

Prof. dr hab. Józef Tworkowski

Dziedzina nauk rolniczych, dyscyplina rolnictwo i ogrodnictwo

Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

e-mail: jtwor@uwm.edu.pl

Recenzja osiągnięcia naukowego

**pt,” Analiza zróżnicowania genetycznego sekwencji powtarzalnych żyta
i możliwości jej wykorzystania w ustalaniu tożsamości odmian i hodowli tego zboża”
oraz dorobku naukowego**

Pani dr Magdaleny Achrem

**ubiegającej się o nadanie stopnia doktora habilitowanego
w dziedzinie nauk rolniczych, w dyscyplinie agronomii**

wykonana na zlecenie

**Pana prof. dr hab. Krzysztofa Kowalczyka, Dziekana Wydziału Agrobioinżynierii
UP w Lublinie**

1. Informacje o Kandydatce

Pani dr Magdalena Achrem (rocznik 1974) jest absolwentką kierunku Biologia i Ochrona Środowiska, Wydziału Nauk Przyrodniczych Uniwersytetu Szczecińskiego w Szczecinie. Dyplom doktora nauk biologicznych w specjalności biologia, nadany uchwałą Rady Wydziału Nauk Przyrodniczych Uniwersytetu Szczecińskiego na podstawie rozprawy ”Studia kariologiczne rodzaju *Secale*”, uzyskała z wyróżnieniem w roku 2006. Po studiach zatrudniona była w latach 1998-2006 jako asystent, a od roku 2006 jako adiunkt, w Katedrze Biologii Komórki na Wydziale Nauk Przyrodniczych Uniwersytetu Szczecińskiego (obecnie Katedra Biologii Molekularnej i Cytologii, Wydział Biologii). W trakcie pracy zawodowej odbyła trzy krótkoterminowe staże w krajowych ośrodkach naukowych oraz 3-miesięczny staż zagraniczny w Nowegian University of Life Sciences, Deptment of Plant and Environmental Sciences.

Pani dr Magdalena Achrem ubiegała się wcześniej o nadanie stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk biologicznych w dyscyplinie biologia. Wszczęcie

postępowania prowadzonego przez Radę Wydziału Biologii Uniwersytetu Szczecińskiego nastąpiło w kwietniu 2018 r., natomiast w listopadzie 2018 r. decyzją tej samej Rady zostało umorzone na podstawie art.105 par. 2 Kpa.

2. Ocena osiągnięcia naukowego wymienionego w ustawie z 14 marca 2003 o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. z 27 września 2017 r. poz. 1789), zgodnie z art.170 ustawy z 3 lipca 2018r- przepisy wprowadzające ustawę-Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 30 sierpnia 2018 r.) oraz pozostałego opublikowanego dorobku naukowego.

2.1. Ocena osiągnięcia naukowego

Osiągnięciem naukowym, pt. **"Analiza zróżnicowania genetycznego sekwencji powtarzalnych żyta i możliwości jej wykorzystania w ustalaniu tożsamości odmian i hodowli tego zboża"** stanowiącym podstawę do ubiegania się o stopień doktora habilitowanego Pani dr Magdaleny Achrem, jest cykl pięciu oryginalnych publikacji, opublikowanych w latach 2010 – 2017.

- 1. Magdalena Achrem, Anna Kalinka, Stanisława Rogalska.** 2014. Assessment of genetic relationships among *Secale* taxa by using ISSR and IRAP markers and the chromosomal distribution of the AAC microsatellite sequence. Turkish Journal of Botany, 38 (2):213-225. DOI:10.3906/bot-1207-26.
IF 2014/2015 1,178, *IF* 5-letni 1,098, lista MNiSW:10 pkt, udział własny – 70 %
- 2. Magdalena Achrem, Anna Kalinka, Stanisława Rogalska.** 2010. Possible ancient origin of heterochromatin JNK sequences in chromosomes 2R of *Secale vavilovii* Grossh. Journal of Applied Genetic, 51 (1):1-8. DOI:10.1007/BF03195704.
IF 2010 1,482, *IF* 5-letni 1,925, lista MNiSW:20 pkt, udział własny – 80 %
- 3. Anna Kalinka, Magdalena Achrem.** 2015. Analysis of the flanking sequences of the heterochromatic JNK region in *Secale vavilovii* Grossh. Chromosomes. Biologia Plantarum, 59(4):637-644. DOI:10.1007/s10535-015-0531-0.
IF 2015 1,665, *IF* 5-letni 1,511, lista MNiSW:25 pkt, udział własny – 40 %
- 4. Magdalena Achrem, Anna Kalinka.** 2017. Tracking of intercalary DNA sequences integrated into tandem repeat arrays in *Secale vavilovii*. Acta Societatis Botanicorum Poloniae, 86(2):3548.DOI:10.5586/asbp.3548.
IF 2017 0,876, *IF* 5-letni 1,321, lista MNiSW:25 pkt, Udział własny – 50 %

5. Anna Kalinka, **Magdalena Achrem and** Paulina Poter. 2017. The DNA methylation level against the background of the genome size and t-heterochomation content in some species of the genus *Secale* L. Peer J.5:e2889. DOI:10.7717/peerj.2889.

IF₂₀₁₇ 2,118, IF_{5-letni} 2,469, lista MNiSW:35 pkt, Udział własny – 40 %

Przedstawione prace, wszystkie w języku angielskim, znajdują się w bazie Journal Citation Reports. Sumaryczny IF z roku wydania tych prac wynosi 7,319, zaś 5-letni 8,324. Prace te wyceniane zostały łącznie na 115 pkt. MNiSW. Habilitantka jest pierwszym autorem w trzech pracach (25, 10 i 20 pkt. MNiSW), w których udział własny oszacowała na 50, 70 i 80 %, w dwóch pracach (25 i 35 pkt MNiSW) jest drugim autorem z 40 % udziałem własnym. Wkład Habilitantki polegał na opracowaniu hipotez roboczych 3 prac, wykonaniu lub współwykonaniu eksperymentów, analizie wyników, przygotowaniu manuskryptu i korespondencji z redakcją (wszystkie prace). Zatem udział Habilitantki w powstaniu przedstawionych prac był znaczny, jednak w pracach wyżej punktowanych nie dominujący. Warto podkreślić jest to, że we wszystkich pracach jest Ona autorem korespondencyjnym. Współautorski charakter prac wynika z zespołowej pracy badawczej.

Tematyka zawarta w przedstawionym cyklu prac zatytułowanym przez Kandydatkę **"Analiza różnicowania genetycznego sekwencji powtarzalnych żyta i możliwości jej wykorzystania w ustalaniu tożsamości odmian i hodowli tego zboża"** dotyczy głównie różnicowania genetycznego sekwencji powtarzalnych wybranych taksonów rodzaju *Secale* L. Natomiast w przedstawionych pracach nie znalazłem informacji bezpośrednio odnoszących się do **..."możliwości jej wykorzystania w ustalaniu tożsamości odmian i hodowli tego zboża"**. Wnikliwy czytelnik może "wyłowić" te aspekty w analizowanych pracach, jednak tytuł osiągnięcia naukowego wydaje mi się nieco wykraczający poza treść publikacji.

W Pracy (P1) dotyczącej analizy zależności genetycznych między taksonami *Secale* zastosowano systemy markerowe ISSR badające polimorfizm sekwencji międzymikrosatelitarnych oraz IRAP określające polimorfizm sekwencji będących między retrotranspozonami. Rozmieszczenie motywu mikrosatelitarnego AAC badano metodą hybrydyzacji *in situ*. Badaniom poddane były następujące taksony żyta: *Secale cereale* ssp. *afghanicum* Vavilov, *Secale cereale* ssp. *segetale* Zhuk., *Secale sylvestre* Host., *Secale strictum* ssp. *strictum* Presl., *Secale strictum* ssp. *africanum* Stapf, *Secale strictum* ssp. *kuprijanovii* Grossh, linie wsobne *Secale vavilovii* Grossh oraz *Secale cereale* L. cv. Dańkowskie Zielonkawe jako forma uprawna (nie znam takiej odmiany – dlatego nie użyto

zarejestrowanej, znanej odmiany?). Analiza porównawcza ujawniła różnice w rozkładzie analizowanych sekwencji w genomach gatunków *Secale*. Podobieństwo *Secale sylvestre* i *Secale strictum* osiągnęło ponad 85%. Gatunki te jednocześnie wykazały się najmniejszym podobieństwem w stosunku do wszystkich badanych taksonów (36,6 do 50,9%). Dla *Secale strictum* subsp. *africanum* (Stapf) K. Hammer and *Secale strictum* subsp. *kuprijanovii* (Stapf) K. Hammer, podobieństwo osiągnęło wartość 75%. Pozostałe taksony tworzyły dużą grupę, w której najwyższą wartość podobieństwa przypisano *Secale cereale* L. i linii wsobnej *Secale vavilovii* (80%). Wysokie podobieństwo pomiędzy s. *cereale* cv. Dańkowskie Zielonkawe i dzikimi podgatunkami *S. cereale* oraz *S. vavilovii*, wskazuje na silną zależność genetyczną między nimi. Kandydatka spodziewa się więc wysokiej skuteczności krzyżowania i możliwości tworzenia materiału dla nowych odmian hodowlanych o pożądanych cechach. Bowiem dzikie, pierwotne formy *Secale* mogą być bankiem genów warunkujących wiele pożądanych cech w hodowli, w tym szczególnie odporność na choroby czy niekorzystne warunki klimatyczno-glebowe.

Około 50 lat temu rozpoczęto badania filogenetyczne rodzaju *Secale*. Problem ten jednak nie został wystarczająco poznany, a jest niezmiernie ważny w aspekcie hodowli nowych odmian. Niestety skuteczność krzyżowania i jednocześnie uzyskania ziarniaków z mieszańców oddalonych między odmianami i gatunkami dzikimi jest ciągle niska. Prace nad krzyżowaniem międzygatunkowym żyta uprawnego z gatunkami dzikimi jak: *S. montanum*, *S. kuprijanovii*, *S. sylvestre* i *S. vavilovii*, niestety nie doprowadziły bezpośrednio do powstania nowych odmian. Jest to jednak metoda na powiększenie zmienności genetycznej materiałów wyjściowych do hodowli. Problemem jest to, że uzyskane przez krzyżowanie oddalone formy charakteryzują się niskim plonem i jego jakością a także niską odziedziczalnością korzystnych cech przy silnym ich powiązaniu z cechami niekorzystnymi.

Badania Habilitantki wskazują na przydatność markerów ISSR oraz IRAP do oceny zróżnicowania międzygatunkowego w rodzaju *Secale*, a także na ewentualną ich użyteczność w ocenie tożsamości gatunkowej i odmianowej.

W kolejnych pracach (P2-P4) dokonano kompleksowej analizy bloku sekwencji powtarzalnych JNK, którego występowanie w niektórych roślinach *S. vavilovii* związane jest z obniżeniem ich płodności i żywotności. Wykazano podobieństwo sekwencji JNK do sekwencji 5SrDNA. Przedstawiono złożoność regionu heterochromatyny JNK, jako niejednorodnej struktury z obecnością obcych, bardzo różnorodnych sekwencji. Wykazano, że sekwencje JNK były podobne do genu 5-kinazy glutaminianu i domniemanej dehydrogenazy alkoholowej pierwotniaków z rodzaju *Leishmania*, do mRNA

mitochondrialnego genu białka rybosomalnego S4 u roślin, do genu glikoproteiny wirusa IHNV oraz do sekwencji powtarzalnej żyta i chromosomu 3B pszenicy. Wykazano też, że sekwencja JNK jest flankowana przez charakterystyczną dla genomu żytniego sekwencję powtarzalną R173. Wykazano również, że obszar nietypowego prążka heterochromatynowego – blok JNK – może stanowić zespół wadliwych genów, lub elementów ruchomych gromadzonych głównie w chromosomie 2RL. Jest to wiadomość ważna, ponieważ aktywne wadliwe geny mogą wpływać na aktywność genów poprzez ncRNA.

W pracy (P5) porównano poziom metylacji cytozyn w skali globalnej (ELISA) i skali genomowej (MSAP) między gatunkami rodzaju *Secale*. Uzyskano wysoki poziom metylacji DNA, który wahał się od 60% w *S. strictum* ssp. *africanum* do 66% w *S. cereale* ssp. *segetale*, oraz wysoki poziom globalnej metylacji wynoszący od 53% dla *S. strictum* do 83% dla *S. cereale* ssp. *segetale*.

Za pomocą nowatorskich badań opartych na zmienności metylacji cytoplazmy potwierdzono, że najbardziej różniący się od innych badanych gatunków żyta pod względem epigenetycznym był najstarszy filogenetycznie gatunek *S. sylvestre*. Stwierdzono, że podczas ewolucji rodzaju *Secale*, przy zwiększaniu rozmiarów genomu nie musi dochodzić do zwiększenia poziomu metylacji DNA.

Podsumowując cykl publikacji przedstawiony przez dr Magdalenę Achrem pod tytułem **"Analiza zróżnicowania genetycznego sekwencji powtarzalnych żyta i możliwości jej wykorzystania w ustalaniu tożsamości odmian i hodowli tego zboża"** stwierdzam, że on jest oryginalnym osiągnięciem, stanowiącym ważny wkład naukowy Habilitantki w zakresie wiedzy o zróżnicowaniu genomów gatunków z rodzaju *Secale* i spełnia wymagania stawiane kandydatom do stopnia doktora habilitowanego.

2.2 Ocena pozostałego opublikowanego dorobku naukowego

Pozostały dorobek naukowy Habilitantki (z wyłączeniem pięciu prac składających się na osiągnięcie naukowe) obejmuje 38 oryginalnych prac twórczych, w tym ponad połowa opublikowanych w języku angielskim, wycenionych na 292 pkt MNiSW. W czasopiśmie wyróżnionych w bazie JCR (lista A), ogłoszono 10 prac, (161 pkt) z sumarycznym IF z roku wydania 9,574, zaś IF 5-letni wynosi 11,329. W czasopiśmie nieposiadających współczynnika IF (lista B) opublikowano 10 prac, (w tym 7 po uzyskaniu stopnia doktora). Ponadto dorobek naukowy obejmuje 1 monografię po doktoracie i 10 rozdziałów w

monografiach (w tym 4 po doktoracie), oraz 7 prac w recenzowanych materiałach pokonferencyjnych. Większość dorobku naukowego Habilitantki, co jest zrozumiałe, przypada na okres po obronie pracy doktorskiej.

Prace publikowane były w następujących czasopismach z listy JCR: *Planta* (35 pkt MNiSW), *Chromosome Research* (27 pkt), *Folia Biologica* (20 pkt), *Acta Biologica Cracoviensia Series Botanica* (7-20 pkt), *Acta Botanica Croatica* (15 pkt), *Polish Journal of Ecology* (15 pkt), *Postępy Biologii Komórki* (6 – 9 pkt), a także w innych czasopismach jak: *Acta Biologica*, *Acta Mycologica*, *Polish Journal of Natural Sciences*, *Kosmos*, *Biuletyn IHAR*, oraz jako rozdziały w monografiach i wydawnictwach konferencyjnych.

Wszystkie publikacje są współautorskie w których udział Habilitantki wynosi od 5 do 80%, W 9 pracach Habilitantka jest pierwszym, w 20 drugim, w 9 trzecim lub 4 współautorem.

Początkowa praca naukowa Habilitantki ukierunkowana była głównie na analizy cytogenetyczne różnych gatunków z rodzaju *Secale*, a przede wszystkim linii *S. vavilovii*. Analizy te wykazały w niektórych roślinach obecność dodatkowego prążka heterochromatynowego w chromosomach pary 2R. Rośliny te były słabe, pozbawione wigoru o silnie zredukowanej płodności i najczęściej wypadały z badanej populacji. Okazało się że dodatkowa frakcja heterochromatyny tych roślin zbudowana jest z sekwencji rodziny JNK. W roślinach bez dodatkowego prążka heterochromatynowego w chromosomach pary 2R, sekwencja JNK jest rozproszona w całym genomie. Dalsze rozwinięcie tego tematu było częścią osiągnięcia naukowego.

Ważnym tematem badawczym była analiza występowania pszenicznych sekwencji mikrosatelitarnych jako markerów molekularnych odporności na porastanie ziarna w kłosach żyta, pszenicy i pszenżyta. Wykazano sprzężenie badanych markerów z tolerancją na porastanie badanych odmian, co może być przydatne w pracach hodowlanych.

W badaniach zmian sekwencji powtarzalnych w genomach zbóż Habilitantka prowadziła analizę rearanzacji sekwencji nukleotydowych DNA w genomie mieszańcowym pszenżyta, powstałym ze skrzyżowania pszenicy odmiany Lanca z żytem odmiany Muro. Badano dwa pokolenia mieszańców aby uzyskać informację o ich stabilności genetycznej.

Habilitantka wykorzystwała analizy molekularne do badania genetycznego zróżnicowania populacji ryb *Salmo trutta* oraz *Coregonus lavaretyus*. Za pomocą dwóch systemów markerowych RAPD i SSR wykazała duże zróżnicowanie genetyczne troci pochodzących z Drawieńskiego Parku Narodowego i jego otuliny. Badane za pomocą

markerów mikrosatelitarnych dwie populacje siei wykazały również wysoką zmienność genetyczną.

Kolejnym obiektem badań Habilitantki były porosty *Opegrapha vulgata*. Przedstawiciele tej grupy gatunków mają mało cech diagnostycznych, występują więc problemy z taksonomią i nomenklaturą. Dopracowano metody izolacji DNA z owocników oraz reakcję PCR. Wykazano duży polimorfizm i wysoką zmienność genetyczną badanych okazów.

Cenne są również badania kariologiczne endemicznego gatunku *Elantie gussonei*. Jest to gatunek o znanej morfologii ale nie znanej liczbie chromosomów. Powyższe badania ustaliły diploidalną liczbę 54 chromosomów tego gatunku.

Ważne badania prowadziła Habilitantka w ramach stażu naukowego w Norwegian University of Life Sciences. Dotyczyły one analizy genów *Festuca pratensis* związanych z tolerancją na chłód. Określano poziom ekspresji badanych genów w tkankach kostrzewy łąkowej oraz przeprowadzono rozpoznanie biblioteki *Festuca pratensis* pod kątem badanych genów i poznania ich sekwencji nukleotydowej. Wyizolowanie i poznanie aktywności tych genów jest ważne w aspekcie hodowli odmian odpornych na mróz.

Doświadczenie zdobyte w badaniach budowy i funkcjonowania frakcji heterochromatynowej oraz poznanie mechanizmów epigenetycznych roślin, zaowocowało napisaniem przez Habilitantkę trzech rozdziałów w podręczniku "Chromatyna. Molekularne mechanizmy epigenetyczne".

Prace Habilitantki powstały na podstawie eksperymentów, moim zdaniem zaliczających się do badań podstawowych, podejmowanych przede wszystkim w celu zdobywania nowej wiedzy, w tym przypadku interdyscyplinarnej z pogranicza nauk biologicznych i agronomii, nie nastawionych zwykle na bezpośrednie praktyczne zastosowanie lub użytkowanie. Jednocześnie warsztat badawczy jakim posługuje się Kandydatka, oraz uzyskane wyniki badań, są wykorzystywane w wielu specjalnościach z zakresu agronomii. Badanie obecności oraz rozmieszczenia, pochodzenia i funkcji sekwencji powtarzalnych przyczynia się do poznania potencjału oraz procesu ewolucji roślin, a także do określenia stopnia podobieństwa między gatunkami. Zatem może być przydatne do oceny tożsamości gatunkowej i odmianowej roślin. Należy też zauważyć, że poznanie zależności filogenetycznych żyta może być wykorzystane w hodowli tego gatunku. Istnieje też potrzeba opracowania metod pozwalających na poznanie relacji filogenetycznych roślin, być może weryfikujących dotychczasowe systemy ich klasyfikacji.

Ważnym osiągnięciem Kandydatki jest poszukiwanie i ocena przydatności nowoczesnych metod, stosowania różnych systemów markerowych w badaniach genetycznej bioróżnorodności roślin.

Łączny dorobek naukowy Pani dr Magdaleny Achrem wyceniony jest na 407 pkt MNiSz, sumaryczny IF z roku wydania wynosi 16,893 a IF 5-letni 19,653. Liczba cytowań publikacji wg. bazy Web of Science to 34 (bez autocytowań 25). Indeks Hisha wg. Web of Science wynosi 3. Uznaję przedstawiony dorobek naukowo-badawczy za oryginalny, spełniający wymagania stawiane kandydatom do stopnia doktora habilitowanego.

3. Ocena aktywności badawczej, współpracy, dorobku dydaktycznego i popularyzatorskiego

Habilitantka wykazała duże predyspozycje do pracy zespołowej. Prace badawcze prowadziła w ramach współpracy z różnymi zespołami macierzystej katedry, Katedry Zoologii Ogólnej, Katedry Ekologii i Ochrony Środowiska, Katedry Botaniki i Ochrony Przyrody US, Katedry Genetyki Zwierząt i Podstaw Hodowli Zwierząt AR w Poznaniu, Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu, a także z pracownikami Katedry Genetyki i Biologii Roślin Norweskiego Uniwersytetu Nauk Przyrodniczych.

Habilitantka aktywnie włączała się w pozyskiwanie i realizację projektów badawczych. Była kierownikiem trzech projektów badawczych:

- Przyczyny spadku wigoru roślin i ich eliminacji z populacji na przykładzie żyta *Secale cereale* Grossh.(realizacja 2010 – 2015)
- Identification of candidate genes for cold tolerance in *Festuca pratensis*.(realizacja 2009 r.)
- Identyfikacja i lokalizacja genetycznych elementów ruchomych w chromosomach linii *Secale vavilovii* Grossh. z wykorzystaniem metody FISH (realizacja 2001 -2002)

oraz wykonawcą w dwóch kolejnych finansowanych ze środków KBN, Fundacji Rozwoju Systemu Edukacji (FRSE) oraz z Programu Operacyjnego Zrównoważonego rozwoju sektora rybactwa i nadbrzeżnych obszarów rybackich. Kandydatka była koordynatorem projektu "Korelacja identyfikacji i zwalczania transgranicznych powiązań terrorystycznych i przestępczych w obszarze badań genetycznych i informatycznych. Badania takie dotyczą identyfikacji substancji biologicznych z wykorzystaniem markerów molekularnych oraz technik hybrydyzacyjnych w kryminalistyce. Brała też wykonawcą w dwóch projektach

Researchres' Night-SzczecinTime finansowanych przez Komisję Europejską w ramach 7. Programu Ramowego UE.

Habilitantka była również członkiem komitetu organizacyjnego dwóch krajowych sympozjów naukowych.

Za osiągnięcia naukowe Dr M. Achrem uzyskała dwie nagrody JM Rektora US.

Jako specjalista wykonała zamawianą ekspertyzę książki autorstwa prof. R. Ziemińskiej pt. "Niebinarne i wielowarstwowe pojęcie płci".

Była recenzentką publikacji wydawanych w następujących czasopismach: Scientia Horticulturae, African Journal of Biotechnology, Turkish Journal of Botany, Journal of Applied Genetics.

Wygłosiła 13 referatów oraz zaprezentowała 25 posterów na konferencjach krajowych i zagranicznych (Niemcy, Włochy, Portugalia, Francja).

Pani dr Magdalena Achrem jest zaangażowanym dydaktykiem oraz aktywnym organizatorem i popularyzatorem nauki w środowisku lokalnym. Prowadziła zajęcia ze studentami z przedmiotów: Biologia komórki, Biologia molekularna z cytogenetyką, Cytogenetyka i inżynieria chromosomowa, Cytogenetyka klasyczna, Biologia chromosomów, Epigenetyka, Genomika i epigenetyczna regulacja ekspresji genu, Mutacje i mutageneza, Metody badań mikroskopowych, Wpływ czynników środowiskowych na genom i epigenom. Jest promotorem ponad 30 prac dyplomowych magisterskich lub licencjackich. Prowadziła praktyki zawodowe dla studentów macierzystego wydziału, oraz była opiekunką Koła Naukowego. Była i jest opiekunem roku studiów. Jest docenianym i lubianym nauczycielem czego dowodem jest dwukrotne zwycięstwo w konkursie wydziałowym na najlepszego nauczyciela akademickiego. Była członkiem Zespołu ds. Jakości i Programów Kształcenia na kierunku Biotechnologia. Za osiągnięcia dydaktyczne była wyróżniona nagrodą zespołową JM Rektora US.

Habilitantka organizowała i prowadziła zajęcia laboratoryjne popularyzujące cytogenetykę i biologię molekularną w ramach akcji "Noc Biologów" oraz "Wiosna Biologów" a także w ramach Zachodniopomorskiego Festiwalu Nauki, którego jest koordynatorem wydziałowym, udzielała się w organizacji Namiotu Eksperymentów podczas Szczecińskiej Nocy Naukowców. Udziela się również w kształceniu młodzieży ponadgimnazjalnej. Jest członkiem komitetu organizacyjnego Okręgowej Olimpiady Biologicznej, oraz sprawuje opiekę nad uczniami biorącymi udział i zdobywającymi tytuł laureata w tej olimpiadzie.

Uzyskała 3-krotnie stypendium wyjazdowe na staż naukowy lub konferencje zagraniczne.

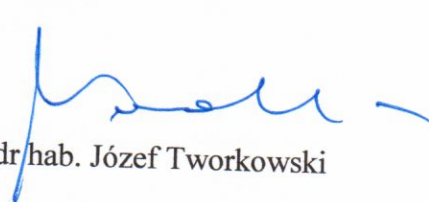
Habilitantka jest członkiem Rady Wydziału Biologii a także członkiem Senatu Uniwersytetu Szczecińskiego. Udziela się w Wydziałowej Komisji ds. Wydawnictw, oraz Radzie Monitorującej projekt Centrum Biologii Molekularnej i Biotechnologii.

4. Wniosek końcowy

Przedstawione osiągnięcie badawcze, oraz pozostały dorobek naukowy Pani dr Magdaleny Achrem uznaję za oryginalny, wnoszący pewien wkład wiedzy dotyczącej różnicowania genetycznego żyta i innych organizmów. Za ważny element dorobku badawczego uważam poszukiwanie i ocenę przydatności nowoczesnych metod oraz stosowania różnych systemów markerowych w badaniach genetycznej bioróżnorodności roślin. Habilitantka ma bogaty dorobek dydaktyczny, organizacyjny a także osiągnięcia w zakresie współpracy i popularyzacji nauki. Wykazuje znaczącą samodzielność badawczą i dydaktyczną, dysponuje dużym doświadczeniem zawodowym, pogłębianym współpracą z różnymi krajowymi i zagranicznymi ośrodkami naukowymi. Zatem spełnia wymagania stawiane kandydatom ubiegającym się o stopień doktora habilitowanego, określone w ustawie z 14 marca 2003 r. o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. z 27 września 2017 r. poz. 1789), zgodnie z art.170 ustawy z 3 lipca 2018 r. Przepisy wprowadzające ustawę - Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 30 sierpnia 2018 r), oraz kryteria zawarte w Rozporządzeniu Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 1 września 2011 r. (Dz.U. Nr196 poz 1165).

Wnoszę do Rady Wydziału Agrobioinżynierii Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie o nadanie Pani dr Magdalenie ACHREM stopnia doktora habilitowanego nauk rolniczych w dyscyplinie agronomia (według Rozporządzenia Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 20 września 2018 r. poz.1818 dyscyplina rolnictwo i ogrodnictwo.

Olsztyn, 16.X.2019 r.


Prof. dr hab. Józef Tworowski