwa i Biotechnologii (2019) do akredytacji (PKA) kierunku ogrodnictwo w roku akademickim 2019/20. Jest organizatorem seminariów naukowych w Katedrze Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin (1 września 2020 – do chwili obecnej), był też koordynatorem ds. Współpracy Międzynarodowej w Instytucie Biologii (1 listopada 2019 – 21 września 2021). Co też bardzo ważne był koordynatorem ds. Współpracy z Otoczeniem Gospodarczym Wydziału Ogrodnictwa i Biotechnologii na kierunku Biotechnologia (1 października 2020 – 31 sierpnia 2021), oraz oficerem łącznikowym SGGW w centrum badawczym dotyczącym obszaru biochemii i biotechnologii w ramach inicjatywy „UNIGreen – the green European University” (kwiecień 2023 – do chwili obecnej). **Habilitant** prowadził też zajęcia dydaktyczne na 3 kierunkach studiów dziennych (Biotechnologii, Biologii i Bezpieczeństwie żywności). Liczba jednaście odnosząca się prowadzonych zajęć świadczy o dużej wiedzy i wszechstronności **Pana dr inż. Piotra Gawrońskiego**. Przygotowany dla studentów Biotechnologii I-go stopnia przedmiot zatytułowany „Biologia chloroplastów”, świadczy o tym, że wiedza i umiejętności badań chloroplastów i procesów w nich zachodzących jest na tyle duża, że umożliwiała to transfer tej wiedzy do innych osób. **Habilitant** pełnił także rolę promotora pomocniczego w trzech rozprawach doktorskich. Był promotorem dwóch prac magisterskich, 11 inżynierskich (w tym jednej w języku angielskim) i dwóch prac licencjackich. **Pan dr inż. Piotr Gawroński** był laureatem wielu nagród, otrzymał granty Narodowego Centrum Nauki: SONATA „Regulacja elongacji translacji w chloroplastach przez reaktywne formy tlenu, status redoks i gradient protonowy” oraz SONATA-BIS „Rola ekspresji i modyfikacji tRNA w procesie translacji w chloroplastach podczas stresu”. Odbił liczne szkolenia m.in. z obsługi oprogramowania bioinformatycznego CLC Genomics Workbench 4.5.

Podsumowując: pozostały dorobek naukowy **Pana dr inż. Piotra Gawrońskiego** jest bardzo dobrze udokumentowany, bogaty i w moim przekonaniu wystarczający, aby móc ubiegać się o stopień doktora habilitowanego.

4. Pozostałe uwagi.

Cały wniosek jest wnioskiem kompletnym, nie mam uwag formalnych. W tym momencie chcę podkreślić bardzo staranne przygotowanie wniosku, ze szczególnym naciskiem na oświadczenia współautorów w tym komentarz Prof. Jeppe Vinther odnośnie uczestnictwa w publikacji P4 dr Christel Hougård Enroth.

5. Podsumowanie.

Podsumowując przedstawione osiągnięcie naukowe i pozostały dorobek naukowy, organizacyjny, dydaktyczny stoją na bardzo wysokim poziomie. Z pełnym przekonaniem na tej podstawie chciałbym stwierdzić, że dr inż. Piotr Gawroński dysponuje olbrzymią wiedzą merytoryczną, eksperymentalną, praktyczną. Przedstawione publikacje i ich zawartość wnoszą istotny wpływ w rozwój dyscypliny nauki biologiczne, gdyż pokazują nowe sposoby regulacji procesów translacji zachodzących na terenie chloroplastów. Wykorzystane zaś techniki i ich opis zastosowania mogą wzbogacić warsztat eksperymentalny innych naukowców w Polsce jak i na świecie. Niezwykle zaawansowane techniki badania struktury drugorzędowej RNA i pauszowania rybosomów pokazują także jak dużą wiedzę i umiejętności należy obecnie posiadać aby móc badać procesy zachodzące na terenie komórki – chloroplastów.

Biorąc pod uwagę moje powyższe spostrzeżenia akceptuję przedstawione osiągnięcie naukowe i stwierdzam, że przedstawione do oceny osiągnięcie naukowe dr inż. Piotra Gawrońskiego zatytułowane „Określenie roli translacji w chloroplastach i komunikacji chloroplast-jądro w odpowiedzi na stresy abiotyczne” spełnia warunki określone w artykule: art. 219. ust. 1 Ustawy – Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce. Wnoszę zatem o dopuszczenie Pana dr inż. Piotra Gawrońskiego do dalszych etapów postępowania w sprawie o nadanie stopnia doktora habilitowanego.

Z poważaniem

Andrzej Pacak



INSTITUT IM. ADAMA MICHAŁOWICZA W POZNANIU
Wydział Biologii
Instytut Biologii Molekularnej i Biotechnologii
wersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań
tel. 61 829 59 50
e-mail: ibmb@amu.edu.pl

Stępiński Paweł

R

(00)15900773498257008

(00)15900773498257008



Poczta Polska
Opłata pobrana 18 zł 00

Adres

Mgr inż. Marta Sarzyńska
Sekretariat Instytutu Biologii
Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego
Ul. Nowoursynowska 159
02-776 Warszawa

KANCELARIA GŁÓWNA SGGW
2023 -12- 28
WPLYNIEŁO DNIA -6-


RPW/41040/2023 N
Data: 2023-12-28

