

AUTOREFERAT

dr Katarzyna Krawczyk

ORCID: 0000-0001-9019-0490

Katedra Botaniki i Ekologii Ewolucyjnej

Wydział Biologii i Biotechnologii

Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

Olsztyn, 2026

Spis treści

1. Dane osobowe.	3
2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe lub artystyczne – z podaniem podmiotu nadającego stopień, roku ich uzyskania oraz tytułu rozprawy doktorskiej.	3
3. Informacja o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych lub artystycznych.	3
4. Omówienie osiągnięć, o których mowa w art. 219 ust. 1 pkt. 2 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2021 r. poz. 478 z późn. zm.).....	3
OSIĄGNIĘCIE NAUKOWE NR 1	4
PUBLIKACJE SKŁADAJĄCE SIĘ NA OSIĄGNIĘCIE NAUKOWE NR 1	4
WPROWADZENIE	6
OPIS OSIĄGNIĘCIA NAUKOWEGO NR 1	8
PODSUMOWANIE WYNIKÓW OSIĄGNIĘCIA NR 1	14
BIBLIOGRAFIA	14
OSIĄGNIĘCIE NAUKOWE NR 2	17
PUBLIKACJE SKŁADAJĄCE SIĘ NA OSIĄGNIĘCIE NAUKOWE NR 2	17
WPROWADZENIE	18
OPIS OSIĄGNIĘCIA NAUKOWEGO NR 2	19
PODSUMOWANIE WYNIKÓW OSIĄGNIĘCIA NR 2	21
BIBLIOGRAFIA	22
OSIĄGNIĘCIA NAUKOWE PRZED UZYSKANIEM STOPNIA DOKTORA	23
OSIĄGNIĘCIA NAUKOWE PO UZYSKANIU STOPNIA DOKTORA	27
5. Informacja o wykazywaniu się istotną aktywnością naukową albo artystyczną realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej.....	36
A. Staż naukowy – Uniwersytet Jagielloński.....	36
B. Staż naukowy – Uniwersytet w Turku	37
C. Staż naukowy – Uniwersytet Gdański	37
6. Informacja o osiągnięciach dydaktycznych, organizacyjnych oraz popularyzujących naukę lub sztukę.	38
Działalność dydaktyczna	38
Działalność organizacyjna	40
7. Inne informacje dotyczące kariery zawodowej.....	41
Odbyte kursy i szkolenia	41
Wykonane recenzje dla czasopism naukowych	42

Nagrody i wyróżnienia 42

1. Dane osobowe

Imię i nazwisko: Katarzyna Krawczyk (nazwisko rodowe: Wąsowicz)

2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe lub artystyczne – z podaniem podmiotu nadającego stopień, roku ich uzyskania oraz tytułu rozprawy doktorskiej

2014 r. doktor nauk biologicznych, specjalność: botanika

Podmiot nadający: Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

Tytuł pracy: „Ewolucja i taksonomia molekularna rodzaju *Lamium* L. w oparciu o analizę trzech genomów”

Promotor: prof. dr hab. Tadeusz Korniak

Promotor pomocniczy: prof. dr hab. Jakub Sawicki

2008 r. magister biologii,

jednolite studia magisterskie na Wydziale Biologii i Biotechnologii, kierunku biologia

Podmiot nadający: Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

Tytuł pracy: „Dynamika przyrostów sosny zwyczajnej (*Pinus sylvestris* L.) na wybranych torfowiskach Pojezierza Mazurskiego”

Promotor: dr Włodzimierz Pisarek

3. Informacja o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych lub artystycznych

1.10.2017 r. – do chwili obecnej – adiunkt, Katedra Botaniki i Ekologii Ewolucyjnej (dawniej Katedra Botaniki i Ochrony Przyrody);

20.02.2017 r. – 31.09.2017 r. – asystent, Katedra Botaniki i Ochrony Przyrody;

11.04.2014 r. – 20.02.2017 r. – specjalista, Katedra Botaniki i Ochrony Przyrody.

1.10.2007 r. – 30.06.2008 r. – asystent – stażysta, Katedra Botaniki i Ochrony Przyrody.

Od dnia 9 sierpnia 2014 roku do dnia 31 grudnia 2015 roku oraz od dnia 23 listopada 2017 roku do dnia 22 listopada 2018 roku przebywałam na dwóch urloпах macierzyńskich i urlopie wychowawczym (łącznie 808 dni).

4. Omówienie osiągnięć, o których mowa w art. 219 ust. 1 pkt. 2 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2021 r. poz. 478 z późn. zm.)

OSIĄGNIĘCIE NAUKOWE NR 1

SYSTEMATYKA I ZRÓŻNICOWANIE EWOLUCYJNE OSTNIC (POACEAE: *STIPA*) W ŚWIETLE ANALIZ GENOMÓW PLASTYDOWYCH, MITOCHONDRIALNYCH I JĄDROWYCH

PUBLIKACJE SKŁADAJĄCE SIĘ NA OSIĄGNIĘCIE NAUKOWE NR 1

Osiągnięcie naukowe nr 1 składa się z cyklu pięciu oryginalnych publikacji naukowych:

1.1 Krawczyk K.*, Nobis M., Nowak A., Szczecińska M., Sawicki J. (2017) Phylogenetic implications of nuclear rRNA IGS variation in *Stipa* L. (Poaceae). *Scientific Reports*, 7(1): 11506. DOI:10.1038/s41598-017-11804-x

[IF=4,12; IF₅=4,45; MNiSW₂₀₁₇=40 pkt.; MNiSW₂₀₂₄=140 pkt.; liczba cytowań wg SCOPUS=32, WoS=28]

Mój udział w realizacji badań polegał na opracowaniu koncepcji i projektu badań. Byłam odpowiedzialna za prace laboratoryjne oraz przygotowanie prób do sekwencjonowania, analizę i interpretację uzyskanych wyników. Byłam główną autorką tekstu manuskryptu, przygotowując znaczną większość jego treści z uwzględnieniem uwag pozostałych współautorów.

* *Autor korespondencyjny*

1.2 Krawczyk K.*, Nobis M., Myszczyński K., Klichowska E., Sawicki J. (2018) Plastid superbarcodes as a tool for species discrimination in feather grasses (Poaceae: *Stipa*). *Scientific Reports*, 8(1): 1924. DOI:10.1038/s41598-018-20399-w

[IF=4,0; IF₅=4,2; MNiSW₂₀₁₈=40 pkt.; MNiSW₂₀₂₄=140 pkt.; liczba cytowań wg SCOPUS=80, WoS=77]

Mój udział polegał na współtworzeniu koncepcji badań, opracowaniu metodyki i planu badań. Byłam odpowiedzialna za przeprowadzenie badań laboratoryjnych i części analiz bioinformatycznych oraz za interpretację uzyskanych wyników. Ponadto pełniłam rolę głównej autorki manuskryptu, opracowując znaczną większość jego treści i redagując tekst.

* *Autor korespondencyjny*

1.3 Krawczyk K.*, Myszczyński K., Nobis M., Sawicki J. (2022) Insights into adaptive evolution of plastomes in *Stipa* L. (Poaceae). *BMC Plant Biology*, 22(1): 1-16. DOI: 10.1186/s12870-022-03923-z

[IF=5,3; IF₅=5,1; MEiN₂₀₂₂ =140 pkt.; MNiSW₂₀₂₄=140 pkt.; liczba cytowań wg SCOPUS=13, WoS=12]

Wspólnie z zespołem brałam udział w opracowaniu koncepcji i metodyki badań. Byłam odpowiedzialna za prowadzenie analiz laboratoryjnych oraz część bioinformatycznej analizy danych. Ponadto pełniłam rolę głównej autorki manuskryptu, przygotowując niemal całość jego treści, opracowując tabele i ilustracje oraz redagując tekst.

* *Autor korespondencyjny*

1.4 Krawczyk K.*, Paukzto Ł., Maździarz M., Sawicki J. (2023) The low level of plastome differentiation observed in some lineages of Poales hinders molecular species identification. *Frontiers in Plant Science*, 14. DOI: DOI:10.3389/fpls.2023.1275377

[IF=4,1; IF₅=4,0; MEiN₂₀₂₃=140 pkt.; MNiSW₂₀₂₄=100 pkt.; liczba cytowań wg SCOPUS=7, WoS=8]

Wspólnie z zespołem współtworzyłam koncepcję badań i uczestniczyłam w opracowaniu metodyki badań, byłam odpowiedzialna za badania laboratoryjne część oraz część analiz formalnych, nadzorowałam realizację poszczególnych etapów badań oraz przygotowałam manuskrypt.

* *Autor korespondencyjny*

1.5 Krawczyk K.*, Maździarz M., Paukzto Ł., Nobis M.*, Sawicki J. (2025) Phylogenetic reconstruction and species delimitation in Stipeae with special reference to *Stipa* (Poaceae, Pooideae) using mitochondrial genomes. *Cladistics*, 1-14. DOI: 10.1111/CLA.12618

[IF=6,2; IF₅=6,2; MNiSW₂₀₂₄=140 pkt.; liczba cytowań wg SCOPUS=1, WoS=1]

Wspólnie z zespołem opracowałam koncepcję badań, definiując cele i metodykę realizacji. Samodzielnie przeprowadziłam badania laboratoryjne oraz uczestniczyłam w analizie danych, współpracując z zespołem nad interpretacją wyników. Byłam jedną z głównych autorek manuskryptu, przygotowałam znaczną część jego treści, opracowałam wyniki w formie tekstu, tabel i ilustracji.

* *Autor korespondencyjny*

Łącznie dla wyżej wymienionego cyklu publikacji:

Sumaryczny **Impact Factor (IF)** zgodnie z rokiem opublikowania: **23,733**.

Całkowita liczba punktów **MNiSW/MEiN** zgodnie z rokiem opublikowania: **500**.

Liczba punktów zgodnie z aktualnie obowiązującym wykazem czasopism **MNiSW z 2024 r.:** **660**.

Liczba cytowań według bazy **SCOPUS:** **133**.

Liczba cytowań według bazy **Web of Science Core Collection:** **126**.

Impact factor podano zgodnie z rokiem opublikowania lub rokiem poprzedzającym opublikowanie prac. Punkty MNiSW/MEiN podano zgodnie z listą, która obowiązywała w roku opublikowania prac. Oświadczenia współautorów określające indywidualny wkład w powstanie poszczególnych publikacji zamieszczono w **Załączniku nr 5**.

Prace stanowiące osiągnięcie naukowe nr 1 powstały w ramach realizacji dwóch projektów badawczych:

Nr 2013/09/B/NZ8/03287 pt. „Taksonomia i mikroewolucja ostnic (Poaceae: *Stipa*)”, finansowanego przez Narodowe Centrum Nauki w ramach konkursu OPUS 5. Kierownik

projektu: prof. dr hab. Marcin Nobis (Instytut Botaniki Uniwersytet Jagielloński, Kraków). Okres realizacji projektu: 2014-2018.

Nr 2023/51/B/NZ8/01179, pt. „Ewolucja i przestrzenne zróżnicowanie genetyczne ostnic biomu stepowego Środkowo-Zachodniej Azji w odniesieniu do czwartorzędowych oscylacji klimatycznych”, finansowanego przez Narodowe Centrum Nauki w ramach konkursu OPUS 26. Kierownik projektu: prof. dr hab. Marcin Nobis (Instytut Botaniki Uniwersytet Jagielloński, Kraków). Okres realizacji projektu: 2024-2028.

WPROWADZENIE

Rodzaj ostnica *Stipa* L. (Poaceae), obejmuje ponad 150 gatunków traw występujących głównie w strefach suchych i umiarkowanych Eurazji. Tworzą one charakterystyczne zbiorowiska stepowe, które mają fundamentalne znaczenie ekologiczne dla stabilności i funkcjonowania ekosystemów stepów, półpustyń oraz suchych łąk. Gatunki z tego rodzaju stanowią ważny składnik bioróżnorodności kontynentalnej Eurazji, pełniąc funkcję gatunków dominujących lub diagnostycznych w wielu fitocenozach. Jednocześnie wiele z nich zagrożonych jest utratą siedlisk w wyniku urbanizacji, zmian użytkowania gruntów i procesów stepowienia wywołanych zmianami klimatycznymi^[1]. Z tego względu coraz bardziej aktualne pozostaje pytanie o właściwe rozpoznanie różnorodności gatunkowej ostnic, a także o ewolucyjne procesy, które ukształtowały bogactwo tej grupy.

Pomimo dużej liczby badań prowadzonych od XIX wieku, systematyka rodzaju *Stipa* do dziś budzi poważne kontrowersje. Klasyfikacja gatunków opierała się dotychczas głównie na cechach morfologicznych plew i ości, które okazały się zmienne i w znacznym stopniu podlegające konwergencji. Gatunki ostnic różnią się między sobą często subtelnie, a granice między nimi bywają rozmyte. Procesy takie jak hybrydyzacja, poliploidyzacja oraz powtarzające się radiacje adaptacyjne dodatkowo komplikują delimitację taksonów^[2,3]. W rezultacie w obrębie rodzaju opisano liczne gatunki i podgatunki, których status taksonomiczny jest niepewny, co prowadzi do trudności w zarówno teoretycznych (systematycznych i ewolucyjnych), jak i praktycznych (ochrona przyrody, monitoring siedlisk) zastosowaniach.

W dotychczasowych badaniach molekularnych wykorzystywano standardowe markery DNA używane w taksonomii roślin, takie jak regiony kodujące i niekodujące chloroplastu czy wewnętrzne transkrybowane sekwencje rybosomalne jądrowego DNA (ITS). Choć dostarczyły one pierwszego wglądu w ogólną filogenezę rodzaju, okazały się niewystarczające do rozstrzygnięcia relacji międzygatunkowych w grupie charakteryzującej się tak częstą hybrydyzacją i zjawiskami ewolucji retikularnej^[3,4]. W wielu przypadkach sygnał filogenetyczny był zbyt słaby, by pozwolił na jednoznaczne ustalenie pozycji taksonów, co skutkowało niską rozdzielczością drzew molekularnych i niepewnością w rekonstrukcjach ewolucyjnych.

Dynamiczny rozwój metod sekwencjonowania nowej generacji (NGS) stworzył nowe możliwości badawcze, pozwalając na szeroko zakrojoną analizę genomów organellowych i jądrowych. Zastosowanie metod NGS w badaniach nad ostnicami umożliwiło szczegółową

analizę genomową rodzaju *Stipa*. W ramach omawianego cyklu badawczego można wskazać trzy kluczowe **elementy nowatorskie**:

- wykorzystanie zmienności regionów międzygenowych rRNA genomów jądrowych w rekonstrukcji filogenezy *Stipa* (Publikacja nr 1.1),
- wykorzystanie plastydowych super-barkodów w delimitacji blisko spokrewnionych gatunków (Publikacja nr 1.2),
- zastosowanie mitochondrialnych genomów w analizie powiązań filogenetycznych i delimitacji gatunków w obrębie plemienia Stipeae (Publikacja nr 1.5).

Zintegrowanie wyników pochodzących z różnych poziomów organizacji genomowej pozwoliło na stworzenie spójniejszego obrazu ewolucji i dywergencji gatunków ostnic. Równoległe zastosowanie markerów jądrowych, plastydowych i mitochondrialnych zmniejszyło ryzyko wyprowadzania wniosków obarczonych artefaktami związanymi z pojedynczym nośnikiem informacji genetycznej. Tym samym badania te wpisują się w aktualne trendy filogenomiki roślin, zwrócone ku pełnemu wykorzystaniu dostępnych zasobów genomowych w rozwiązywaniu problemów systematyki i ewolucji. Nasze badania pozwoliły na przełamanie bariery niskiej zmienności konwencjonalnych markerów w obrębie *Stipa* i na pogłębienie wiedzy o historii ewolucyjnej rodzaju. Analiza plastomów umożliwiła identyfikację zmian adaptacyjnych w genomach organellowych, które stanowią ślady presji selekcyjnych związanych z przystosowaniem do siedlisk stepowych i półpustynnych. Analiza genomów mitochondrialnych wniosła nowe spojrzenie na problem hybrydyzacji i możliwe źródła konfliktów filogenetycznych, wskazując, że ewolucyjna historia ostnic nie była prostą dywergencją linii, lecz procesem złożonym, nacechowanym procesami retikulacyjnymi.

Wykorzystanie całych genomów organellowych jako markerów molekularnych otwiera drogę do skuteczniejszej identyfikacji gatunków. Ma to szczególne znaczenie w odniesieniu do ostnic w Europie Środkowej, gdzie kilka gatunków chronionych występuje sympatrycznie i ich identyfikacja na podstawie cech morfologicznych jest utrudniona. Wyniki te mogą znaleźć zastosowanie zarówno w monitoringu przyrodniczym i nadzorze nad stanowiskami gatunków zagrożonych, a także w badaniach nad bioróżnorodnością stepów. Opracowane narzędzia molekularne są również przydatne w kontekście rewizji taksonomicznych, w obrębie trudnego taksonomicznie rodzaju, jakim jest *Stipa*.

Praktyczne znaczenie prowadzonych przeze mnie badań wykracza także poza zagadnienia związane z rodzajem *Stipa*. Wśród traw większość grup taksonomicznych o niejasnych granicach gatunkowych charakteryzuje się występowaniem zjawisk, takich jak: hybrydyzacja i ewolucja retikularna oraz niskim poziomem informatywności klasycznych markerów DNA. Wypracowana w ramach niniejszych badań metodyka może być zatem stosowana także w innych trudnych do rozgraniczenia taksonach z rodziny Poaceae, a w szerszej perspektywie także w innych grupach roślin o złożonej historii ewolucyjnej.

Podsumowując, wybór problematyki badawczej wynikał zarówno z naukowych kontrowersji i niejasności dotyczących systematyki rodzaju *Stipa*, jak i z aktualności zagadnień związanych z ochroną bioróżnorodności stepowych ekosystemów. Wykorzystanie podejścia genomowego, obejmującego równoległe sekwencje jądrowe, plastydowe i mitochondrialne, pozwoliło na

nowatorskie rozwiązanie problemów, które pozostawały nierozstrzygnięte mimo długiej historii badań nad ostnicami.

OPIS OSIĄGNIĘCIA NAUKOWEGO NR 1

Cele badań składających się na osiągnięcie naukowe nr 1 obejmują:

1. określenie przydatności i wartości informatywnej zmienności regionu IGS (intergenic spacer) jądrowego rRNA jako markera molekularnego do rekonstrukcji filogenezy i wyjaśniania relacji ewolucyjnych w obrębie rodzaju *Stipa*;
2. określenie, czy kompletne genomy plastydowe lub ich najbardziej zmienne fragmenty mogą stanowić skuteczne narzędzie taksonomiczne do identyfikacji gatunków z rodzaju *Stipa*;
3. ustalenie, które geny plastydowe u ostnic wykazują oznaki ewolucji adaptacyjnej oraz jaka jest rola selekcji naturalnej w kształtowaniu plastomów tego rodzaju;
4. ocenę poziomu zmienności genomów plastydowych w różnych rodzajach rzędu Poales;
5. ocenę przydatności fragmentów genomu mitochondrialnego do identyfikacji gatunków i rekonstrukcji filogenezy w obrębie plemienia Stipeae.

Osiągnięcie nr 1 opisano w kolejnych podrozdziałach odpowiadających poszczególnym celom:

Cel badań: Określenie przydatności i wartości informatywnej zmienności regionu IGS (intergenic spacer) jądrowego rRNA jako markera molekularnego do rekonstrukcji filogenezy i wyjaśniania relacji ewolucyjnych w obrębie rodzaju *Stipa*

Publikacja 1.1 - Krawczyk K., Nobis M., Nowak A., Szczecińska M., Sawicki J. (2017) Phylogenetic implications of nuclear rRNA IGS variation in *Stipa* L. (Poaceae). Scientific Reports, 7(1): 11506. DOI:10.1038/s41598-017-11804-x

Badania opublikowane w tej pracy zostały podjęte w odpowiedzi na potrzebę znalezienia informatywnego markera molekularnego, który pozwoliłby na wiarygodną rekonstrukcję filogenezy rodzaju *Stipa*. Obecność licznych form przejściowych oraz duża zmienność fenotypowa znacząco utrudniały rozstrzygnięcie relacji taksonomicznych w obrębie rodzaju, a stosowane dotychczas markery – takie jak sekwencje chloroplastowe czy region ITS jądrowego rRNA – okazały się niewystarczające^[2,5]. W tej sytuacji szczególnego znaczenia nabrało poszukiwanie nowych źródeł informacji molekularnej, które mogłyby rzucić więcej światła na ewolucję tej grupy roślin.

Publikacja 1.1 prezentuje pierwsze kompleksowe zastosowanie sekwencji intergenic spacer (IGS) jądrowego rRNA w badaniach filogenetycznych ostnic. Marker ten został wybrany do badań właśnie z uwagi na ograniczoną przydatność dotychczas stosowanych sekwencji, które nie pozwalały jednoznacznie wyjaśnić relacji ewolucyjnych pomiędzy gatunkami rodzaju *Stipa*. Wyniki badań pokazały, że region IGS charakteryzuje się wyjątkowo wysoką

zmiennością sekwencji, znacznie przewyższającą informatywnością stosowane wcześniej markery molekularne. Zastosowane podejście po raz pierwszy wykazało potencjał wykorzystania zmienności IGS jako narzędzia filogenetycznego w badaniach nad trawami.

Region IGS, zlokalizowany pomiędzy genami 18S, 5.8S i 26S rRNA, jest znany z obecności powtórzeń tandemowych, sekwencji regulatorowych i elementów uczestniczących w kontroli transkrypcji operonu rRNA^[6,7]. Zmienność strukturalna i długościowa tego fragmentu czyni go potencjalnie cennym źródłem informacji ewolucyjnej, jednak do czasu tej publikacji jego zastosowanie w filogenetyce traw było marginalne.

W ramach badań przeanalizowaliśmy sekwencje IGS pochodzące od reprezentantów głównych linii rozwojowych rodzaju *Stipa*, obejmujących m.in. sekcje *Leiostipa*, *Smirnovia*, *Regelia* i *Barbatae*. Uzyskane dane ujawniły niezwykle wysoki poziom zmienności – znacznie przewyższający dotychczas stosowane markery molekularne. Wykazano obecność bogatego zestawu powtórzeń tandemowych a także istotne różnice w strukturze motywów regulatorowych pomiędzy poszczególnymi gatunkami i liniami filogenetycznymi. Długość sekwencji IGS wahała się w szerokim zakresie (od ~2300 pz do ponad 4000 pz), a analizowane fragmenty charakteryzowały się mozaikowym układem konserwatywnych i wysoce zmiennych regionów.

Analizy filogenetyczne oparte na IGS pozwoliły na uzyskanie drzew o wyższej rozdzielczości niż w przypadku wcześniejszych badań bazujących na ITS czy markerach chloroplastowych^[1,2]. Wyniki w dużej mierze potwierdziły podział rodzaju *Stipa* na kłady odpowiadające poszczególnym sekcjom morfologicznym, ale jednocześnie ujawniły nowe poziomy zróżnicowania wewnętrznego. Szczególnie interesujące są obserwacje dotyczące niektórych gatunków o niejasnej pozycji systematycznej, dla których analizy IGS dostarczyły argumentów pozwalających lepiej określić ich relacje ewolucyjne.

Przeprowadzone badania dostarczyły unikalnych danych o zmienności sekwencji IGS u traw, co poszerza wiedzę o ewolucji genomu jądrowego w tej grupie roślin. Nasze badania dowiodły, że region IGS – wcześniej niedoceniany w badaniach systematycznych – może być niezwykle użytecznym narzędziem do rozwiązywania trudnych problemów filogenetycznych. Otwiera to perspektywy dla zastosowania tego markera nie tylko w rodzaju *Stipa*, lecz także w innych grupach Poaceae, gdzie podobne problemy taksonomiczne są powszechne.

Cel badań: Określenie, czy kompletne plastomy lub ich najbardziej zmienne fragmenty mogą stanowić skuteczne narzędzie taksonomiczne do identyfikacji gatunków z rodzaju *Stipa*.

Publikacja 1.2 - Krawczyk K., Nobis M., Myszczyński K., Klichowska E., Sawicki J. (2018) Plastid super-barcodes as a tool for species discrimination in feather grasses (Poaceae: *Stipa*). *Scientific Reports*. 8(1): 1924. DOI:10.1038/s41598-018-20399-w

Badania nad genomem plastydowym ostnic stanowią naturalne rozwinięcie i uzupełnienie wcześniejszych analiz dotyczących powiązań ewolucyjnych w obrębie ostnic, prowadzonych z wykorzystaniem markerów jądrowych regionów IGS rybosomalnego DNA. Dotychczasowe prace literaturowe wykazały bardzo ograniczone możliwości klasycznych markerów plastydowych, takich jak pojedyncze fragmenty genów i regionów międzygenowych, do

skutecznej identyfikacji gatunków ostnic. Badania koncentrowały się zazwyczaj na kilku loci tradycyjnie wykorzystywanych w badaniach filogenetycznych (m.in. *matK*, *rbcL*, *ndhF*), nie analizując zmienności pozostałych fragmentów genomu plastydowego^[1,2,3,8]. Dostrzegając te ograniczenia i czerpiąc z już zdobytego doświadczenia w analizach genomu jądrowego, w ramach opisywanego projektu postanowiliśmy wraz z zespołem sięgnąć po narzędzia genomiki – analizując zarówno pojedyncze, najbardziej zmienne regiony, jak i wykorzystując kompletny genom plastydowy jako tzw. super-barkod. Badania objęły trzy zadania badawcze:

a) zweryfikowanie, czy pełna sekwencja genomu plastydowego pozwala na wyraźne rozróżnienie gatunków *Stipa*;

b) identyfikację wysoce zmiennych regionów funkcjonalnych plastomu (wszystkich genów i regionów międzygenowych), które można byłoby wykorzystać w dalszych badaniach taksonomicznych tego rodzaju;

c) identyfikację wysoce zmiennych regionów genomu plastydowego niezależnie od podziału funkcjonalnego. W tym zadaniu przeanalizowano zmienność poszczególnych fragmentów genomu plastydowego metodą przesuwającego się okna wielkości 600 pz.

W badaniach tych, opartych na sekwencjach 21 plastomów pochodzących z 19 taksonów *Stipa*, po raz pierwszy w sposób kompleksowy zbadano zarówno poziom zmienności, jak i rozdzielczość identyfikacyjną w obrębie całego genomu plastydowego. Wyniki ujawniły, że choć większość analizowanych markerów, a nawet kombinacje kilku najbardziej zmiennych loci, wykazywały bardzo ograniczoną moc rozróżniającą, to zastosowanie pełnego plastomu miało wyraźną przewagę – pozwoliło na odróżnienie niemal wszystkich badanych gatunków ostnic, choć z zaznaczeniem, że również ta metoda ma ograniczenia i nie zawsze gwarantuje rozpoznanie wszystkich linii ewolucyjnych. Wykazano, że poziom zmienności plastydowego genomu *Stipa* jest ekstremalnie niski, bowiem identyczność sekwencji pomiędzy gatunkami kształtuje się na poziomie 99,7-100%. Spośród pojedynczych regionów żadna sekwencja nie cechowała się na tyle dużą zmiennością, by skutecznie pozwalać na identyfikację wszystkich badanych gatunków. Najwyższa skuteczność dla pojedynczych regionów (tzw. barkodów) wyniosła 6 spośród 19 gatunków. Natomiast w przypadku łączenia kilku regionów najskuteczniejszy barkod wielogenowy (z ang. multi-locus) umożliwił odróżnienie 68,4% taksonów (13 spośród 19). Porównywalnie niski poziom zróżnicowania genetycznego między gatunkami u roślin jednoliściennych był dotychczas wykazany jedynie w rodzaju *Bambus*^[9] oraz u traw z rodzaju życica i kostrzewa (kompleks gatunków *Lolium-Festuca*)^[10].

Badania te podkreślają celowość analizy całego genomu organelowego i wskazują kierunki dalszych prac – m.in. potrzebę komplementarnego wykorzystywania analiz genomu jądrowego oraz plastydowego w taksonomii i filogenetyki grup traw, których klasyfikacja systematyczna jest niejednoznaczna. Wkład badań w dziedzinę obejmuje nie tylko pogłębienie wiedzy o poziomie zmienności plastomów w obrębie badanego rodzaju, ale także dostarczenie modelowego przykładu wykorzystania narzędzi genomicznych i bioinformatycznych w taksonomii roślin, wyznaczając nowe standardy identyfikacji molekularnej w grupach roślin, w których delimitacja gatunków jest trudna.

Cel badań: Ustalenie, które geny plastydowe u ostnic wykazują oznaki ewolucji adaptacyjnej oraz jaka jest rola selekcji naturalnej w kształtowaniu plastomów tego rodzaju.

Publikacja 1.3 - Krawczyk K., Myszczyński K., Nobis M., Sawicki J. (2022) Insights into adaptive evolution of plastomes in *Stipa* L. (Poaceae). *BMC Plant Biology*, 22(1): 1-16. DOI: 10.1186/s12870-022-03923-z

Badania opisane w Publikacji 1.3 miały na celu pogłębienie wiedzy na temat ewolucji genomów plastydowych w rodzaju *Stipa*, który charakteryzuje się dużą różnorodnością gatunków rosnących w bardzo zróżnicowanych siedliskach geograficznych. W trakcie badań podjęłam próbę ustalenia, które geny kodujące w genomach plastydowych traw z rodzaju ostnica ewoluują najszybciej, jakie zachodzą w nich zmiany na poziomie aminokwasów oraz czy geny te są poddawane presji pozytywnej selekcji. Szczególną uwagę zwróciłam na to, czy siła i charakter presji selekcyjnej są jednolite dla całego rodzaju, czy różnią się między poszczególnymi liniami filogenetycznymi, co może wpływać na interpretację informacji filogenetycznej.

Analizie poddano kompletne sekwencje plastomów 43 taksonów z plemion Stipeae i Ampelodesmae. Badania skupiały się na zmienności regionów kodujących i ich ewolucyjnym znaczeniu w kontekście relacji filogenetycznych wewnątrz rodzaju *Stipa*. W wyniku przeprowadzonych badań stwierdzono obecność selekcyjnej presji w jedenastu genach plastydowych, w tym po raz pierwszy wykazano pozytywną selekcję w genach *rps8*, *rps11* i *ndhK* u traw. Wykazano, że ewolucja tych genów przebiegała różnie w różnych liniach filogenetycznych, co pokazuje zróżnicowaną intensywność i kierunek adaptacji w obrębie rodzaju.

Najsilniejszą presję adaptacyjną wykazano w genach fotosyntetycznych, ze szczególnym uwzględnieniem genu *rbcL*, zwłaszcza w ewolucyjnie starych grupach górskich gatunków ze środkowej Azji. Obserwowana adaptacja dotyczy czterech wysokogórskich gatunków ostnic (*S. basiplumosa*, *S. klimesii*, *S. penicillata* i *S. purpurea*) występujących na wysokościach sięgających 4500–4700 m n.p.m. na obszarze Azji Środkowej. Wyniki omawianych badań sugerują, że selekcyjna adaptacja w plastomach rodzaju *Stipa* jest przede wszystkim związana z efektywnością asymilacji CO₂ oraz przystosowaniem do specyficznych warunków środowiskowych. Ewolucja genu *rbcL* u ostnic pod wpływem presji selekcyjnej przebiega w sposób analogiczny do tego, co opisano wcześniej dla traw z fotosyntezą typu C₄^[11,12,13]. Zmiany dotyczą fragmentu genu odpowiedzialnego za aktywność katalityczną enzymu RuBisCO, co prowadzi do modulacji prędkości otwierania centrum aktywnego^[11,14]. Zgodnie z obserwacjami Schlittera i Wildnera^[15], dłuższy czas otwarcia centrum aktywnego sprzyja wiązaniu tlenu, natomiast krótsza dostępność tego centrum zwiększa specyficzność względem CO₂, co jest uznawane za optymalizację działania enzymu pod kątem fotosyntezy typu C₄.

Badania te wnoszą wkład w zrozumienie mechanizmów adaptacyjnej ewolucji genomu organellowego w roślinach, pokazując po raz pierwszy pozytywną selekcję w trzech genach plastydowych traw i podkreślając zróżnicowanie presji selekcyjnej między liniami filogenetycznymi.

Cel badań: Ocena poziomu zmienności genomów plastydowych w różnych rodzajach rzędu Poales.

Publikacja 1.4 - Krawczyk K., Paukszto L., Maździarz M., Sawicki J. (2023) The low level of plastome differentiation observed in some lineages of Poales hinders molecular species identification. *Frontiers in Plant Science*, 14. DOI: DOI:10.3389/fpls.2023.1275377

Badania opisane w tej publikacji stanowią kolejny etap badań nad taksonomią molekularną ostnic oraz rodzajów im pokrewnych. Motywacją do przeprowadzenia niniejszych badań była potrzeba bardziej kompleksowej oceny zmienności plastydowej na poziomie rodzaju w obrębie szerszej grupy taksonomicznej - rzędu wiechlinowców (Poales). Badania te miały służyć ocenie stopnia i przyczyn problemów identyfikacyjnych w kontekście molekularnego rozróżniania gatunków. Praca ta poszerza zakres analiz, uwzględniając różnorodność linii filogenetycznych w Poales oraz identyfikuje taksony i grupy, w których niska różnorodność genomów plastydowych istotnie ogranicza ich zastosowanie w identyfikacji molekularnej.

W badaniach zastosowano pełne sekwencje genomów plastydowych z różnych linii ewolucyjnych Poales, co umożliwiło porównawcze ujęcie zmienności i rozdzielczości taksonomicznej na szerokim tle filogenetycznym. W badaniach wykorzystano dane własne oraz wszystkie dostępne w bazie GenBank kompletne sekwencje genomów plastydowych roślin z rzędu Poales – łącznie 793 gatunków i 1707 osobników reprezentujących 96 rodzajów.

Najważniejsze wyniki badań wskazują na bardzo niski poziom zmienności genomów plastydowych w wielu liniach filogenetycznych. Wykazano, że w grupach takich jak Poaceae i taksony pokrewne plastomy często zachowują wysoką konserwatywność sekwencji, co utrudnia jednoznaczną klasyfikację molekularną gatunków. Trudności te nie wynikają jedynie z niskiego poziomu zmienności międzygatunkowej, lecz także z niewielkiego udziału mutacji prywatnych, co ogranicza skuteczność identyfikacji. Oznacza to, że sama obecność zmiennych miejsc w sekwencji nie przesądza o ich wartości diagnostycznej, ponieważ nie zawsze są one gatunkowo specyficzne. Przykładami rodzajów szczególnie problematycznych pod tym względem są *Secale*, *Triticum*, *Aegilops*, *Elymus* i *Campeiostrachys*. Wyniki potwierdzają, że nawet analiza pełnych sekwencji plastydowych (super-barkodów) nie zapewnia wiarygodnej identyfikacji gatunków w niektórych grupach.

Dodatkowym utrudnieniem w identyfikacji molekularnej na podstawie sekwencji plastydowych jest zjawisko przechwytywania chloroplastów w wyniku międzygatunkowej hybrydyzacji, prowadzącej do powstania nowych kombinacji genomów jądrowych i plastydowych^[16]. Udokumentowano je m.in. u Triticeae (*Thinopyrum–Pseudoroegneria*, *Aegilops–Triticum*)^[17,18] a także w rodzajach *Stipa*^[4] i *Zea*^[19,20]. Transfer plastomów może następować między innymi w wyniku zrastania korzeni^[21,22] lub poprzez wektory pasożytnicze^[22,23].

Uzyskane wyniki wskazują na potrzebę stosowania danych komplementarnych, zwłaszcza genomów jądrowych, dla precyzyjnej identyfikacji i delimitacji gatunków. Głównym wnioskiem jest zatem wskazanie ograniczeń plastomów jako uniwersalnych markerów molekularnych oraz konieczność integrowania danych genomowych z różnych źródeł w badaniach taksonomicznych i filogenetycznych Poales. Badania te stanowią także ważny

kontekst dla wcześniejszych analiz ostnic, poszerzając wiedzę o mechanizmach molekularnej różnorodności w Poales i wyznaczając kierunki przyszłych badań, zwłaszcza w grupach traw, których klasyfikacja systematyczna jest niejednoznaczna. Innowacyjność osiągnięcia polega na wykazaniu, że pomimo postępu w sekwencjonowaniu całych plastomów, ich ograniczona zmienność w wielu grupach roślin sprawia, iż niezbędne jest rozwijanie i integrowanie danych pochodzących także z genomów jądrowych.

Cel badań: Ocena przydatności fragmentów genomu mitochondrialnego do identyfikacji gatunków i rekonstrukcji filogenezy w obrębie plemienia Stipeae

Publikacja 1.5 - Krawczyk K., Maździarz M., Pauksto Ł., Nobis M., Sawicki J. (2025) Phylogenetic reconstruction and species delimitation in Stipeae with special reference to *Stipa* (Poaceae, Pooideae) using mitochondrial genomes. *Cladistics*, 1-14. DOI: 10.1111/CLA.12618

W ostatniej z prac składających się na omawiane osiągnięcie badawcze skoncentrowaliśmy się na analizie genomów mitochondrialnych traw z plemienia Stipeae, ze szczególnym uwzględnieniem rodzaju *Stipa*. W ostatnich latach mitogenomy zyskały znaczenie jako alternatywne źródło danych w filogenetyce roślin, badaniach filogeograficznych i ekologicznych, stanowiąc istotne uzupełnienie dla genomów plastydowych oraz sekwencji jądrowych^[24,25,26,27]. Dynamiczny rozwój technologii sekwencjonowania długich odczytów umożliwił składowanie genomów mitochondrialnych, które charakteryzują się znaczną zmiennością strukturalną i licznymi rearanżacjami^[28]. Analiza tej zmienności otwiera nowe możliwości w rekonstrukcji historii ewolucyjnej roślin, szczególnie w taksonach, w których częste procesy hybrydyzacji i introgresji utrudniają klasyczne podejście filogenetyczne. Wychodząc naprzeciw tym wyzwaniom, podjęliśmy próbę włączenia do analiz drugiego źródła danych organellowych – genomów mitochondrialnych – których potencjał w badaniach nad trawami pozostawał dotychczas niemal niewykorzystany.

Badaniami objęto 49 przedstawicieli plemienia Stipeae, w tym 43 gatunki rodzaju *Stipa* oraz sześć gatunków reprezentujących inne rodzaje. Kluczowym elementem było opracowanie pierwszego kompletnego mitochondrialnego genomu w tej grupie, uzyskanego dla *Nassella tenuissima*. Na jego podstawie wyselekcjonowano 29 fragmentów mitochondrialnych o łącznej długości blisko 140 tys. par zasad. Były to fragmenty unikalne w mitogenomie, nie zawierające transferów plastydowych oraz obecne u wszystkich badanych gatunków. Zestaw ten posłużył do analiz filogenetycznych i porównawczych, których celem była ocena przydatności markerów mitochondrialnych w delimitacji gatunków z uwzględnieniem opracowanych plastydowych super-barkodów.

Przeprowadzone analizy wykazały wysoką wartość poznawczą danych mitochondrialnych. Pozwoliły one na poprawną identyfikację gatunków w około 75% przypadków, przewyższając nieco skutecznością genomy plastydowe (ok. 71%). Uzyskane drzewa filogenetyczne w dużej mierze potwierdzały relacje sugerowane na podstawie danych plastydowych, a w wybranych kładach dostarczyły dodatkowego wsparcia. Wyniki te dowodzą, że mimo wolniejszego tempa ewolucji oraz złożonej dynamiki strukturalnej, fragmenty mitochondrialne mogą stanowić wartościowe uzupełnienie w badaniach filogenetycznych i taksonomicznych.

W niniejszej pracy po raz pierwszy opisany został kompletny mitochondrialny genom przedstawiciela plemienia Stipeae, co stworzyło fundament dla przyszłych badań z zakresu filogenomiki porównawczej, filogeografii oraz molekularnej identyfikacji gatunków w tej grupie roślin. Z kolei wyselekcjonowany przez nas zestaw markerów mitochondrialnych może być wykorzystywany w kolejnych projektach poświęconych ewolucji i różnorodności traw.

PODSUMOWANIE WYNIKÓW OSIĄGNIĘCIA NR 1

Osiągnięcie nr 1 polegało na kompleksowej ocenie przydatności nowych typów markerów molekularnych – regionu IGS jądrowego rRNA, pełnych genomów plastydowych oraz fragmentów genomów mitochondrialnych – do rozwiązywania problemów filogenetycznych, identyfikacji gatunków i analiz ewolucji w rodzaju *Stipa* oraz w rzędzie Poales. Wyniki badań wykazały, że sekwencje IGS oraz kompletne plastomy umożliwiają skuteczniejszą identyfikację gatunków i wyjaśnianie ich relacji niż klasyczne markery, a wybrane geny plastydowe przejawiają oznaki adaptacyjnej ewolucji pod wpływem selekcji środowiskowej. Genom mitochondrialny z kolei okazał się wartościowym uzupełnieniem w taksonomii i filogenetyce traw, zwłaszcza w grupach o wysokim stopniu hybrydyzacji. Trwają dalsze badania, których celem jest rozszerzenie analiz o kolejne gatunki oraz wdrożenie technologii DArT-seq, co pozwoli na poszerzenie spektrum analizowanych markerów i pogłębienie wiedzy o ewolucji oraz systematyce *Stipa* i taksonów jej pokrewnych.

BIBLIOGRAFIA

1. Hamasha, H. R., von Hagen, K. B., Röser, M., & Gemeinholzer, B. (2012). *Stipa* (Poaceae) and allied genera: Molecular phylogenetics and classification. *Plant Systematics and Evolution*, 298, 351–367. <https://doi.org/10.1007/s00606-011-0548-2>
2. Romaschenko, K., Peterson, P. M., Soreng, R. J., Futorna, O., & Susanna, A. (2012). Phylogenetics of *Stipa* (Poaceae: Stipeae) based on plastid and nuclear DNA sequences. *Taxon*, 61(1), 18–44. <https://doi.org/10.1002/tax.611003>
3. Romaschenko, K., Peterson, P. M., Soreng, R. J., Garcia-Jacas, N., & Susanna, A. (2010). Phylogenetics of Stipeae (Poaceae: Pooideae) based on plastid and nuclear DNA sequences. In *Diversity, phylogeny, and evolution in monocotyledons* (pp. 511–537).
4. Nobis, M., Gudkova, P. D., Baiakhmetov, E., Żabicka, J., Krawczyk, K., & Sawicki, J. (2019). Hybridisation, introgression events and cryptic speciation in *Stipa* (Poaceae): A case study of the *Stipa heptapotamica* hybrid-complex. *Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics*, 39, 125457. <https://doi.org/10.1016/j.ppees.2019.05.001>
5. Baldwin, B. G., Sanderson, M. J., Porter, J. M., Wojciechowski, M. F., Campbell, C. S., & Donoghue, M. J. (1995). The ITS region of nuclear ribosomal DNA: A valuable source of evidence on angiosperm phylogeny. *Annals of the Missouri Botanical Garden*, 82(2), 247–277. <https://doi.org/10.2307/2399880>.
6. Hemleben, V., Ganal, M., Gerstner, J., Schiebel, K., & Torres, R. A. (1988). Organization and length heterogeneity of plant ribosomal RNA genes. *Nucleic Acids Research*, 16(15), 6305–6317. <https://doi.org/10.1093/nar/16.15.6305>

7. Rogers, S. O., & Bendich, A. J. (1987). Ribosomal RNA genes in plants: Variability in copy number and in the intergenic spacer. *Plant Molecular Biology*, 9, 509–520. <https://doi.org/10.1007/BF00015882>
8. Cialdella, A. M., et al. (2010). Phylogeny of New World Stipeae (Poaceae): An evaluation of the monophyly of *Aciachne* and *Amelichloa*. *Cladistics*, 26(6), 563–578.
9. Wysocki, W. P., Clark, L. G., Attigala, L., Ruiz-Sanchez, E., & Duvall, M. R. (2015). Evolution of the bamboos (Bambusoideae; Poaceae): A full plastome phylogenomic analysis. *BMC Evolutionary Biology*, 15, 50.
10. Hand, M. L., Spangenberg, G. C., Forster, J. W., & Cogan, N. O. (2013). Plastome sequence determination and comparative analysis for members of the *Lolium–Festuca* grass species complex. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 3(4), 607–616.
11. Burisch, C., Wildner, G. F., & Schlitter, J. (2007). Bioinformatic tools uncover the C-terminal strand of Rubisco's large subunit as hot-spot for specificity-enhancing mutations. *FEBS Letters*, 581, 741–748.
12. Christin, P.-A., Salamin, N., Muasya, A. M., Roalson, E. H., Russier, F., & Besnard, G. (2008). Evolutionary switch and genetic convergence on *rbcL* following the evolution of C4 photosynthesis. *Molecular Biology and Evolution*, 25, 2361–2368.
13. Piot, A., Hackel, J., Christin, P.-A., & Besnard, G. (2018). One-third of the plastid genes evolved under positive selection in PACMAD grasses. *Planta*, 247, 255–266.
14. Gutteridge, S., Rhoades, D. F., & Herrmann, C. (1993). Site-specific mutations in a loop region of the C-terminal domain of the large subunit of ribulose biphosphate carboxylase/oxygenase that influence substrate partitioning. *Journal of Biological Chemistry*, 268, 7818–7824.
15. Schlitter, J., & Wildner, G. F. (2000). The kinetics of conformation change as determinant of Rubisco's specificity. *Photosynthesis Research*, 65, 7–13.
16. Rieseberg, L. H., & Soltis, D. E. (1991). Phylogenetic consequences of cytoplasmic gene flow in plants. *Evolutionary Trends in Plants*.
17. Petersen, G., Seberg, O., Yde, M., & Berthelsen, K. (2006). Phylogenetic relationships of *Triticum* and *Aegilops* and evidence for the origin of the A, B, and D genomes of common wheat (*Triticum aestivum*). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 39, 70–82. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2006.01.023>
18. Bernhardt, N., Brassac, J., Kilian, B., & Blattner, F. R. (2017). Dated tribe-wide whole chloroplast genome phylogeny indicates recurrent hybridizations within Triticeae. *BMC Evolutionary Biology*, 17, 141. <https://doi.org/10.1186/s12862-017-0989-9>.
19. Morales-Briones, D. F., Liston, A., & Tank, D. C. (2018). Phylogenomic analyses reveal a deep history of hybridization and polyploidy in the Neotropical genus *Lachemilla* (Rosaceae). *New Phytologist*, 218, 1668–1684. <https://doi.org/10.1111/nph.15099>
20. Wu, H., Yang, J.-B., Liu, J.-X., Li, D.-Z., & Ma, P.-F. (2022). Organelle phylogenomics and extensive conflicting phylogenetic signals in the monocot order Poales. *Frontiers in Plant Science*, 12. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.824672>
21. Stegemann, S., & Bock, R. (2009). Exchange of genetic material between cells in plant tissue grafts. *Science*, 324, 649–651. <https://doi.org/10.1126/science.1170397>

22. Stegemann, S., Keuthe, M., Greiner, S., & Bock, R. (2012). Horizontal transfer of chloroplast genomes between plant species. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *109*, 2434–2438. <https://doi.org/10.1073/pnas.1114076109>
23. Gao, C., Ren, X., Mason, A. S., Liu, H., Xiao, M., Li, J., et al. (2014). Horizontal gene transfer in plants. *Functional & Integrative Genomics*, *14*, 23–29. <https://doi.org/10.1007/s10142-013-0345-0>.
24. Van de Paer, C., Bouchez, O., & Besnard, G. (2018). Prospects on the evolutionary mitogenomics of plants: A case study on the olive family (Oleaceae). *Molecular Ecology Resources*, *18*, 407–423. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12742>
25. Huang, B., Ruess, H., Liang, Q., Colleoni, C., & Spooner, D. M. (2019). Analyses of 202 plastid genomes elucidate the phylogeny of *Solanum* section *Petota*. *Scientific Reports*, *9*, 4454. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-40790-5>
26. Ke, S., Jiang, Y., Zhou, M., & Li, Y. (2023). Genome-wide identification, evolution, and expression analysis of the WD40 subfamily in the *Oryza* genus. *International Journal of Molecular Sciences*, *24*, Article 15776. <https://doi.org/10.3390/ijms242115776>
27. Wang, J., Kan, S., Liao, X., Zhou, J., Tembrock, L. R., Daniell, H., Jin, S., & Wu, Z. (2024). Plant organellar genomes: Much done, much more to do. *Trends in Plant Science*, *29*, 754–769.
28. Sloan, D. B., Alverson, A. J., Chuckalovcak, J. P., Wu, M., McCauley, D. E., Palmer, J. D., & Taylor, D. R. (2012). Rapid evolution of enormous, multichromosomal genomes in flowering plant mitochondria with exceptionally high mutation rates. *PLOS Biology*, *10*, e1001241.

OSIĄGNIĘCIE NAUKOWE NR 2

PORÓWNAWCZA ANALIZA EWOLUCJI I REORGANIZACJI GENOMÓW ORGANELLOWYCH RODZAJU *RIBES* ORAZ CHARAKTERYSTYKA TRANSFERÓW PLASTYDOWO- MITOCHONDRIALNYCH

PUBLIKACJE SKŁADAJĄCE SIĘ NA OSIĄGNIĘCIE NAUKOWE NR 2

Osiągnięcie naukowe nr 2 składa się z cyklu oryginalnych publikacji naukowych:

2.1 Klubowicz K., Sawicki J., Paukszto L., Ciborowski K., Maździarz M., **Krawczyk K.*** (2024) Organellar genome evolution in *Ribes* L.: hotspots of mutation, sequence transfer, codon usage, and phylogenetic context. *Tree Genetics & Genomes*, 20(6): 1-14.

[IF=1,6; IF₅=1,7; MNiSW₂₀₂₄=70 pkt.; liczba cytowań wg SCOPUS=2, WoS=2]

Mój udział obejmował nadzór nad realizacją badań oraz znaczący wkład w opracowanie manuskryptu. Byłam współautorką koncepcji badań, odpowiadałam za zebranie materiału roślinnego w terenie oraz przeprowadziłam część analiz dotyczących zmienności genomów i ich przydatności w molekularnej identyfikacji gatunków. Wspólnie z pierwszą autorką aktywnie uczestniczyłam w przygotowaniu i redakcji manuskryptu. Pełniłam funkcję opiekuna naukowego, koordynując etapy badań oraz prace redakcyjne nad prezentacją wyników.

* *Autor korespondencyjny*

2.2 Maździarz M., **Krawczyk K.*** (2026) Transgenomes: automated detection and characterization of mitochondrial-plastid DNA transfers. *Journal of Plant Research* DOI: 10.1007/s10265-026-01709-0

[IF=2,7; IF₅=2,9; MNiSW₂₀₂₄=100 pkt.; liczba cytowań wg SCOPUS= 0, WoS=0]

Mój udział obejmował nadzór nad realizacją badań oraz znaczący wkład w opracowanie manuskryptu. Byłam współautorką koncepcji badań, odpowiadałam za analizę genomów *Ribes*, interpretację wyników dotyczących transferów DNA oraz współtworzenie i redakcję manuskryptu. Współpracowałam z pierwszym autorem nad implementacją pakietu *transgenomes* oraz wizualizacją wyników. Pełniłam funkcję opiekuna naukowego, koordynując etapy bioinformatyczne i prace redakcyjne.

* *Autor korespondencyjny*

Łącznie dla wyżej wymienionego cyklu publikacji:

Sumaryczny **Impact Factor (IF)** zgodnie z rokiem opublikowania: **4,3**.

Całkowita liczba punktów **MNiSW** zgodnie z rokiem opublikowania: **170**.

Liczba cytowań według bazy **SCOPUS**: **2**

Liczba cytowań według bazy **Web of Science Core Collection**: **2**

Impact factor podano zgodnie z rokiem opublikowania prac. Punkty MNiSW podano zgodnie z listą obowiązującą w roku opublikowania prac. Oświadczenia współautorów określające indywidualny wkład w powstanie poszczególnych publikacji zamieszczono w **Załączniku 5**

WPROWADZENIE

Postęp w genomice roślin w ostatnich latach znacząco poszerzył możliwości badań ewolucyjnych i filogenetycznych, przesuując punkt ciężkości z analiz pojedynczych markerów DNA w stronę podejść obejmujących kompletne genomy, w tym genomy organellowe. W tym kontekście rośliny z rodzaju porzeczka (*Grossulariaceae: Ribes*), obejmujące gatunki o istotnym znaczeniu ekologicznym, ozdobnym i użytkowym, stanowią szczególnie interesujący model do badań nad zmiennością genomów plastydowych i mitochondrialnych. Dotychczasowe analizy w obrębie tego rodzaju koncentrowały się głównie na wybranych fragmentach DNA, co ograniczało możliwość pełnego poznania dynamiki ewolucyjnej organelli.

W przeprowadzonych badaniach wykorzystano kompletne plastomy i mitogenomy, co umożliwiło identyfikację regionów o podwyższonej zmienności mutacyjnej, analizę transferów materiału genetycznego pomiędzy organellami oraz ocenę preferencji użycia kodonów. Uzyskane dane pozwoliły również na bardziej precyzyjną rekonstrukcję relacji filogenetycznych z wykorzystaniem nowych, wysoce zmiennych regionów, które mogą pełnić funkcję markerów zarówno w badaniach filogenetycznych, jak i w identyfikacji gatunków.

Jednym z kluczowych procesów kształtujących strukturę i ewolucję genomów organellowych jest wewnątrzkomórkowy transfer genów (z ang. intracellular gene transfer IGT), polegający na przemieszczaniu się sekwencji DNA pomiędzy organellami tej samej komórki, na przykład między mitochondriami a plastydami.^[1,2] Proces ten prowadzi do powstawania homologicznych regionów w obrębie genomów organellowych. W roślinach najczęściej obserwowane są transfery z plastydów do mitochondriów (PT→MT), które mogą wpływać na architekturę genomów, modyfikować ekspresji genów oraz współkształtować zróżnicowanie linii ewolucyjnych^[1-4]. Mimo rosnącej liczby badań nad IGT, wzorce tych transferów na poziomie wewnątrzrodzajowym pozostają nadal słabo poznane, zwłaszcza w kontekście ich wykorzystania w analizach filogenetycznych.

Podjęcie badań nad IGT w rodzaju *Ribes* było uzasadnione zarówno znaczeniem gospodarczym tej grupy, jak i trudnościami w rekonstrukcji relacji filogenetycznych między gatunkami. Dodatkowo, dynamika ewolucji genomów mitochondrialnych w obrębie rzędu Saxifragales pozostaje nadal słabo poznana. Dotychczas stosowane podejścia, oparte głównie na analizach BLASTn, dostarczają przede wszystkim informacji o lokalizacji regionów homologicznych, nie obejmując ich pełnej interpretacji funkcjonalnej ani integracji z anotacją genomową^[5]. Ogranicza to możliwość kompleksowej analizy skali transferów, ich wizualizacji oraz porównań ewolucyjnych, takich jak analiza zawartości GC.

W odpowiedzi na te ograniczenia opracowano narzędzie bioinformatyczne w postaci oprogramowania *transgenomes*, umożliwiające automatyczną detekcję transferów DNA między genomami organellowymi, identyfikację zaangażowanych genów, ilościową ocenę udziału przeniesionego materiału, wizualizację regionów źródłowych oraz ekstrakcję sekwencji do dalszych analiz statystycznych. Narzędzie to wypełnia istotną lukę metodologiczną, umożliwiając kompleksowe badanie zmienności IGT oraz wykorzystanie tych danych w analizach systematycznych i ewolucyjnych roślin.

Nowatorstwo osiągnięcia naukowego nr 2 polega na pierwszym kompleksowym opisie ewolucji genomów organellowych *Ribes*, obejmującym identyfikację regionów o podwyższonej zmienności mutacyjnej, transferów DNA i nowych markerów filogenetycznych (publikacja 2.1), a także na opracowaniu otwartego pakietu *transgenomes* do zautomatyzowanej detekcji i charakterystyki transferów mitochondrialno-plastydowych na poziomie wielu genomów (publikacja 2.2).

OPIS OSIĄGNIĘCIA NAUKOWEGO NR 2

Cele badań składających się na osiągnięcie naukowe nr 2 obejmują:

1. Kompleksowe poznanie mechanizmów ewolucji genomów organellowych rodzaju *Ribes* w kontekście ich zmienności, transferu sekwencji oraz relacji filogenetycznych,
2. Opracowanie i walidacja narzędzia bioinformatycznego do standaryzowanej, automatycznej analizy transferów DNA między genomami mitochondrialnym i plastydowym, z demonstracją jego zastosowania na genomach *Ribes* i innych modelach roślinnych (*Daucus carota*, *Nassella tenuissima*).

Osiągnięcie nr 2 opisano w podrozdziałach odpowiadających poszczególnym celom:

Cel badań: Kompleksowe poznanie mechanizmów ewolucji genomów organellowych rodzaju *Ribes* w kontekście ich zmienności, transferu sekwencji oraz relacji filogenetycznych

Publikacja 2.1 – Klubowicz K., Sawicki J., Pauksto Ł., Ciborowski K., Maździarz M., Krawczyk K.* (2024) Organellar genome evolution in *Ribes* L.: hotspots of mutation, sequence transfer, codon usage, and phylogenetic context. *Tree Genetics & Genomes*, 20(6): 1-14.

Badania przedstawione w publikacji 2.1 miały na celu wszechstronną charakterystykę genomów organellowych porzeczki alpejskiej *Ribes alpinum* oraz ich porównanie z danymi innych przedstawicieli rodziny Grossulariaceae a w przypadku genomu chloroplastowego także z *Saxifraga insolens* z rodziny Saxifragaceae. Jednym z kluczowych wyników było wskazanie wysoce zmiennych regionów plastomu, które mogą stanowić użyteczne markery molekularne w analizach filogenetycznych i systematycznych tej grupy roślin, a także służyć do molekularnej identyfikacji gatunków jako barkody DNA. W szczególności sekwencje dwóch regionów międzygenowych, *petN-psbM* oraz *trnS-trnG*, zostały zidentyfikowane jako konkurencyjne wobec standardowo wykorzystywanych barkodów, a także wobec wysoce zmiennego genu *ycf1*. Regiony te nie były uprzednio wykorzystywane w badaniach nad

Grossulariaceae, chociaż z powodzeniem stosowano je w analizach filogenetycznych innych grup roślin^[6], obejmujących Fabaceae^[7,8], Rosaceae^[9] oraz Scrophulariaceae^[10].

W pracy szczegółowo przeanalizowano również zjawisko transferu sekwencji pomiędzy genomem chloroplastowym a mitochondrialnym u *R. alpinum* oraz porównano jego skalę z wynikami uzyskanymi wcześniej dla porzeczki czarnej *R. nigrum*. W mitogenomie *R. alpinum* zidentyfikowano 11 homologów plastydowych (MTPT), które stanowiły 2,53% genomu mitochondrialnego, podczas gdy w literaturze dotyczącej *Ribes nigrum*^[5] opisano 14 transferów. Co istotne, wykazano wyraźne różnice w składzie tych sekwencji pomiędzy oboma gatunkami, — spośród genów białkowych obecnych przynajmniej częściowo w regionach transferu jedynie cztery były wspólne: *psbE*, *petL*, *ycf3* i *psbC*.

Badania umożliwiły ponadto porównanie preferencji użycia kodonów pomiędzy plastomem a mitogenomem. Dodatkowo, przeprowadzono rekonstrukcję filogenezy na podstawie genomu chloroplastowego, która zweryfikowała dotychczasowe hipotezy dotyczące pokrewieństwa *R. alpinum* z innymi gatunkami, potwierdzając przynależność tego gatunku do wczesnej, odrębnej linii filogenetycznej^[5]. Wyniki te poszerzają zasób narzędzi molekularnych stosowanych w systematyce roślin oraz wnoszą nową wiedzę do badań ewolucyjnych w obrębie Grossulariaceae.

Do złożenia genomu plastydowego i mitochondrialnego porzeczki alpejskiej, wykorzystano technologię sekwencjonowania nanoporowego, umożliwiającą odczytywanie długich fragmentów DNA w czasie rzeczywistym. Ze względu na długość generowanych odczytów metoda ta jest szczególnie przydatna w składaniu genomów *de novo*, pozwalając na dokładniejszą rekonstrukcję złożonych struktur, w tym dużych powtórzeń i wariantów strukturalnych. W badaniach nad genomem mitochondrialnym *R. alpinum* zastosowanie tej technologii zapewniło wysoką jakość i ciągłość sekwencji, co było kluczowe dla dalszych analiz ewolucyjnych i funkcjonalnych.

Cel badań: Opracowanie i walidacja narzędzia bioinformatycznego do standaryzowanej, automatycznej analizy transferów DNA między genomami mitochondrialnym i plastydowym, z demonstracją jego zastosowania na genomach *Ribes* i innych modelach roślinnych (*Daucus carota*, *Nassella tenuissima*)

Publikacja 2.2 – Maździarz M., Krawczyk K.* (2026) Transgenomes: automated detection and characterization of mitochondrial-plastid DNA transfers. Journal of Plant Research DOI: 10.1007/s10265-026-01709-0.

Celem badań było opracowanie i walidacja narzędzia bioinformatycznego do standaryzowanej oraz w pełni zautomatyzowanej analizy transferów DNA między genomami mitochondrialnym i plastydowym. Idea opracowania takiego narzędzia wywodzi się z naszych wcześniejszych badań nad genomami organellowymi rodzaju *Ribes*, w których ujawniła się potrzeba stworzenia rozwiązania upraszczającego i standaryzującego analizę transferów między organellami. Narzędzie to zaprojektowaliśmy z myślą zarówno o usprawnieniu własnych analiz, jak i o udostępnieniu go szerszemu gronu użytkowników zainteresowanych badaniem zjawiska

IGT, umożliwiając jednocześnie bardziej pogłębioną i kompleksową charakterystykę zjawiska przenoszenia DNA między genomami mitochondrialnym i plastydowym.

Pakiet *transgenoms*, zaimplementowany w środowisku R, integruje wyniki analiz BLASTn z anotacjami genomowymi (BED/GFF), umożliwiając kompleksową identyfikację wewnątrzkomórkowego transferu genów (IGT). Proces analizy obejmuje automatyczną detekcję homologicznych regionów, klasyfikację kierunku transferów (plastyd – mitochondrium oraz mitochondrium – plastyd), ekstrakcję sekwencji, analizy statystyczne, w tym ocenę zawartości GC, a także wizualizację wyników, w tym relacji syntenicznych. W konsekwencji narzędzie to eliminuje ograniczenia tradycyjnych, manualnych analiz w genomice porównawczej, zapewniając powtarzalność i skalowalność badań.

Walidację pakietu *transgenomes* przeprowadzono na genomach pięciu gatunków rodzaju *Ribes* (*R. alpinum*, *R. meyeri*, *R. nigrum*, *R. odoratum*, *R. stenocarpum*), a także na genomach innych modeli roślinnych: *Daucus carota* i *Nassella tenuissima*. Zastosowanie narzędzia pozwoliło na wykrycie zróżnicowanej liczby transferów międzygenomowych w analizowanych gatunkach, wyraźnie zwiększając ich wykrywalność – przykładowo w *R. alpinum* liczba zidentyfikowanych transferów wzrosła z 11 (ok. 9500 pz) do 46 (ok. 17 000 pz). Analizy wykazały dominujący udział sekwencji związanych z rRNA, a także obecność fragmentów zawierających geny kodujące białka, takie jak *infA*, *petB*, *petD* czy *psaJ*.

Szczególnie istotnym wynikiem badań było wykazanie, że transfery obejmujące geny kodujące białka niosą istotny sygnał filogenetyczny umożliwiający różnicowanie linii ewolucyjnych w obrębie rodzaju *Ribes*. Wskazuje to, że architektura genomów organellowych może stanowić nośnik informacji o znaczeniu systematycznym, wykraczającym poza klasyczne markery molekularne. Jednocześnie zaobserwowana akumulacja transferów w genomie *R. alpinum* sugeruje istnienie specyficznych mechanizmów sprzyjających intensyfikacji IGT w tym gatunku oraz potencjalnych konsekwencji funkcjonalnych tego zjawiska. Ich wyjaśnienie wymaga jednak dalszych, zintegrowanych badań obejmujących analizy transkryptomiczne, proteomiczne oraz porównawcze podejścia filogenomiczne.

PODSUMOWANIE WYNIKÓW OSIĄGNIĘCIA NR 2

Osiągnięcie nr 2 koncentruje się na badaniach nad ewolucją genomów organellowych rodzaju *Ribes*, obejmujących identyfikację regionów o podwyższonej zmienności mutacyjnej, analizę transferów sekwencji DNA między organellami oraz wyznaczenie nowych markerów filogenetycznych, a także opracowanie narzędzia bioinformatycznego umożliwiającego ich zautomatyzowaną analizę. Uzyskane wyniki istotnie poszerzają wiedzę o zmienności genomów porzeczek, dostarczając jednocześnie nowych narzędzi dla systematyki i analiz porównawczych profili transferów międzygenomowych. Badania te umożliwiły również szczegółową charakterystykę referencyjnych genomów wybranych przedstawicieli Grossulariaceae oraz doprowadziły do stworzenia otwartego, ogólnodostępnego narzędzia do analizy transferów między organellami.

Wyniki tych badań przyczyniają się z jednej strony do lepszego zrozumienia mechanizmów kształtujących ewolucję genomów organellowych, z drugiej zaś dostarczają użytecznych markerów molekularnych wspierających badania taksonomiczne i filogenetyczne. Osiągnięcie

to wpisuje się w aktualne kierunki rozwoju genomiki roślin, oparte na kompleksowym i zintegrowanym wykorzystaniu danych genomowych w badaniach nad ewolucją i różnorodnością roślin.

BIBLIOGRAFIA

1. Gandini CL, Sanchez-Puerta MV (2017) Foreign plastid sequences in plant mitochondria are frequently acquired via mitochondrion-to-mitochondrion horizontal transfer. *Sci Rep* 7: 43402. <https://doi.org/10.1038/srep43402>
2. Park S, Park SJ (2023) Intrageneric structural variation in organelle genomes from the genus *Dystaenia* (Apiaceae): genome rearrangement and mitochondrion-to-plastid DNA transfer. *Front Plant Sci* 14: 1283292. <https://doi.org/10.3389/FPLS.2023.1283292>
3. Straub SCK, Cronn RC, Edwards C, Fishbein M, Liston A (2013) Horizontal transfer of DNA from the mitochondrial to the plastid genome and its subsequent evolution in milkweeds (Apocynaceae). *Genome Biol Evol* 5: 1872–1885.
4. Chen Y, Wang W, Zhang S, Zhao Y, Feng L, Zhu C (2024) Assembly and analysis of the complete mitochondrial genome of *Carya illinoensis* to provide insights into the conserved sequences of tRNA genes. *Sci Rep* 14: 28571. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-75324-1>
5. Zhang, B., Yu, Z., Xu, Z., & Zheng, B. (2023). A phylogenetic and morphological evolution study of *Ribes* L. in China using RAD-Seq. *Plants*, 12(4): 829.
6. Adams, R. P., Rumeu, B., Nogales, M., & Fontinha, S. S. (2010). Geographic Variation And Systematics Of *Juniperus phoenicea* L. From Madeira And The Canary Islands. SNPs From nrDNA and *petN-psbM*.
7. Zhang, M., Fritsch, P. W., & Cruz, B. C. (2009). Phylogeny of *Caragana* (Fabaceae) based on DNA sequence data from *rbcL*, *trnS-trnG*, and *ITS*. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 50, 547–559.
8. Zhang, M. L., Wen, Z., Bin, Hao, X. L., et al. (2015). Taxonomy, phylogenetics and biogeography of *Chesneya* (Fabaceae), evidenced from *ITS*, *trnS-trnG*, and *rbcL*. *Biochemical Systematics and Ecology*, 63, 80–89.
9. Vafadar M, Osaloo SK, Attar F (2014) Molecular phylogeny of the genus *Amygdalus* (Rosaceae) based on nrDNA ITS and cpDNA *trns-trng* sequences. *Turk J Bot* 38:439–452. <https://doi.org/10.3906/bot-1303-46>
10. Attar F, Riahi M, Daemi F, Aghabeigi F (2011) Preliminary molecular phylogeny of eurasian *Scrophularia* (Scrophulariaceae) based on DNA sequence data from *trns-trng* and *ITS* regions. *Plant Biosystems - Int J Dealing all Aspects Plant Biology* 145:857–865. <https://doi.org/10.1080/11263504.2011.590826>
11. Ding H, Bi D, Zhang S et al (2022) The mitogenome of *Sedum plumbizincicola* (Crassulaceae): insights into RNA editing, lateral gene transfer, and phylogenetic implications. *Biology (Basel)* 11. <https://doi.org/10.3390/biology11111661>

OSIĄGNIĘCIA NAUKOWE PRZED UZYSKANIEM STOPNIA DOKTORA

1. Rewizja systematyki i filogenezy rodzaju *Lamium* L. (Lamiaceae) w oparciu o porównawczą analizę markerów z genomu jądrowego, plastydowego i mitochondrialnego

Po obronie pracy magisterskiej, w trakcie studiów doktoranckich pracowałam pod kierunkiem prof. dr. hab. Tadeusza Korniaaka oraz prof. dr. hab. Jakuba Sawickiego. Prowadzone przeze mnie badania dotyczyły zmienności genetycznej, rekonstrukcji filogenezy oraz weryfikacji podziału systematycznego rodzaju jasnota *Lamium* w oparciu o analizę sekwencji wybranych 11 markerów molekularnych reprezentujących genom jądrowy, chloroplastowy oraz mitochondrialny. W latach 2011-2013 pełniłam funkcję kierownika projektu pt. „Filogeneza rodzaju *Lamium* L.”, 2011/01/N/NZ8/02208. Badania realizowane zarówno w ramach projektu jak i przed nim pozwoliły istotnie zaktualizować podział systematyczny i obraz ewolucji rodzaju *Lamium*, dostarczając nowych przesłanek dla delimitacji trudnych taksonów i potwierdzając użyteczność wybranych markerów molekularnych zarówno w analizach filogenetycznych, jak i delimitacji gatunków.

Kluczowe wyniki badań obejmują:

- Ustalenie, że *Galeobdolon luteum* nie jest wystarczająco odległy genetycznie od właściwego rodzaju jasnota, co uzasadnia jego włączenie do tego rodzaju. Podniesienie rangi czterech podgatunków, wyróżnianych obecnie w obrębie *Galeobdolon luteum*, nie znajduje poparcia w wynikach badań filogenetycznych.
- Ustalenie, że spośród wszystkich analizowanych markerów najlepszą informatywność filogenetyczną mają geny *rpo*, zwłaszcza *rpoA*, choć ich zmienność nie jest wystarczająca do pełnej rekonstrukcji historii całego rodzaju.
- Odkrycie, że mutacje w genach *rpo*, powstałe pod wpływem doboru naturalnego, mogą mieć istotne znaczenie dla wyodrębniania się linii filogenetycznych *Lamium* oraz wpływać na właściwości kodowanych peptydów.
- Potwierdzenie, że *L. garganicum* i *L. gevorense* są gatunkami o pochodzeniu polifiletycznym. *L. album* i *L. tomentosum* to taksony parafiletyczne. Pozostałe zbadane gatunki należące do rodzaju *Lamium* są monofiletyczne.
- Wskazanie, że nie udało się zidentyfikować uniwersalnego barkodu DNA – największą skuteczność (ok. 78%) w rozpoznawaniu gatunków osiągnięto dla kombinacji *matK+trnH-psbA*. Część gatunków mieszańcowych i polifiletycznych nadal sprawia trudności identyfikacyjne.

Szczegółowe wyniki tych badań zostały przedstawione w pięciu pracach oryginalnych, spośród których trzy (prace 3-5) stanowiły podstawę rozprawy doktorskiej:

1. **Wąsowicz K.**, Szczecińska M., Sawicki J. (2010) Genetic relationships between four Polish *Lamium* species (*L. amplexicaule*, *L. incisum*, *L. moluccellifolium*, *L. purpureum*). Čas. Slez. Muz. Opava (A), 59: 209-216.

2. **Wąsowicz K.**, Szczecińska M., Sawicki J. (2011) The reasons for low intrapopulation genetic variation in *Lamium incisum* Willd. Čas. Slez. Muz. Opava (A), 60: 79-84.
3. **Krawczyk K.**, Korniak T., Sawicki J. (2013) Taxonomic status of *Galeobdolon luteum* Huds. (Lamiaceae) from classical taxonomy and phylogenetics perspectives. Acta Biologica Cracoviensia Series Botanica, 55(2): 18-28.
4. **Krawczyk K.**, Sawicki J. (2013) The uneven rate of the molecular evolution of gene sequences of DNA-dependent RNA polymerase I of the genus *Lamium* L. International Journal of Molecular Sciences, 14(6): 11376-11391.
5. **Krawczyk K.**, Szczecińska M., Sawicki J. (2014) Evaluation of 11 single-locus and seven multi-locus DNA barcodes in *Lamium* L. (Lamiaceae). Molecular Ecology Resources, 14: 1-14.

2. Zbadanie występowania wybranych gatunków roślin inwazyjnych na terenie północno-wschodniej Polski

W czasie studiów doktoranckich uczestniczyłam również w badaniach pod kierunkiem prof. dr. hab. Tadeusza Korniaaka. Efekty prowadzonych badań opisano w dwóch polskojęzycznych publikacjach:

- Korniak T., **Wąsowicz K.**, Kołodziej P. (2011) Występowanie *Heracleum sosnowskyi* Manden. wzdłuż dróg w północno-wschodniej Polsce. Ekologia i Technika, XIX(3A): 166-171.
- Korniak T., Hołdyński Cz., **Wąsowicz K.**, Święczkowska J. (2012) Amerykańskie gatunki z rodzaju *Solidago* w północno-wschodniej Polsce. Zeszyty Naukowe UP Wrocław seria Rolnictwo, 584: 81-88.3.

W pierwszej z nich przeanalizowano występowanie i rozprzestrzenianie się barszczu Sosnowskiego (*Heracleum sosnowskyi*), ze szczególnym uwzględnieniem obszarów wzdłuż dróg i tras komunikacyjnych. Zjawisko to stanowi istotny problem ekologiczny związany z ekspansją gatunków inwazyjnych (Korniak i in. 2011). Druga praca opisuje rozmieszczenie amerykańskich gatunków z rodzaju nawłóć *Solidago* na tych samych terenach, dokumentując obecność i dynamikę populacji tych gatunków oraz ich wpływ na lokalne ekosystemy (Korniak i in. 2012).

Obie publikacje dostarczają cennej wiedzy na temat ekspansji gatunków inwazyjnych i mogą wspierać działania dotyczące zarządzania bioróżnorodnością oraz ochrony środowiska w skali regionalnej.

3. Poznanie przemian zbiorowisk roślinnych towarzyszących uprawom wierzby w północno-wschodniej Polsce

Badania środowiskowe pod kierunkiem prof. dr. hab. Tadeusza Korniaaka, w których brałam udział dotyczyły przemian flory segetalnej, towarzyszącej plantacjom wierzb krzewiastych – głównie *Salix viminalis* L. na Pojezierzu Olsztyńskim i Pojezierzu Mrągowskim. Uzyskane wyniki badań pozwoliły stwierdzić, że bogactwo gatunkowe chwastów spada wraz z wiekiem uprawy. Na starszych plantacjach zaobserwowano przewagę procentową apofitów nad

antropofitami, jak również przewagę gatunków wieloletnich nad roślinami krótkotrwałymi. Wykazano, że badane zbiorowiska ulegają intensywnym przemianom w początkowym okresie trwania plantacji i posiadają przejściowy i niestabilizowany charakter.

Wyniki badań zostały przedstawione w publikacji:

- Korniak T., Hołdyński Cz., **Wąsowicz K.** (2009) Przemiany flory chwastów upraw wierzby w północno-wschodniej Polsce. Pamiętnik Puławski, 150: 159-170.

4. Kompleksowe opracowanie flory naczyniowej Parku Krajobrazowego Wzgórz Dylewskich

W trakcie studiów magisterskich, w ramach stażu asystenckiego wzięłam udział w pracach zespołu badawczego kierowanego przez prof. dr. hab. Antoniego Jutrzenkę-Trzebiatowskiego. Badania prowadzono w ramach projektu realizowanego przez Stowarzyszenie Miłośników Wzgórz Dylewskich przy wsparciu finansowym i organizacyjnym UWM w Olsztynie, Wojewódzkiego Funduszu Ochrony Środowiska i Gospodarki Wodnej w Olsztynie oraz Nadleśnictwa Olsztynek. Efektem tych badań jest monografia poświęcona florze naczyniowej ekosystemów PK Wzgórz Dylewskich z podziałem na poszczególne typy siedlisk oraz ze szczególnym uwzględnieniem dwóch rezerwatów występujących na terenie parku. Ponadto efektem badań nad rozmieszczeniem gatunków rzadkich i chronionych zidentyfikowanych na badanym terenie są mapy rozmieszczenia tych gatunków. Wyniki badań opublikowano w monografii:

- Jutrzenka-Trzebiatowski A., Hołdyński Cz. (red.) Dynowski P., Dziedzic J., Hołdyński Cz., Jutrzenka-Trzebiatowski A., Kołodziej P., Korniak T., Loro P., Pisarek W., Szarejko T., **Wąsowicz K.** 2007. Rośliny naczyniowe Parku Krajobrazowego Wzgórz Dylewskich. UWM w Olsztynie, Olsztyn, 159 s. ISBN 978-83-926486-4-2

5. Opracowanie badań flory naczyniowej w górnej części doliny rzeki Grabianki w Parku Krajobrazowym Wysoczyzny Elbląskiej.

W trakcie studiów doktoranckich brałam również udział w aktywnościach naukowych inicjowanych przez Studenckie Koło Botaników. Jedną z nich była kompleksowa inwentaryzacja doliny rzeki Grabianki w Parku Krajobrazowym Wysoczyzny Elbląskiej. Badania tego cennego przyrodniczo obszaru wykazały, że głęboko erozyjna dolina rzeki Grabianki to refugium różnorodności gatunkowej. Na badanym obszarze stwierdzono występowanie 292 gatunków roślin naczyniowych, w tym 12 objętych ochroną prawną oraz 6 taksonów umieszczonych na „Czerwonej liście roślin zagrożonych w Polsce”. Opracowanie wskazuje również na realne zagrożenia dla cennych elementów flory obecne na badanych obszarze.

Wyniki badań opublikowano w pracy:

- Szymczyk R., Zalewska A., Szydłowska J., **Krawczyk K.**, Kołodziej P., Stelmaszczyk M. 2014. Vascular plants of the upper part of the Grabianka river valley in the Elbląg

Plateau Landscape Park. Polish Journal of Natural Sciences, Vol 29(4): 337–358.
(MNiSW₂₀₁₆=14)

Potwierdzeniem aktywności naukowo-badawczej przed uzyskaniem stopnia doktora są również doniesienia konferencyjne prezentowane na międzynarodowych i krajowych konferencjach i seminariach naukowych.

WYSTĄPIENIA KONFERENCYJNE PRZED UZYSKANIEM STOPNIA DOKTORA

1. Szymczyk R., Dzieciol A., **Wąsowicz K.** 2007. Uwagi o porostach Narwi w okolicach Nowego Dworu Mazowieckiego. Materiały Międzynarodowego Seminarium Kół Naukowych, Olsztyn 10-11 maja 2007: 92-93;
2. Kołodziej P., **Wąsowicz K.**, Wojtaszek A., Brzeska M., Liberacka M. 2007. Flora ruderalna Widryn (Pojezierze Mrągowskie). Materiały Międzynarodowego Seminarium Kół Naukowych, Olsztyn 10-11 maja 2007: 99-100;
3. **Wąsowicz K.**, Dzieciol A., Wojtaszek A., Kołodziej P., Szymczyk R. 2007. Inwentaryzacja stanowisk roślin inwazyjnych w północnej części Wigierskiego Parku Narodowego. Przegląd Działalności Studenckich Kół Naukowych Przyrodników, Białystok 16-18.11.2007r., Uniwersytet w Białymstoku;
4. **Wąsowicz K.**, Dzieciol A., Wojtaszek A., Kołodziej P., 2008. Rośliny inwazyjne w północnej części Wigierskiego Parku Narodowego. Międzynarodowe Seminarium Kół Naukowych, Olsztyn, 9-10 maja 2008: 102-103;
5. Korniak T., **Wąsowicz K.**, Kołodziej P. 2010. Referat: „Występowanie *Heracleum sosnowskyi* Manden. wzdłuż dróg w północno-wschodniej Polsce”. XXXIV Krajowa Konferencja Naukowa z cyklu „Rejonizacja chwastów segetalnych w Polsce”. Bydgoszcz-Fordon 2-3 września 2010;
6. Hołdyński Cz., Kołodziej P., **Wąsowicz K.** 2010. Referat: „Struktura biologiczna i przestrzenna populacji *Agrimonia pilosa* Ledeb. wzdłuż szlaków komunikacyjnych”. XXXIV Krajowa Konferencja Naukowa z cyklu „Rejonizacja chwastów segetalnych w Polsce”. Bydgoszcz-Fordon 2-3 września 2010;
7. Korniak T., **Wąsowicz K.**, Hołdyński Cz., Święczkowska J. „Rodzaj *Solidago* w północno-wschodniej Polsce”. XXXV Krajowa Konferencja Naukowa z cyklu „Rejonizacja chwastów segetalnych” pt. „Biologia i występowanie *Solidago* sp. w zbiorowiskach roślinnych na odłogach” 6-8 września 2011 Wrocław-Winna Góra;
8. Szczecińska M., Sawicki J., **Wąsowicz K.**, Milewicz M., Hołdyński Cz., 2012. Population structure and genetic diversity of *Pulsatilla patens* in Poland. International Conference Molecular Ecology, Vienna, Austria 4-7 February 2012;
9. Sawicki J., Szczecińska M., Pisarek W., Milewicz M., **Wąsowicz K.** 2012. Haplotype Variation in the European Populations of *Galium trifidum* (Rubiaceae). International Conference Molecular Ecology, Vienna, Austria 4-7 February 2012;
10. **Wąsowicz K.**, Milewicz M., Szczecińska M., Sawicki J., Szkudlarz P. 2012. Phylogenetic relationships within the African representatives of the genus *Erica*

(*Ericaceae*). International Conference Molecular Ecology, Vienna, Austria 4-7 February 2012;

11. **Krawczyk K.**, Sawicki J. 2013. Ocena informatywności filogenetycznej genów *rpo* na przykładzie rodzaju *Lamium* L. 56. Zjazd Polskiego Towarzystwa Botanicznego Olsztyn, 24-30 czerwca 2013;

OSIĄGNIĘCIA NAUKOWE PO UZYSKANIU STOPNIA DOKTORA

Po uzyskaniu stopnia doktora, 11 kwietnia 2014 r. zostałam zatrudniona na stanowisku specjalisty w Katedrze Botaniki i Ochrony Przyrody (jednostka zmieniła nazwę na: Katedra Botaniki i Ekologii Ewolucyjnej), Wydziału Biologii i Biotechnologii Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie. Z dniem 20 lutego 2017 r. zostałam zatrudniona na stanowisku asystenta, natomiast od 1 października 2017 r. pracuję na stanowisku adiunkta.

1. Zbadanie ultrastruktury owocni przedstawicieli rodzaju jasnota *Lamium* L. w odniesieniu do taksonomii i powiązań filogenetycznych w obrębie rodzaju

W ramach kontynuacji realizacji założeń projektu Preludium pt.: „Filogeneza rodzaju *Lamium* L.” przeprowadziłam badania nad ultrastrukturą powierzchni owoców jasnoty. Badania wykonane z zastosowaniem skaningowego mikroskopu elektronowego pozwoliły na zdefiniowanie cech umożliwiających skuteczną identyfikację niemal wszystkich gatunków z rodzaju jasnota. Wykazano, że cechy drugorzędowe urzeźbienia powierzchni owoców dzielą rodzaj jasnota na trzy grupy. Wyniki tych badań dostarczyły także nowych argumentów za włączeniem gajowca żółtego do rodzaju jasnota.

Wyniki niniejszych badań opublikowano w pracy:

- **Krawczyk K.**, Głowacka K. 2015. Nutlet micromorphology and its taxonomic utility in *Lamium* L. (Lamiaceae). *Plant Systematics and Evolution*, 301:1863–1874. doi: 10.1007/s00606-015-1199-9.

2. Osiągnięcia naukowe z zakresu organelowej genomiki porównawczej roślin naczyniowych

Uczestniczyłam również w badaniach dotyczących genomiki organelowej roślin naczyniowych, które miały na celu poznanie struktury, zmienności i potencjału aplikacyjnego plastomów i mitogenomów u gatunków rzadkich i zagrożonych. Zrealizowane projekty koncentrowały się na dwóch modelowych taksonach – lipienniku Loesela (*Liparis loeselii*) oraz sasance otwartej (*Pulsatilla patens*). Uzyskane wyniki nie tylko dostarczyły nowych danych o organizacji genomów organelowych tych gatunków, ale także pokazały ich przydatność w badaniach taksonomicznych, filogenetycznych i konserwatorskich.

Opisanie genomu chloroplastowego lipiennika Loesela *Liparis Loeseli* (L.) Rich.

W efekcie tej pracy opublikowana została kompletna sekwencja plastomu storczyka z gatunku *L. loeseli* wraz z anotacjami i mapą genów. Przeprowadzono również analizę filogenetyczną, która wykazała bliskie pokrewieństwo *L. loeseli* i *Dendrobium officinale* a także potwierdziła dotychczasową pozycję taksonomiczną lipiennika na tle innych przedstawicieli Orchidaceae.

Opublikowanie kompletnego genomu chloroplastowego *L. loeseli* ma potencjalne znaczenie w opracowaniu strategii ochronnej tego rzadkiego i ginącego gatunku storczyka.

Wyniki badań opublikowano w pracy:

- **Krawczyk K.**, Wiland-Szymańska J., Buczkowska-Chmielewska K., Drapikowska M., Maślak M., Myszczyński K., Szczecińska M., Ślipiko M., Sawicki J. 2017. The complete chloroplast genome of a rare orchid species *Liparis loeselii* (L.), *Conservation Genetic Resources*.

Ocena użyteczności genomów organelowych w badaniach zmienności sasanki otwartej

W ramach tego osiągnięcia wykazano, że genom mitochondrialny sasanki otwartej *Pulsatilla patens* charakteryzuje się wielochromosomową organizacją, z największym spośród znanych roślin lądowych udziałem długich powtórzeń i fragmentów pochodzenia chloroplastowego. Dodatkowo zidentyfikowano rozległe zjawisko edycji RNA, co stanowi istotną innowację w poznaniu procesów molekularnych w genomach mitochondrialnych roślin. Ponadto uzyskane wyniki badań wskazują na użyteczność genomów organelowych do analizy różnic genetycznych między populacjami, co ma istotne konsekwencje dla badań nad dynamiką populacji oraz strategii ochrony tego zagrożonego gatunku. Rezultaty te dostarczają nowatorskich wniosków dotyczących ewolucyjnej dynamiki mitogenomów wczesnych roślin dwuliściennych oraz granic przydatności genomów organelowych w badaniach ekologicznych. Stanowią one istotny wkład w rozwój molekularnej biologii ewolucyjnej i genetyki konserwatorskiej.

Wyniki badań opublikowano w formie dwóch publikacji naukowych, które stanowiły podstawę rozprawy doktorskiej dr. Kamila Szandara: pt. „Analiza efektywności genomów organelowych w badaniach zmienności i struktury genetycznej populacji rzadkiego i zagrożonego gatunku *Pulsatilla patens* (L.)”. W przewodzie tym pełniłam funkcję promotora pomocniczego.

- Szandar K., **Krawczyk K.**, Myszczyński K., Ślipiko M., Sawicki J., Szczecińska M. (2022) Breaking the limits—multichromosomal structure of an early eudicot *Pulsatilla patens* mitogenome reveals extensive RNA-editing, longest repeats, and chloroplast-derived regions among sequenced land plant mitogenomes. *BMC Plant Biology*, 22(1): 1-15.
- Szandar K., Sawicki J., Pauksto Ł., **Krawczyk K.**, Szczecińska M. (2023) Are the organellar genomes useful for fine scale population structure analysis of endangered plants? A case study of *Pulsatilla patens* (L.) Mill. *Genes*, 14(1): 67.

3. Osiągnięcia naukowe z zakresu genomiki organelowej mszaków

Pracując z zespołem prof. dr. hab. Jakuba Sawickiego uczestniczyłam w badaniach poświęconych genomice organelowej mszaków, obejmujących zarówno plastomy, jak i mitogenomy. Celem tych prac było poznanie struktury, zmienności i ewolucji genomów organelowych u przedstawicieli różnych linii rozwojowych mchów i wątrobowców. W badaniach brałam udział w analizach porównawczych, opracowywaniu wyników oraz w przygotowaniu publikacji.

W początkowym etapie badania koncentrowały się na analizach genomów plastydowych mchów. Wykazano istnienie regionów wysoce zmiennych w obrębie rodzaju *Orthotrichum s.l.*, co umożliwiło wskazanie markerów szczególnie przydatnych w badaniach filogenetycznych i taksonomicznych.

- Mizia P., Myszczyński K., Ślipiko M., Krawczyk K., Plášek V., Szczecińska M., Sawicki J. (2019) Comparative plastomes analysis reveals the first infrageneric evolutionary hotspots of *Orthotrichum s.l.* (Orthotrichaceae, Bryophyta). *Turkish Journal of Botany*, 43: 444–457.

W kolejnych pracach badania objęły plastomy wątrobowców. Udokumentowały one pierwsze znane rozszerzenie odwróconych powtórzeń (IR) u Marchantiales, związane z nagromadzeniem motywów mikrosatelitarnych. Wynik ten pozwolił zidentyfikować nowy mechanizm reorganizacji plastomów w tej linii rozwojowej.

- Sawicki J., Bączkiewicz A., Buczkowska A., Górski P., Krawczyk K., Mizia P., Myszczyński K., Ślipiko M., Szczecińska M. (2020) The increase of simple sequence repeats during diversification of Marchantiales, an early land plant lineage, leads to the first known expansion of inverted repeats in the evolutionarily-stable structure of liverwort plastomes. *Genes*, 11: 299.

Następny etap badań poświęcony został analizie genomów plastydowych u gatunków różniących się ekologią i formą życia. Badania nad *Apopellia endiviifolia* wykazały wyjątkowo wysoki poziom dywergencji między formą wodną i lądową, wskazując na istotną rolę plastomów w adaptacji roślin do odmiennych siedlisk.

- Sawicki J., Krawczyk K., Ślipiko M., Szandar K., Szczecińska M. (2021) Comparative analysis of *Apopellia endiviifolia* plastomes reveals a strikingly high level of differentiation between its terrestrial and water form. *Diversity*, 13: 674.

Z kolei analiza plastomu *Nowellia curvifolia* pozwoliła udokumentować najmniejszy znany plastyd z kompletnym zestawem genów oraz wykazała niezwykle wysoki poziom zmienności wewnątrzgatunkowej, co sugeruje występowanie kryptospecjacji.

- Sawicki J., Krawczyk K., Ślipiko M., Szczecińska M. (2021) Sequencing of organellar genomes of *Nowellia curvifolia* (Cephaloziaceae Jungermanniales) revealed the smallest plastome with complete gene set and high intraspecific variation suggesting cryptic speciation. *Diversity*, 13(2): 81.

Rozwijając badania, brałam udział w zastosowaniu technologii sekwencjonowania nanoporowego w badaniach organelli wątrobowców. Dzięki temu możliwe było opisanie najbardziej zredukowanych genomów mitochondrialnych wśród prostych wątrobowców (Pellidae) a także wykazanie konfliktów filogenetycznych pomiędzy danymi plastydowymi i mitochondrialnymi.

- Paukszto Ł., Górski P., Krawczyk K., Maździarz M., Szczecińska M., Ślipiko M., Sawicki J. (2023) The organellar genomes of Pellidae (Marchantiophyta): the evidence of cryptic speciation, conflicting phylogenies and extraordinary reduction of mitogenomes in simple thalloid liverwort lineage. *Scientific Reports*, 13(1): 8303.

W innej pracy opisaliśmy również występowanie heteroplazmii zarówno w plastydach, jak i mitochondriach prostych oraz liściastych wątrobowców, co stanowi jedno z pierwszych potwierdzeń tego zjawiska w badanej grupie roślin.

- Sawicki J., Krawczyk K., Kurzyński M., Maździarz M., Pauksztó Ł., Sulima P., Szczecińska M. (2023) Nanopore sequencing of organellar genomes revealed heteroplasmy in simple thalloid and leafy liverworts. *Acta Societatis Botanicorum Poloniae*, 92(1).

Łącznie prace te znacząco poszerzają wiedzę o ewolucji genomów organellowych mszaków. Uczestnicząc w ich realizacji, współtworzyłam wyniki pokazujące, że pomimo ogólnie konserwatywnego charakteru plastydów i mitochondriów u roślin lądowych, u mszaków obserwuje się unikalne reorganizacje plastomów, niezwykle redukcję mitochondriów oraz zjawiska heteroplazmii. Odkrycia te wnoszą istotny wkład w zrozumienie ewolucji wczesnych roślin lądowych.

4. Poznanie genomu jądrowego wątrobowca *Riccia sorocarpa* na poziomie chromosomowym, obejmujące pełne sekwencje od telomeru do telomeru

Prowadzone badania nad genomem jądrowym wątrobowca *Riccia sorocarpa* (Marchantiophyta) stanowią pierwszy, chromosomowy opis genomu przedstawiciela tego rodzaju, obejmujący kompletne sekwencje „od telomeru do telomeru”. Rezultat ten ma istotne znaczenie nie tylko dla badań nad wątrobowcami, lecz także szerzej – dla poznania genomiki wczesnych roślin lądowych. Uzyskany opis genomu stanowi jeden z najbardziej kompletnych i szczegółowych modeli molekularnych w tej grupie roślin, co otwiera nowe kierunki badań w zakresie ewolucji, funkcji genomu oraz mechanizmów jego organizacji.

W porównaniu do innych linii ewolucyjnych roślin, genomy jądrowe wątrobowców są słabo poznane, jako że jak dotąd tylko jeden, modelowy gatunek *Marchantia polymorpha* został złożony na poziomie chromosomowym. Genom blisko spokrewnionego gatunku *Ricciocarpos natans* opublikowano jak dotąd w formie tzw. pseudochromosomów bez określenia ich przynależności do poszczególnych chromosomów. Analiza porównawcza ośmiu chromosomów *R. sorocarpa* z genomami *M. polymorpha* i *Ricciocarpos natans* ujawniła, że chromosomy 1, 2 i 4 charakteryzują się dużą konserwatywnością między porównywanymi gatunkami. Pozostałe chromosomy wykazywały bardziej złożone i rozbieżne wzory syntenii. Co więcej, wykazano głęboką redukcję chromosomu 5 u *R. sorocarpa*.

Innowacyjność omawianego osiągnięcia wynika zarówno z poziomu kompletności i jakości sekwencjonowania, jak i zastosowanej metodologii. W prowadzonych badaniach kluczową rolę odegrało zastosowanie technologii Pore-C (Zhong et al. 2023). Metoda ta integruje sekwencjonowanie długich odczytów z unikatową możliwością analizy organizacji chromatyny w przestrzeni jądra komórkowego. Dzięki temu podczas jednego eksperymentu udało się uzyskać nie tylko długie odczyty sekwencji, ale także informacje o trójwymiarowej architekturze genomu. Dane te posłużyły następnie do precyzyjnego przypisania poszczególnych fragmentów do kompletnej struktury chromosomowej, co znacząco zwiększyło ciągłość i poprawność złożenia genomu.

Prezentowane badania doprowadziły do powstania wysokiej jakości genomowej mapy wątrobowca, umożliwiając identyfikację ważnych regionów strukturalnych, takich jak powtarzalne sekwencje, telomery i centromery, a także regionów funkcjonalnych, związanych m.in. z genami istotnymi dla metabolizmu i adaptacji do środowiska lądowego. Dzięki zastosowaniu metody Pore-C możliwe było także przeanalizowanie architektury chromatyny i rozmieszczenia elementów regulacyjnych w genomie, co stwarza podstawy do dalszych badań w obszarze epigenetyki i regulacji ekspresji genów w prymitywnych roślinach.

Badania prowadzone były w ramach realizacji projektu badawczego: „Rola procesów epigenetycznych w adaptacji do środowiska lądowego wczesnych roślin lądowych” – nr 2020/39/B/NZ8/02504, finansowanego przez Narodowe Centrum Nauki, kierowanego przez prof. dr hab. Jakuba Sawickiego.

- Krawczyk K., Szablińska-Piernik J., Paukszto Ł., Maździarz M., Sulima P., Przyborowski J.A., Szczecińska M., Sawicki J. (2025) Chromosome-scale telomere to telomere genome assembly of common crystalwort (*Riccia sorocarpa* Bisch.). *Scientific Data*, 12: 77.

5. Poznanie mechanizmu determinacji płci u wątrobowców

W ramach współpracy międzynarodowej uczestniczyłam w badaniach dotyczących ewolucji systemów płci u wątrobowców z rodzaju *Riccia*. Zespół kierowany przez prof. Johna L. Bowmana z Monash University w Melbourne skupił się na analizie genomowej i porównawczej tej grupy, która charakteryzuje się wyjątkową różnorodnością form rozrodczych.

Badania wykazały, że w obrębie rodzaju *Riccia* doszło do wielokrotnych, niezależnych zmian systemów płci, obejmujących zarówno przejścia w kierunku jednopienności, jak i redukcyjną ewolucję związanych z nią mechanizmów. Zidentyfikowano również sygnatury molekularne świadczące o regresywnej ewolucji w liniach utrzymujących pojedynczy typ gametangiów. Wyniki te dostarczyły nowych dowodów na plastyczność systemów płci u wczesnych roślin lądowych i stanowią istotny wkład w zrozumienie ewolucji strategii reprodukcyjnych.

Mój udział obejmował prace laboratoryjne związane z analizą danych genomowych.

- Levins J., Paukszto Ł., Krawczyk K., Maździarz M., Arch B.C., Cargill D.C., Bowman J.L. (2025) Evolution of sexual systems and regressive evolution in *Riccia*. *New Phytologist*, 246(2): 769–784.

6. Poznanie epitranskryptomicznych i epigenetycznych mechanizmów adaptacji *Riccia fluitans* do środowiska wodnego

Badania prowadzone w ramach tego osiągnięcia w pierwszej kolejności objęły szczegółową analizę epitranskryptomu w głębieki wodnej *Riccia fluitans*, wątrobowca wykazującego unikalną zdolność adaptacji do warunków środowiska wodnego i lądowego. Wykorzystując innowacyjną technikę sekwencjonowania nanoporowego natywnych cząsteczek RNA, uzyskano kompleksowy obraz modyfikacji posttranskrypcyjnych RNA, takich jak metylacja N6-adenozyny (m6A), 5-metylocytozyna (m5C) oraz pseudourydylacja (Ψ), istotnych dla regulacji ekspresji genów w procesach adaptacyjnych.

Analizując epigenetyczne sygnatury dla roślin hodowanych w środowisku lądowych oraz w środowisku wodnym, zidentyfikowaliśmy miejsca metylacji 6 mA charakterystyczne dla każdego siedliska, ze znacząco wyższą częstością metylacji w formie wodnej. Kilka genów o zróżnicowanej ekspresji (np. *accD*, *psbA*) było zlokalizowanych w tych samych miejscach metylacji, co sugeruje potencjalny związek przestrzenny między zróżnicowaną metylacją a ekspresją genów. Nasze wyniki dostarczają pierwszych dowodów na metylację organelli 6 mA wrażliwą na warunki środowiskowe u mszaków, wskazując na dotychczas nierozpoznany poziom kontroli epigenetycznej, która może przyczyniać się do plastyczności adaptacyjnej wczesnych roślin lądowych.

Najważniejsze rezultaty badawcze obejmują:

- Identyfikację znaczących różnic w profilu ekspresji genów między formą wodną a lądową, co świadczy o molekularnej elastyczności mechanizmów adaptacyjnych.
- Ujawnienie istotnie wyższego poziomu m6A w formie wodnej względem lądowej, podkreślającego rolę epitranskryptomu w adaptacji do środowiska wodnego.
- Wykazanie wydłużenia ogonów poli(A) w RNA formy wodnej, co może wpływać na stabilność i translację mRNA, zwiększając odporność na warunki zanurzenia.
- Powiązanie obserwowanych modyfikacji RNA z ekspresją genów kodujących enzymy odpowiedzialne za ich powstawanie, co otwiera nowe perspektywy w badaniach nad molekularną regulacją adaptacji roślin.
- Opisanie występowania metylacji 6 mA w genomach organelli *R. fluitans* w całym genomie, wykazujące różnice we wzorcach metylacji między formami wodnymi i lądowymi, co sugeruje, że regulacja epigenetyczna ma związek z adaptacją do środowiska

Wyniki tych badań stanowią wkład w rozwój wiedzy o roli zmian epigenetycznych i epitranskryptycznych w adaptacji roślin do zmiennych warunków środowiskowych oraz roli mechanizmów posttranskrypcyjnych w ewolucji roślin lądowych i wodnych. Wyniki badań opublikowano w trzech pracach, które wejdą w skład rozprawy doktorskiej mgr. inż. Mateusza Maździarza. W niniejszym przewodzie doktorskim pełnię funkcję promotora pomocniczego.

- Maździarz M., **Krawczyk K.**, Kurzyński M., Pauksto Ł., Szablińska-Piernik J., Szczecińska M., Sawicki J. (2024) Epitranscriptome insights into *Riccia fluitans* L. (Marchantiophyta) aquatic transition using nanopore direct RNA sequencing. *BMC Plant Biology*, 24(1): 399.
- Maździarz M., **Krawczyk K.**, Szablińska-Piernik J., Pauksto Ł., Szczecińska M., Sulima P. & Sawicki J. (2025). Epitranscriptomic and expression profiling in *Riccia fluitans* across diverse environmental conditions. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 27: 4232-4245.
- Maździarz M., **Krawczyk K.**, Sulima P. & Sawicki J. (2026) 6mA methylation differences in *Riccia fluitans* organellar genomes under flood stress. *Plant Cell Reports* 45: 90.

7. Charakterystyka taksonomiczna i funkcjonalna mikrobiomu gleby i plechy u wątrobowca *Riccia sorocarpa*

Przeprowadzona analiza mikrobiomów gleby oraz plechy wgłębki wąskopłatowej *Riccia sorocarpa* ujawniła wyraźne różnice taksonomiczne i funkcjonalne między tymi dwoma środowiskami mikrobiologicznymi. W plechach stwierdzono znacznie wyższą różnorodność bakterii i grzybów niż w glebie, co tłumaczy się stabilnym mikrośrodowiskiem plechy. Zidentyfikowano istotne grupy bakterii wiążące azot a także dominujące gatunki grzybów symbiotycznych i odpornych na stres. Wykryto także specyficzne wzorce metylacji DNA mikroorganizmów, wspierające ich adaptację do różnych siedlisk. Wyniki podkreślają kluczową rolę mikrobiomu w ekologii wątrobowców, ich wpływ na płodność gleby, zdrowie roślin oraz odporność na stres środowiskowy, a także potencjał praktycznych zastosowań w rekultywacji środowisk i ochronie bioróżnorodności. Jednocześnie wskazano na możliwość funkcjonowania wątrobowców jako rezerwuarów patogenów roślinnych. Badania te wnoszą nowe spojrzenie na interakcje roślina–mikrobiom u organizmów należących do jednych z najstarszych lądowych roślin.

Szczegółowe wyniki badań opublikowano w pracy:

- Wiśniewski, P., Maździarz, M., Sawicki, J., & Krawczyk, K. (2025). Taxonomic and functional differentiation of soil and thallus microbiomes in *Riccia sorocarpa*. *Biologia*, 1-12.

8. Poznanie mechanizmów rozprzestrzeniania genów oporności u *E. coli* i *Klebsiella* spp.

Stosowany przeze mnie warsztat metodyczny dotyczący badań z zakresu metagenomiki został również wykorzystany we współpracy z zespołem kierowanym przez prof. dr hab. Ewę Korzeniewską. W latach 2022-2024 wzięłam udział w badaniach prowadzonych przez jej zespół oraz jej ówczesnego doktoranta, dr. Damiana Rolbieckiego, w ramach realizacji założeń projektu PRELUDIUM 2021/41/N/NZ9/03292 „Metagenom ścieków szpitalnych – wpływ dezynfekcji ścieków na mikrobiom i rezystom ścieków”.

Badania te dostarczyły nowatorskich danych na temat genów oporności na antybiotyki oraz ruchomych elementów genetycznych wspólnych dla szczepów *Escherichia coli* i *Klebsiella* spp. pochodzących zarówno od pacjentów szpitalnych, jak i ze szpitalnych ścieków. Wykorzystanie genomowego oraz metagenomicznego sekwencjonowania nanoporowego pozwoliło na identyfikację podobnych mechanizmów oporności i potwierdziło, że środowisko ściekowe sprzyja wymianie genów oporności oraz ewolucji plazmidów, stanowiąc ważne ogniwo w rozprzestrzenianiu antybiotykooporności między środowiskiem klinicznym a naturalnym.

Ponadto przeprowadzone badania wykazały, że chlorowanie ścieków szpitalnych znacząco modyfikuje skład mikrobiomu, a także zmienia profil genów oporności (resistomu) i ruchomych elementów genetycznych (mobilomu). Wykorzystanie długich odczytów nanoporowych umożliwiło śledzenie tych zmian w czasie rzeczywistym, wskazując zarówno na potencjalne korzyści, jak i zagrożenia wynikające z chlorowania, które może selekcjonować odporne szczepy i promować przenoszenie genów oporności.

Uzyskane wyniki badań przyczyniają się do lepszego zrozumienia mechanizmów rozprzestrzeniania oporności na antybiotyki w środowisku szpitalnym i jego otoczeniu, wskazując na potrzebę kompleksowego monitoringu i kontroli tych zjawisk dla ochrony zdrowia publicznego.

Wyniki badań zostały opublikowane w dwóch pracach oryginalnych:

- Rolbiecki D., Paukšto L., **Krawczyk K.**, Korzeniewska E., Sawicki J., Harnisz M. (2024) Genomic and metagenomic analysis reveals shared resistance genes and mobile genetic elements in *E. coli* and *Klebsiella* spp. isolated from hospital patients and hospital wastewater at intra-and inter-genus level. *International Journal of Hygiene and Environmental Health*, 261: 114423.
- Rolbiecki D., Paukšto L., **Krawczyk K.**, Korzeniewska E., Sawicki J., Harnisz M. (2023) Chlorine disinfection modifies the microbiome, resistome and mobilome of hospital wastewater – a nanopore long-read metagenomic approach. *Journal of Hazardous Materials*, 459: 132298.

9. Opracowanie metody diagnostyki i biokontroli patogenicznych grzybów z rodzaju *Fusarium*

Współpracując z zespołem badawczym prof. dr. hab. Tomasza Kulika wzięłam udział w badaniach nad molekularną identyfikacją i biokontrolą patogenów roślinnych z rodzaju *Fusarium*. W pierwszym etapie badań opracowano molekularną metodę identyfikacji genotypów i chemotypów grzybów z rodzaju *Fusarium*. Ważnym wynikiem tych badań było wykazanie, że typ produkowanej przez grzyby z rodzaju *Fusarium* mykotoksyny z grupy trichotecenów jest ściśle powiązany z genotypem, a dokładniej z alleliczną formą genu Tri12. Stosując metodykę DNA barcodingu, ustalono, że sekwencja tego genu pozwala nie tylko na molekularną identyfikację genotypów, ale także chemotypów (typów produkowanej toksyny). Wyniki te stały się podstawą utworzenia bazy danych ToxGen, która integruje informacje o taksonomii, pochodzeniu, biologii, chemii oraz genotypie i chemotypie szczepów *Fusarium*. Uzyskane wyniki stanowiły podstawę do stworzenia bazy danych ToxGen, integrującej informacje taksonomiczne, biologiczne, chemiczne i genetyczne o szczepach *Fusarium*. Baza ToxGen umożliwia precyzyjną identyfikację genotypów toksyn trichotecenowych i jest obecnie narzędziem referencyjnym w badaniach nad patogenami glebowymi i roślinnymi.

Osiągnięcie zostało opublikowane w pracy:

- Kulik K., Abarenkov K., Buśko M., Wołosz K., van Diepeningen A.D., Ostrowska-Kołodziejczak A., **Krawczyk K.**, Brankovics B., Stenglein S., Perkowski J., Sawicki J. (2017) ToxGen: an improved reference database for the identification of type B-trichothecene genotypes in *Fusarium*. *PeerJ*, 5: e2992

W dalszym etapie badań skupiono się na badaniu grzybów z rodzaju *Trichoderma* stosowanych do kontroli patogenów roślin, głównie grzybów patogenicznych, w tym *Fusarium*. W ramach jednego z zadań badawczych przeprowadzono wieloaspektową analizę preparatów komercyjnych zawierających *Trichoderma*, obejmującą ich taksonomię, skład ilościowy i efektywność biologiczną.

Wyniki tych badań opisano w publikacji:

- Kulik T., Staniszevska P., Wiśniewski P., Treder Z., Przybylski M., Wrońska E., Maździarz M., **Krawczyk K.**, Bilka K., Pauksto Ł., Olszewski J. (2025) In-depth comparison of commercial Trichoderma-based products: integrative approaches to quantitative analysis, taxonomy and efficacy. *Frontiers in Microbiology*, 16.

Oba nurty powyższych badań łączą się w strategii kompleksowego zarządzania patogenami roślin: precyzyjnej diagnostyki oraz przeciwdziałania ich szkodom w rolnictwie.

10. Molekularne podstawy odpowiedzi gospodarza na COVID-19: odkrycie kluczowych genów i modyfikacji epitranskryptomycznych w przebiegu infekcji SARS-CoV-2

Dzięki zaawansowanym umiejętnościom w zakresie sekwencjonowania nanoporowego kwasów nukleinowych, zdobytym podczas pracy badawczej z roślinami, zostałam zaproszona do współpracy w zespole dr hab. Marty Majewskiej, prof. UWM. Zespół ten realizował projekt dotyczący wielowymiarowej charakterystyki molekularnych mechanizmów odpowiedzi gospodarza na infekcję SARS-CoV-2, ze szczególnym uwzględnieniem zmian transkryptomycznych i epitranskryptomycznych zachodzących w odpowiedzi immunologicznej człowieka na COVID-19.

Efektom tej współpracy jak dotąd są trzy publikacje:

- Majewska M., Maździarz M., **Krawczyk K.**, Pauksto Ł., Makowczenko K.G., Lepiarczyk E., Gromadziński L. (2024) SARS-CoV-2 disrupts host gene networks: Unveiling key hub genes as potential therapeutic targets for COVID-19 management. *Computers in Biology and Medicine*, 183, 109343.
- Maździarz M., Krawczyk K., Lepiarczyk E., Pauksto Ł., Makowczenko K., Moczulska B., Iwanowicz P., Kocbach P., Nosek K., Sawicki J., Gromadziński L. & Majewska M. (2025) Poly(A) tail dynamics, non-adenine incorporation and alternative polyadenylation shape the host transcriptome in COVID-19 pathogenesis. *Scientific Reports* 15: 37986.
- Maździarz M., Krawczyk K., Lepiarczyk E., Pauksto Ł., Sawicki J., & Majewska M. (2026). Epitranscriptomic signatures of m5C, m6A, and pseudouridine in COVID-19 reveal host RNA modifications involved in viral pathogenesis. *Microbiology Spectrum*, e02561-25.

Główne osiągnięcie tych prac to kompleksowe zidentyfikowanie i funkcjonalna charakterystyka genów oraz modyfikacji epigenetycznych związanych z odpowiedzią immunologiczną i adaptacyjną wobec infekcji SARS-CoV-2, co dostarcza nowych danych wspierających badania nad biomarkerami i możliwymi kierunkami terapii w COVID-19. W pierwszej pracy (Majewska et al., 2024) zidentyfikowano kluczowe geny — tzw. „hub genes” — zaangażowane w odpowiedź gospodarza na infekcję SARS-CoV-2, wykorzystując sekwencjonowanie RNA i analizy bioinformatyczne. Wskazano silny wpływ wirusa na geny kodujące białka rybosomalne, obserwowano zmiany w ekspresji, alternatywnym splicingu i allelo-specyficznej ekspresji tych genów. Analizy funkcjonalne powiązały te modyfikacje z szlakami odpornościowymi i sygnalizacyjnymi oraz uwidocznily nowe biomarkery predykcyjne i potencjalne cele terapeutyczne dla COVID-19.

W drugiej pracy (Maździarz et al. 2025), wykorzystując unikalne możliwości sekwencjonowania nanoporowego, które umożliwia analizę długich odczytów, zidentyfikowano nie tylko poziomy ekspresji genów, lecz także kluczowe wahania długości ogona poli(A) oraz modyfikacje reszt nieadeninowych (non-A). Analiza uzyskanych wyników ujawniła istotne różnice we wzorcach ekspresji genów, długości ogonów poli(A) i modyfikacjach non-A u pacjentów z COVID-19 w porównaniu z grupą kontrolną zdrowych osób. Uzyskane wyniki dostarczają nowych informacji o złożonych powiązaniach między infekcją wirusową, odpowiedzią immunologiczną gospodarza a przetwarzaniem RNA, pogłębiając zrozumienie patogenezы COVID-19.

Trzecia publikacja (Maździarz et al. 2026) prezentuje wyniki badań nad epigentycznymi modyfikacjami RNA, specyficznymi dla zakażonych pacjentów. Identyfikacja pozycji 5-metylocytozyny, 6-metyloadeniny i pseudouracylu, obserwowane głównie w końcowych eksonach i regionie 3'UTR wskazują na dynamiczną regulację modyfikacji RNA podczas infekcji COVID-19.

Potwierdzeniem aktywności naukowo-badawczej po uzyskaniu stopnia doktora są również prezentacje i doniesienia konferencyjne na międzynarodowych i krajowych konferencjach.

WYSTĄPIENIA KONFERENCYJNE PO UZYSKANIU STOPNIA DOKTORA

1. **K. Krawczyk**, J. Sawicki, Ł. Paukszto. Czy niski poziom zróżnicowania plastomów obserwowany w obrębie rodzaju ostnica (*Stipa* L.) jest regułą czy wyjątkiem u Poales? 59. ZJAZD POLSKIEGO TOWARZYSTWA BOTANICZNEGO, Warszawa, 26.06. - 03.07. 2022 –referat;
2. **K. Krawczyk**, Ł. Paukszto, J. Sawicki Long-read nanopore sequencing to determine the nuclear genome of amphibious liverwort *Riccia fluitans* (Ricciaceae) London Calling 17-19 may 2023;
3. **K. Krawczyk** On the molecular evolution of feather grasses (*Stipa* L., Stipeae; Poaceae) - why defining a good genetic marker for this group is such a challenge? – referat 10th Polish evolutionary conference 11-13.09.2024 Białystok.

5. Informacja o wykazywaniu się istotną aktywnością naukową albo artystyczną realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej.

A. Staż naukowy – Uniwersytet Jagielloński

Instytut Botaniki, Uniwersytet Jagielloński, Kraków (18–30 września 2023 r.)

Staż odbyłam w ramach wieloletniej, owocnej współpracy z zespołem prof. dr. hab. Marcina Nobisa z Instytutu Botaniki Uniwersytetu Jagiellońskiego, która obejmuje kompleksową realizację zadania badawczego dotyczącego ewolucji i systematyki rodzaju *Stipa* (Poaceae)

w świetle analizy porównawczej genomów jądrowych, plastydowych i mitochondrialnych. Wspólne badania koncentrują się na integracji metod molekularnych i taksonomicznych w zakresie systematyki traw, ze szczególnym uwzględnieniem najnowszych narzędzi analiz filogenetycznych. W ramach tej współpracy realizowano już wcześniej projekty naukowe, których efektem było 5 publikacji z moim udziałem, poświęconych rodzajowi *Stipa* i innym przedstawicielom Poaceae, w tym 4 stanowiące osiągnięcie 1.

Uczestnictwo w tym projekcie umożliwiło mi wymianę doświadczeń w zakresie zastosowania genomiki mitochondrialnej w analizach filogenetycznych i delimitacji gatunków, a także poszerzyło zakres badań nad ewolucją i systematyką traw, stanowiąc jeden z istotnych elementów mojego dorobku naukowego.

Podczas stażu prowadzone były intensywne prace nad opracowaniem wyników, które zaowocowały późniejszym przygotowaniem manuskryptu publikacji:

1.5: Krawczyk K., *Maździarz M., Pauksto Ł., Nobis M., Sawicki J.* (2025) "Phylogenetic reconstruction and species delimitation in Stipeae with special reference to *Stipa* (Poaceae, Pooideae) using mitochondrial genomes." *Cladistics*, 1–14.

Obecnie współpraca jest kontynuowana w ramach projektu pt. „Ewolucja i przestrzenne zróżnicowanie genetyczne ostnic biomu stepowego Środkowo-Zachodniej Azji w odniesieniu do czwartorzędowych oscylacji klimatycznych”, finansowanego przez Narodowe Centrum Nauki w ramach konkursu OPUS 26, w którym jestem wykonawcą. Trwają prace nad przygotowaniem kolejnej publikacji dotyczącej filogenezy ostnic *Stipa*, rozbudowane o dużą pulę gatunków oraz o nowe podejście metodyczne wykorzystujące metodę sekwencjonowania DArT-seq.

B. Staż naukowy – Uniwersytet w Turku

Laboratory of Genetics, Department of Biology, University of Turku, Finlandia (16–29 maja 2011 r.)

Podczas stażu w Laboratory of Genetics na Uniwersytecie w Turku, gdzie kierownikiem zespołu jest dr Sanna Huttunen, specjalizująca się w filogenezie mszaków, zdobywałam praktyczne doświadczenie w analizach filogenetycznych oraz pracy laboratoryjnej związanej z izolacją i badaniem DNA roślin. Miałam tam także pierwszą styczność z technologiami sekwencjonowania wysokoprzepustowego (NGS), co pozwoliło mi poznać zaawansowane metody pozyskiwania i analizy danych genomowych.

Staż w tej specjalistycznej jednostce badawczej umożliwił mi rozwinięcie kluczowych umiejętności laboratoryjnych i bioinformatycznych, które stanowią fundament moich dalszych badań filogenetycznych. Zdobyte doświadczenie w technikach molekularnych i analizach genomowych istotnie wzbogaciło mój warsztat badawczy i przygotowało mnie do samodzielnej realizacji bardziej zaawansowanych projektów naukowych.

C. Staż naukowy – Uniwersytet Gdański

Laboratorium Genetyki, Katedra Taksonomii Roślin i Ochrony Przyrody, Uniwersytet Gdański, Polska (6–18 września 2010 r.)

W ramach stażu uczestniczyłam w bieżących projektach Laboratorium Genetyki przy Katedrze Taksonomii Roślin i Ochrony Przyrody Uniwersytetu Gdańskiego – jednostki specjalizującej się w badaniach nad różnorodnością biologiczną, systematyką oraz filogenezą roślin.

skutecznie łączącej nowoczesne metody biologii molekularnej z tradycyjnymi technikami taksonomicznymi.

W dniach 15–18 września 2010 r. uczestniczyłam w intensywnym szkoleniu taksonomicznym pt. „Letnia Szkoła Taksonomii”, podczas którego zapoznałam się z szerokim wachlarzem podejść taksonomicznych, w tym z nowoczesnymi metodami kladystycznymi i molekularnymi, stanowiącymi obecnie podstawę analiz filogenetycznych i systematycznych w botanice. Doskonaliłam umiejętności praktyczne obejmujące identyfikację gatunków, interpretację cech morfologicznych oraz integrację danych klasycznych i molekularnych na potrzeby rekonstrukcji ewolucyjnych zależności. Kompetencje nabyte podczas stażu i specjalistycznego kursu stały się kluczowe dla mojego dalszego rozwoju naukowego – bezpośrednio wpłynęły na wybór kierunku moich własnych badań filogenetycznych oraz systematyki molekularnej roślin. Przekłada się to na mój dorobek publikacyjny, w którym realizuję zaawansowane analizy ewolucyjne, bazując na nowoczesnych metodach molekularnych. Metody i narzędzia poznane podczas tego stażu i kursu wykorzystuję między innymi w prowadzonych przez mnie badaniach nad filogenezą rodzaju *Stipa*.

6. Informacja o osiągnięciach dydaktycznych, organizacyjnych oraz popularyzujących naukę lub sztukę.

Działalność dydaktyczna

Realizowane wykłady

W ramach pracy dydaktycznej byłam koordynatorem/realizowałam wykłady z następujących przedmiotów dla studiów kierunku:

1. Biologia I° (Wydział Biologii i Biotechnologii) – Botanika – zajęcia terenowe, Dendrologia stosowana, Rośliny lecznicze, Filogenomika
2. Rośliny chronione i zagrożone – rozpoznawanie, biologia, ochrona, monitoring, Rośliny i ich siedliska
3. Applied Biology I° (Wydział Biologii i Biotechnologii) – General Botany, Applied Dendrology, Medicinal Plants, Field Botany
4. Biotechnologia I° (Wydział Biologii i Biotechnologii) – Rośliny modelowe, Molekularna identyfikacja organizmów, Adaptacje roślin do środowiska, Rośliny lecznicze, Genomika plastydowa i mitochondrialna
5. Mikrobiologia I° (Wydział Biologii i Biotechnologii) – Rośliny lecznicze
6. Leśnictwo I° (Wydział Rolnictwa i Leśnictwa) – Dendrologia
7. Architektura krajobrazu I° (Wydział Rolnictwa i Leśnictwa) – Dendrologia

Realizowane ćwiczenia

W trakcie pracy dydaktycznej realizowałam ćwiczenia z następujących przedmiotów dla studentów kierunku:

1. Biologia I° (Wydział Biologii i Biotechnologii) – Botanika – zajęcia terenowe, Dendrologia stosowana, Rośliny lecznicze, Metody badań środowiskowych, Laboratorium biologii molekularnej I
2. Biologia II° (Wydział Biologii i Biotechnologii) – Laboratorium biologii molekularnej II, Filogenetyka, Rośliny i ich siedliska, Filogenomika
3. Applied Biology I° (Wydział Biologii i Biotechnologii) – General Botany, Applied Dendrology, Medicinal Plants, Field Botany, Methods of Field Environmental Research, Taxonomy and Diversity of Plants
4. Biotechnologia I° (Wydział Biologii i Biotechnologii) – Rośliny modelowe, Molekularna identyfikacja organizmów, Adaptacje roślin do środowiska, Rośliny lecznicze, Genomika plastydowa i mitochondrialna
5. Biotechnologia II° (Wydział Biologii i Biotechnologii) – Laboratorium zaawansowanych metod biotechnologii molekularnej, Multiomika stosowana, Filogenomika
6. Mikrobiologia I° (Wydział Biologii i Biotechnologii) – Rośliny lecznicze
7. Leśnictwo I° (Wydział Rolnictwa i Leśnictwa) – Dendrologia
8. Architektura krajobrazu I° (Wydział Rolnictwa i Leśnictwa) – Dendrologia
9. Rolnictwo I° (Wydział Rolnictwa i Leśnictwa) – Agrobotanika

Promotorstwo pomocnicze w przewodach doktorskich

2019-2023 Promotor pomocniczy w przewodzie doktorskim dr. Kamila Romana Szandara pt. „Analiza efektywności genomów organellowych w badaniach zmienności i struktury genetycznej populacji rzadkiego i zagrożonego gatunku *Pulsatilla patens* (L.). Promotorem przewodu doktorskiego była dr hab. Monika Szczecińska, prof. UWM. Data obrony 29 września 2023 r.

Od 2023 – nadal Promotor pomocniczy w przewodzie doktorskim mgr. Mateusza Artura Maździarza pt. „Epigenetyczne mechanizmy adaptacji węgłki wodnej (*Riccia fluitans* L., Marchantiopsida) do środowiska wodnego”.

Promotorstwo prac dyplomowych

Prace licencjackie

- *Stan obecny badań nad barkodowaniem DNA u roślin naczyniowych* – Sylwia Przetakiewicz, data obrony: 24 czerwca 2022
- *Wykorzystanie analizy metagenomicznej do oceny wpływu masowego występowania niecierpka drobnokwiatowego *Impatiens parviflora* DC. na mikrobiom glebowy* – Patryk Wiśniewski, data obrony: 21 czerwca 2023
- *Analiza porównawcza dendroflory wybranych dzielnic miasta Ciechanów* – Natalia Kamińska, data obrony: 16 czerwca 2025
- *Dendroflora synantropijna gminy Strzegowo na przykładzie wybranych miejscowości* – Nikola Rasińska, data obrony: 1 lipca 2025

Praca inżynierska

- *Wykorzystanie analizy metagenomicznej do oceny wpływu masowego występowania nawłoci kanadyjskiej (*Solidago canadensis* L.) na mikrobiom glebowy* – Jakub Kruszewski, data obrony: 9 lutego 2024

Prace magisterskie

- *Analiza zmienności wybranych loci chloroplastowych w rodzinie Poaceae pod kątem ich użyteczności w badaniach filogenetycznych oraz DNA barkodingu* – Weronika Błażewicz, data obrony: 26 czerwca 2023
- *Analiza porównawcza genomów organellowych porzeczki alpejskiej *Ribes alpinum* L. i przedstawicieli rodzaju *Ribes** – Karolina Klubowicz, data obrony: 24 czerwca 2024
- *Wpływ zabiegów mechanicznych stosowanych podczas izolacji kwasów nukleinowych z tkanek roślinnych na integralność DNA* – Jakub Kruszewski, data obrony: 10 czerwca 2025
- *Mikrobiom gleby i plechy wglębki wąskopłatowej (*Riccia sorocarpa* Bisch.) – analiza składu i roli ekologicznej* – Patryk Wiśniewski, data obrony: 24 czerwca 2025

Recenzje prac dyplomowych:

- *licencjackich* – 5
- *inżynierskich* – 1

Działalność organizacyjna

- **2010-05-13 – 2010-05-12** Udział w organizacji XXXIX Międzynarodowego Seminarium Kół Naukowych w Olsztynie;
- **Od 2020-09-24** – członkostwo w Wydziałowej Komisji Dydaktycznej Wydziału Biologii i Biotechnologii UWM w Olsztynie;
- **Styczeń 2016 – listopad 2025** – Członek Polskiego Towarzystwa Botanicznego;
- **2019-10-17 – 2022-05-17** Skarbnik Olsztyńskiego Oddziału PTB;
- **2022-03-04 – 2022-05-15** członek zespołu ds. tworzenia i modyfikacji programu studiów na kierunku Biotechnologia I stopnia;
- **2022-05-17 – nadal** Sekretarz Olsztyńskiego Oddziału PTB;
- **2022-10-03 – 12.07.2025** funkcja opiekuna roku studiów stacjonarnych pierwszego stopnia na kierunku Biologia (Wydział Biologii i Biotechnologii);
- **Od 2023-11-22** członkostwo w Wydziałowej Komisji Wyborczej Wydziału Biologii i Biotechnologii UWM w Olsztynie;
- **Kadencja 2023-2025** Członek Rady Redakcyjnej czasopisma *Acta Societatis Botanicorum Poloniae*;
- Protokolant podczas dwóch obron prac doktorskich.

Działalność popularyzująca naukę

1. Organizacja i prowadzenie wydarzeń w ramach **Ogólnopolskiej Nocy Biologów**:

2013-01-11 „Rośliny mięsożerne – kaprys czy strategia przetrwania? Sposób na przeżycie w trudnych warunkach” – warsztaty mikroskopowe

2014-01-10 „Quiz dla Małych Przyrodników” – quiz

2017-01-13 „400 razy bliżej roślin” – warsztaty
2020-01-10 „Jak drzewa się rozsiewają?” – wystawa
2020-01-10 „Ile jest kawy w kawie i czekolady w czekoladzie?” – warsztaty
2020-01-10 „Dlaczego orzechy są zdrowe?” – warsztaty
2020-01-10 „Zmiany klimatu” – poster
2021-01-08 „Liście – zwykłe, niezwykle, zdumiewające” – webinarium
2022-01-14 „Quiz wiedzy botanicznej. Nieoczywiste rośliny jadalne” – gra online
2022-01-14 „Inwazja obcych” – gra online
2022-01-14 „DNA na widelcu” – publikacja filmu instruktażowego na kanale Youtube
2024-01-12 „Z kwiatka na kwiatek” – warsztaty palinologiczne
2024-01-12 „Roślinny mikrokosmos” – warsztaty mikroskopowe
2025-01-10 „Podgrzani, ale przystosowani: Adaptacje roślin do wysokich temperatur” – warsztaty

2. Organizacja i prowadzenie wydarzeń w ramach międzynarodowej akcji **Plant Fascination Day**. Od 2024 pełnię funkcję koordynatora tego wydarzenia w Olsztynie.

2019-05-24 Pokaz „Jak rozsiewają się drzewa?”

2024-05-11 do 2024-06-15 cykl warsztatów terenowych pod nazwą „Las oczami botanika”

3. Wykład online w ramach akcji **Cykliczne Spotkania z Nauką**

2021-05-26 „Liście – zwykłe, niezwykle, zdumiewające”

4. 2016-04-19, 2016-04-26 udział w ogólnopolskim programie **Dzień Przedsiębiorczości** – weryfikującym plany edukacyjne licealistów z II LO w Olsztynie

7. Inne informacje dotyczące kariery zawodowej.

Odbyte kursy i szkolenia

2001 – Certificate in Advanced English Język angielski poziom zaawansowany C2

2010-09-15 - 2010-09-19

Szkolenie taksonomiczne *Letnia Szkoła Taksonomii* – organizator: Wydział Biologii Uniwersytetu Gdańskiego.

2011-09-22 *Waloryzacja przyrodnicza alei przydrożnych i zadrzewień* – warsztaty szkoleniowe organizowane przez Wydział Biologii UWM w Olsztynie

2013-09-28 – 2013-11-30 *Wykorzystanie systemu informacji przestrzennej GIS do zarządzania zasobami środowiska* – szkolenie zorganizowane przez UWM w Olsztynie

2016-03-10 *Szkolenie w dziedzinie bezpieczeństwa i higieny pracy* - zorganizowane przez Towarzystwo Naukowe w Olsztynie

- 31.05. – 01.06.2016** *Technika Real-Time PCR w oznaczeniach jakościowych i ilościowych – warsztaty zorganizowane w Olsztyńskim Parku Naukowo-Technologicznym;*
- 2018-09-20** *Szkolenie z zakresu ochrony danych osobowych, w tym z zakresu Rozporządzenia Parlamentu Europejskiego i Rady (UE) 2016/679 z dnia 27 kwietnia 2016 roku – organizator: UWM w Olsztynie*
- 2019-11-26** *Warsztaty z przygotowania bibliotek DNA zestawem KAPA Hyper PLUS*
- 2020-10-17** *Wprowadzenie do obróbki i analizy danych NGS – szkolenie realizowane w ramach projektu pn. "Program Rozwojowy Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie"*
- 2021-09-15 – 2021-02-19** *Analiza i wizualizacja danych w R. - Szkolenie przeprowadzone przez Instytut Innowacyjnej Edukacji sp. z o.o.*
- 2021-09-17** *NGS - Głębokie Sekwencjonowanie – realizowane w ramach projektu pn. "Program Rozwojowy Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie"*
- 2021-11-05** *Pierwsza pomoc przedmedyczna (dla początkujących) – szkolenie zorganizowane przez Uniwersyteckie Centrum Wsparcia, Ośrodek ds. Osób z Niepełnosprawnościami, UWM w Olsztynie.*
- 2022-02-10** *Zaburzenia depresyjne – szkolenie zorganizowane przez Uniwersyteckie Centrum Wsparcia, Ośrodek ds. Osób z Niepełnosprawnościami, UWM w Olsztynie.*
- 2023-11-06** *Szkolenie w dziedzinie bezpieczeństwa i higieny pracy – organizator: LUXCONTROL POLSKA*

Wykonane recenzje dla czasopism naukowych

W latach 2016-2025 wykonałam 27 recenzji manuskryptów na zaproszenie redakcji czasopism o zasięgu międzynarodowym, w tym:


Biology (1), BMC Genomics (1), BMC Plant Biology (3), Genes (2), Genetics and Molecular Biology (1), International Journal of Molecular Sciences (4), Journal of Applied Genetics (1), Journal of Plant Research (1), Molecular Ecology Resources (7), PeerJ (2), Plants (1), PLOS One (1), Scientific Data (1), Scientific Reports (1).

Nagrody i wyróżnienia

W latach 2012 – 2013 Laureatka programu stypendialnego dla doktorantów w ramach projektu systemowego Departamentu Europejskiego Funduszu Społecznego Urzędu Marszałkowskiego Województwa Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie pt. „DrINNO3 – zwiększenie podaży technologicznej w województwie warmińsko-mazurskim poprzez stypendia dla doktorantów” z Programu Operacyjnego Kapitał Ludzki 2007-2013 współfinansowanego z Europejskiego Funduszu Społecznego;

2013-06-30 Laureatka III miejsca w konkursie posterów w sekcji Struktury i Rozwoju Roślin PTB podczas 56. Zjazdu Polskiego Towarzystwa Botanicznego w Olsztynie;

- 2014-02-20** Wyróżnienie rozprawy doktorskiej pt.: „Ewolucja i taksonomia molekularna rodzaju *Lamium* L. w oparciu o analizę trzech genomów”;
- 2021-12-01** Nagroda Indywidualna Rektora III stopnia za osiągnięcia w dziedzinie organizacyjnej
- 2020-12-18** Nagroda Rektora UWM w Olsztynie za wyróżniające się publikacje naukowe wydane w 2019 roku;
- 2023-12-19** Nagroda Rektora UWM w Olsztynie za wyróżniające się publikacje naukowe wydane w 2022 roku;
- 2024-11-27** Nagroda Rektora UWM w Olsztynie za wyróżniające się publikacje naukowe wydane w 2023 roku;


.....
(podpis wnioskodawcy)