Dr Witold Wachowiak
Instytut Dendrologii PAN
Pracownia Biologii Molekularnej
[redacted]

AUTOREFERAT

Urodziłem się 21 lutego 1975 roku w Poznaniu. W okresie wczesnoszkolnym interesowałem się szczególnie geografią wygrywając ogólnoszkolny konkurs wiedzy geograficznej. Jednak z biegiem czasu moje zainteresowania coraz bardziej skłaniały się w kierunku zagadnień przyrodniczych i biologii. W roku 1990 rozpocząłem naukę w Liceum Ogólnokształcącym Św. Marii Magdaleny w Poznaniu. W roku 1994 zdałem z wyróżnieniem maturę w klasie o profilu biologiczno-chemicznym otrzymując nagrodę Dyrektora szkoły za szczególne osiągnięcia w nauce. W październiku 1994 r. rozpocząłem studia na Wydziale Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu (UAM) na kierunku biotechnologia. Za bardzo dobre wyniki w nauce, corocznie w latach 1995-1998 otrzymywałem stypendia naukowe Wydziału Biologii UAM, a w roku akademickim 1998/1999 stypendium Ministra Edukacji Narodowej.

Początki kariery naukowej i współpracy międzynarodowej. W roku 1997 rozpocząłem pracę magisterską w Zakładzie Genetyki UAM, pod kierunkiem Prof. Wiesława Prus-Głowackiego. W tym czasie w Zakładzie prowadzone były badania z zakresu genetyki roślin z wykorzystaniem metod biometrycznych oraz markerów biochemicznych (głównie izoenzymatycznych). W Zakładzie zainicjowałem całkowicie nowy profil badań genetycznych opartych na analizie polimorfizmu DNA i wykorzystaniu markerów molekularnych jako narzędzi diagnostycznych w analizach przepływu genów w naturalnych populacjach roślin i identyfikacji gatunków. Realizując temat pracy magisterskiej zatytułowanej – *Analiza porównawcza rejonów cpDNA i mtDNA u Pinus sylvestris i Pinus mugo z wykorzystaniem metody PCR-RFLP* – korzystałem z zaplecza laboratoryjnego Zakładu Biologii Molekularnej Roślin dzięki uprzejmości kierownika Zakładu Pani Prof. Haliny Augustyniak. Wyniki swojej pracy zaprezentowałem na Konferencji Polskiego Towarzystwa Botanicznego (Gdańsk, 15-19.09.1998). Pracę Magisterską obroniłem z wyróżnieniem w kwietniu 1999 roku. Studia magisterskie ukończyłem ze średnią ocen 4,78 za cały okres studiów. W dniu absolutorium otrzymałem nagrodę Dziekana Wydziału Biologii UAM za bardzo dobre wyniki w nauce i szczególne osiągnięcia w pracy naukowej.

Po studiach magisterskich zdecydowałem się kontynuować zainicjowane badania naukowe, rozpoczynając pracę doktorską w Zakładzie Genetyki UAM pod kierunkiem Prof. Wiesława Prus-Głowackiego. W Zakładzie zająłem się organizacją pracowni badań molekularnych stopniowo wyposażanej w niezbędny sprzęt (ultrawirówka, termocykler, aparatura do ekstrakcji i rozdziałów elektroforetycznych DNA i dokumentacji fotograficznej) zakupiony z przyznanego grantu Komitetu Badań Naukowych, którego byłem współautorem i głównym wykonawcą (załącznik p. I.V.C.1). W badaniach tych wykorzystałem układ kilku sympatrycznych populacji spokrewnionych gatunków sosen jako modelowy system w analizach procesów ewolucyjnych i specjacji roślin. W pracy doktorskiej zatytułowanej – *Procesy hybrydyzacji w sympatrycznych populacjach Pinus sylvestris i Pinus mugo complex badane markerami DNA* – opracowałem markery diagnostyczne plastydowego DNA do oceny hybrydyzacji sosny zwyczajnej i wydzielonych taksonów kosodrzewiny (Wachowiak i in. 2000. *Species specific cpDNA markers useful for studies on the hybridization between Pinus mugo x P. sylvestris*. Acta Soc. Bot. Pol. 69 (4): 273-276). Markery te, obok danych morfologicznych i izoenzymatycznych wykorzystałem także do identyfikacji hybrydów i przepływu genów w sympatrycznych populacjach tych spokrewnionych taxonów. W Zakładzie Genetyki prowadziłem również ćwiczenia z genetyki populacyjnej dla studentów kierunku biotechnologia, biologia molekularna, biologia eksperymentalna, hydrobiologia i botanika. Uczestniczyłem także w przygotowaniu i prowadziłem części bloku ćwiczeniowego – Aspekty Molekularne w Biologii Eksperymentalnej – dla studentów czwartego roku Biologii Eksperymentalnej UAM.

W trakcie studiów doktoranckich coraz bardziej uświadamiałem sobie konieczność rozwinięcia własnego warsztatu naukowego poprzez współpracę międzynarodową. W roku 2000 uzyskałem stypendium Fundacji Batorego na realizację czteromiesięcznego stażu naukowego w Federalnym Instytucie Genetyki Leśnej i Hodowli Drzew Leśnych w Grosshansdorf w Niemczech pod kierunkiem Prof. Birgit Ziegenhagen (obecnie Profesor na Philipps University w Marburgu w Niemczech). W Grosshansdorf prowadziłem prace badawcze z zakresu molekularnej analizy procesów hybrydyzacji w eksperymentach sztucznych krzyżowań spokrewnionych gatunków sosen. Opanowałem tam szczególnie techniki analiz rejonów mikrosatelitarnych DNA na denaturujących żelach poliakrylamidowych oraz analizy polimorfizmu DNA z wykorzystaniem metody sekwencjonowania Sangera. Staż był dla mnie również bezcennym doświadczeniem naukowym w kontaktach z pracownikami Instytutu min. Prof. Matiasem Fladungiem, jak i naukowcami odwiedzającymi w tym czasie Instytut, z których najbardziej cenię sobie robocze dyskusje jakie prowadziłem z Dr Thomasem Geburkiem z Institute for Forest Genetics z Wiednia i Dr Rémy Petit z National Institute for Agricultural Research w Bordeaux. Po powrocie ze stażu kontynuowałem badania w ramach pracy doktorskiej nad wykorzystaniem markerów DNA do identyfikacji

mieszańców w naturalnych populacjach *P. sylvestris* i *P. mugo*. Kontynuowałem także współpracę z pracownikami Zakładu Genetyki UAM w zakresie wdrażania metod molekularnych w badaniach taksonomicznych mszaków oraz analizy struktury genetycznej populacji drzew leśnych. Prace doktorską obroniłem z wyróżnieniem 9 czerwca 2003 r., a 26 września 2003 Rada Naukowa Wydziału Biologii UAM nadała mi tytuł doktora nauk biologicznych.

Rozwój kariery naukowej i współpracy międzynarodowej. Po doktoracie przyjąłem propozycję Prof. Andrzeja Lewandowskiego rozpoczęcia prac badawczych w nowo powstałej Pracowni Biologii Molekularnej, w Instytucie Dendrologii Polskiej Akademii Nauk w Kórniku (ID PAN). W pracowni wdrożyłem metody molekularnych analiz genetycznych w oparciu o markery DNA, prowadząc prace badawcze z zakresu zmienności genetycznej, hybrydyzacji oraz biogeografii roślin. Jednocześnie kontynuowałem pracę dydaktyczną w Zakładzie Genetyki UAM prowadząc ćwiczenia z genetyki populacyjnej. Już w trakcie studiów doktoranckich nawiązałem współpracę naukową z kilkoma adiunktami Zakładu Genetyki UAM w tym Dr Ireneuszem Odrzykoskim, Dr Katarzyną Buczkowską, Dr Aliną Baczkiewicz, Dr Ewą Chudzińską oraz Dr Aleksandrą Wojnicką-Półtorak, a w Instytucie Dendrologii szczególnie z pracownikami Zakładu Systematyki i Geografii Roślin ID PAN w tym z Prof. Adamem Boratyńskim. Współpraca pomiędzy różnymi grupami badawczymi wykorzystującymi w swych badaniach metody genetyki populacyjnej, cytogenetyki, biometrii i biochemii zaowocowała pozyskaniem łącznie siedmiu wspólnych projektów badawczych (załącznik p. I.V.C.2-8). We wszystkich tych projektach byłem autorem i głównym wykonawcą odpowiedzialnym za molekularną część badań genetycznych.

W tym czasie moje badania naukowe koncentrowały się wokół trzech głównych tematów badawczych tj. analizy procesów ewolucyjnych roślin i specjacji, taksonomii molekularnej oraz filogeografii drzew leśnych i mszaków. Wyniki tych badań opublikowałem w łącznie 15 publikacjach naukowych (załącznik p. I.I.A-B) w tym dwunastu z tzw. listy filadelfijskiej (ISI, Institute for Scientific Information, USA) będących w bazie Journal Citation Reports (JCR). Publikacje te opublikowane w latach 2004-2010, obok monotematycznego cyklu sześciu publikacji jaki przedstawiam w potępowaniu habilitacyjnym (str. 7-9, załącznik p. I.I.C), stanowią mój dorobek naukowy po doktoracie. W badaniach tych stosowałem połączone metody biometryczne, biochemiczne oraz molekularne w tym głownie technikę PCR, PCR-RFLP, sekwencjonowania DNA oraz analizę polimorfizmu rejonów mikrosatelitarnych wykorzystując w analizie danych szereg specjalistycznych programów komputerowych i metod statystycznych. W badaniach procesów ewolucyjnych roślin rozwinąłem min. prace nad zagadnieniem wpływu procesów hybrydyzacji na strukturę genetyczną i ewolucję sympatrycznych populacji spokrewnionych

gatunków sosen. Opublikowane prace (*i*) potwierdziły diagnostyczny, specyficzny gatunkowo charakter opracowanych markerów DNA oraz istnienie jednorodzicielskiego modelu dziedziczenia chloroplastowych genomów u badanych gatunków sosen, w tym sosny zwyczajnej i taksonów kompleksu *P. mugo* (załącznik p. I.I.A.1,2), (*ii*) udowodniły istnienie naturalnej hybrydyzacji pomiędzy badanymi taksonami z różnych stref występowania gatunków (załącznik p. I.I.A.4,9) i obecność w populacji mieszańców kryptycznych *Pinus sylvestris* x *P. uncinata* o fenotypie sosny zwyczajnej (załącznik p. I.I.A.13), a także (*iii*) występowanie zasadniczo niesymetrycznych barier krzyżowalności w sympatrycznych populacjach gatunków (załącznik p. I.I.A.8,11). Wyniki moich prac pozwoliły na sformułowanie nowej koncepcji procesów naturalnej hybrydyzacji badanych taksonów i ocenę wpływu hybrydyzacji na ewolucję ich sympatrycznych populacji (załącznik p. I.I.A.11). Za cykl prac badawczych nad hybrydyzacją spokrewnionych gatunków sosen otrzymałem Krajową Nagrodę Naukową z zakresu Genetyki Roślin im. Prof. Stefana Barbackiego (załącznik p.I.VI).

Zdobyte doświadczenie w opracowaniu i zastosowaniu markerów DNA w molekularnej taksonomii roślin wykorzystałem do testowania hipotez istnienia gatunków kryptycznych u wątrobowców. W projekcie – *Analiza procesu specjacji Aneura pinguis (L.) Dumort. (Hepaticopsida, Metzgeriales)* (załącznik p. I.V.C.4) – opracowałem markery DNA, które wskazały na istnienie złożonej struktury genetycznej w grupie morfologicznie jednorodnych taksonów wchodzących w skład kompleksu *A. pinguis*. Badania te wskazały na istnienie co najmniej trzech gatunków kryptycznych w obrębie tego kompleksu oraz dostarczyły narzędzi molekularnych do identyfikacji gatunków *A. pinguis* oraz analizy ich rozmieszczenia geograficznego (załącznik p. I.I.A.10). Praca – Wachowiak i in. (2007) *Cryptic speciation in bryophytes - a case study in the A. pinguis complex.* Botanical Journal of the Linnean Society, 155: 273–282 jest jedną z moich najczęściej cytowanych prac (23 razy, dane Web of Science z dnia 18.11.2011). W projekcie tym zostały opracowane również metody hodowli wątrobowców w kulturach in-vitro oraz analizy kolekcji zielnikowych z wykorzystaniem markerów DNA (załącznik p. I.I.A.7). Równolegle prowadziłem również badania z zakresu analizy zmienności genetycznej i struktury populacji drzew leśnych i mszaków (załącznik p. I.I.A.3,6), z których część kontynuuję w bieżących projektach badawczych (załącznik p. I.V.A.1). Wyniki prac nad procesami mającymi wpływ na obserwowaną zmienność genetyczną naturalnych populacji gatunków drzew były dyskutowane w aspekcie efektywnego gospodarowania zasobami genowymi i ochrony naturalnych pul genowych gatunków drzew leśnych (załącznik p. I.I.A.5, p. I.I.B.14) w tym sosny błotnej, taksonu zagrożonego w Polsce wyginięciem i będącego pod ścisłą ochroną gatunkową (załącznik p. I.I.A.12).

Pracując w Instytucie Dendrologii PAN nawiązałem kontakt z Profesor Outi Savolainen z Uniwersytetu w Oulu w Finlandii – autorytetu w zakresie genetyki populacyjnej roślin i specjacji, uhonorowanej min. doktoratem honoris causa Uniwersytetu Uppsala w Szwecji. Kierowana przez nią pracownia genetyczna jest jednym z najlepszych ośrodków na świecie zajmujących się analizą procesów zmienności adaptacyjnej i demograficznej roślin, głownie *Arabidopsis* i sosny zwyczajnej. W lipcu 2004 roku rozpocząłem w jej grupie miesięczny staż naukowy jaki uzyskałem w ramach bilateralnej współpracy naukowej pomiędzy Polską i Fińską Akademią Nauk. W sierpniu tego samego roku zostałem zatrudniony na Wydziale Biologii Uniwersytetu Oulu w ramach stażu podoktorskiego (Post-Doc), prowadząc prace badawcze w projekcie Unii Europejskiej TREESNIPS (załącznik p. I.V.B.1) koordynowanym przez Prof. Savolainen i skupiającym łącznie siedem instytutów naukowych w Europie. Moment rozpoczęcia prac badawczych na Uniwersytecie w Oulu uznaję za przełomowy w rozwoju mojej dotychczasowej kariery naukowej. Rozpocząłem tam prace badawcze nad wykorzystaniem metod genomiki i molekularnej genetyki populacyjnej w badaniach procesów ewolucyjnych zachodzących w naturalnych populacjach drzew leśnych. W projekcie TREESNIPS, obok Prof. Savolainen, miałem możliwość bliskiej współpracy z innymi, wybitnymi badaczami zajmującymi się genetyką drzew leśnych w tym z Dr Antoine Kremer z French National Institute for Agricultural Research (INRA, Bordeaux), Prof. Michaele Morgante z Institute of Genomics Application (Udine University, Włochy), Prof. Martin Lascoux z Evolutionary Functional Genomic Centre (Uppsala University, Szwecja), a także z Dr Santiago González-Martínez z Centre for Forest Research (INIA, Madryt, Hiszpania). Współpraca ta bez wątpienia rozwinęła moje umiejętności pracy w zespole, planowania badań i rozwiązywania problemów badawczych. W trakcie stażu prowadziłem badania nad wykorzystaniem polimorfizmu pojedynczych miejsc nukleotydowych jądrowego DNA w analizach procesów demograficznych i naturalnej selekcji u sosny zwyczajnej. Wyniki swoich prac prezentowałem podczas szeregu konferencji naukowych (załącznik p. I.VII), a także w trakcie roboczych spotkań grup badawczych w ramach realizowanego projektu (załącznik p. II.XII). W projekcie TREESNIPS byłem również odpowiedzialny za koordynacje prac poszczególnych zespołów w opracowaniu cząstkowych wyników oraz końcowego raportu z badań podsumowującego wyniki prowadzonych prac nad czterema gatunkami drzew, w tym sosną zwyczajną (*Pinus sylvestris*), świerkiem (*Picea abies*), dębem (*Quercus petraea*) i sosną nadmorską (*Pinus pinaster*), co bez wątpienia pomogło mi dodatkowo rozwinąć moje umiejętności organizacyjne. W tym czasie brałem również udział w specjalistycznych międzynarodowych kursach i szkoleniach z zakresu molekularnej genetyki populacyjnej, genomiki, bioinformatyki oraz metodologii badań nad polimorfizmem pojedynczych miejsc nukleotydowych w aspekcie procesów ewolucyjnych zachodzących na poziomie molekularnym i populacyjnym (załącznik p. II.IX). Na Uniwersytecie w Oulu prowadziłem również

zajęcia z genetyki populacyjnej dla studentów trzeciego roku studiów stacjonarnych. Pomagałem też magistrantom i doktorantom pracowni genetyki roślin w pracy laboratoryjnej z zakresu wykorzystania metod molekularnych w tym sekwencjonowania DNA i analizie danych sekwencyjnych w badaniach procesów ewolucyjnych w naturalnych populacjach roślin.

Po ponad trzyletnim stażu podoktorskim na Uniwersytecie w Oulu, w grudniu 2007 roku, wróciłem do kraju kontynuując prace badawcze na stanowisku adiunkta w Instytucie Dendrologii PAN. W Instytucie Dendrologii byłem twórcą i kierownikiem dwóch pierwszych projektów badawczych w Polsce z zakresu genomiki drzew leśnych finansowanych ze środków Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego (załącznik p.I.V.A.1-2). Kontynuowałem również współpracę z pracownikami Zakładu Genetyki UAM oraz Pracowni Systematyki i Geografii ID PAN w ramach wspólnych projektów badawczych (załącznik p.I.V.C.6-8). Wyniki swoich prac prezentowałem w formie publikacji, sesji seminaryjnych ID PAN, a także na międzynarodowych konferencjach naukowych. Sprawowałem również opiekę merytoryczną w zakresie wykorzystania metod genetyki molekularnej w badaniach populacyjnych nad doktorantami Pracowni Biologii Molekularnej oraz Systematyki i Geografii ID PAN. W Instytucie Dendrologii włączyłem się aktywnie w działalność sieci doskonałości Unii Europejskiej EVOLTREE (Evolution of Trees as a Drivers of Terestrial Biodiversity). Sieć ta koordynowana przez Dr Antoine Kremera z INRA (Francja) powstała w roku 2006 skupiając łącznie 25 grup badawczych z 15 krajów Europy. W Polsce koordynatorem projektu był Prof. Jarosław Burczyk z Uniwersytetu Kazimierza Wielkiego w Bydgoszczy. W ramach sieci w roku 2008 oraz 2009 uzyskałem dwa granty mobilności, które rozpoczęły współpracę naukową z Dr Stephenem Cavers z Centre for Ecology and Hydrology (CEH) w Edynburgu w Szkocji, wiodącym ośrodku badawczym o statusie Centrum Doskonałości w zakresie nauk środowiskowych. W CEH zainicjowałem i rozwinąłem badania z wykorzystaniem metod molekularnej genetyki populacyjnej i genomiki w analizach reliktowych populacji sosny zwyczajnej z północno-zachodniego skraju zasięgu gatunku w Szkocji. Wyniki badań realizowanych w ramach grantów mobilności przedstawiłem w publikacji poświęconej zmienności adaptacyjnej i demograficznej szkockich populacji sosny zwyczajnej (Wachowiak i in. 2010. *High genetic diversity at the extreme range edge: nucleotide variation at nuclear loci in Scots pine (*Pinus sylvestris *L.) in Scotland.* Heredity, 106:775–787), a także byłem współautorem pracy przeglądowej nad zakresem dotychczasowych i perspektywą dalszych prac badawczych nad tym gatunkiem w Szkocji (załącznik p. I.I.C.20). Opracowałem również publikację promującą badania z zakresu genomiki populacyjnej w biuletynie publikowanym przez Bioversity International (załącznik p.I.I.B.15). Wyniki swoich prac badawczych w CEH prezentowałem również na międzynarodowych sympozjach naukowych, podczas sesji seminaryjnych CEH, na Uniwersytecie w Edynburgu, a

także podczas roboczych spotkań z innymi naukowcami ze Szkocji, których celem było opracowanie wspólnego stanowiska dotyczącego metod ochrony zasobów genowych reliktowych populacji sosny zwyczajnej w Szkocji oraz opracowania wytycznych dla Forestry Commision, jednostki rządowej odpowiedzialnej za ochronę lasów i terenów leśnych w Wielkiej Brytanii (załącznik p. I.VII, p. II.XI-XII). W trakcie stażu opracowałem również projekt wniosku grantowego dotyczącego genomiki procesów ewolucyjnych i demograficznych spokrewnionych gatunków sosen w tym sosny zwyczajnej. Projekt otrzymał bardzo wysokie oceny i w styczniu 2010 roku został zgłoszony do finasowania przez Natural Environment Research Council w Wielkiej Brytanii (załącznik p.I.V.B.3). Prace badawcze w tym trzyletnim projekcie kontynuuję do chwili obecnej, współpracując w nim szczególnie z Dr Stephenem Cavers (CEH, Edinburgh) oraz Dr Santiago González-Martínez (INIA, Madryt).

Osiągnięcia stanowiące szczególny wkład w rozwój nauki. Moje prace badawcze zainicjowane podczas stażu podoktorskiego na Uniwersytecie w Oulu, następnie kontynuowane w Pracowni Biologii Molekularnej Instytutu Dendrologii PAN oraz w CEH Edinburgh w Szkocji składają się na monotematyczny cykl sześciu publikacji, które wyróżniam w sposób szczególny w postępowaniu o nadanie stopnia doktora habilitowanego jako mój istotny i znaczący wkład w rozwój biologii. Prace te koncentrują się wokół wykorzystania nowego typu markerów molekularnych opartych na analizie polimorfizmu pojedynczych miejsc nukleotydowych (SNPs-Single Nucleotide Site Polymorphisms) rejonów genomowych DNA w analizie procesów demograficznych i ewolucyjnych sosny zwyczajnej, jednego z najważniejszych gatunków drzew leśnych o największym na świecie Euroazjatyckim zasięgu występowania i ogromnym znaczeniu ekologicznym i ekonomicznym. W badaniach tych opracowałem szereg primerów łańcuchowej reakcji polimerazy (PCR) do amplifikacji ortologicznych rejonów kodujących DNA u sosny zwyczajnej, a także innych gatunków sosen. W publikacji nr 1 (załącznik p. I.I.C.16) polimorfizm nukleotydowy tych i innych rejonów genomowego DNA został wykorzystany do oceny wpływu procesów demograficznych na strukturę genetyczną populacji sosny zwyczajnej podczas rekolonizacji Europy po ostatnim zlodowaceniu. Badania te wykazały stosunkowo niski poziom zmienności nukleotydowej tego gatunku względem innych gatunków drzew leśnych oraz modelowych roślin, a także niezwykle wysoki poziom rekombinacji genetycznych badanych rejonów prowadzących do braku korelacji pomiędzy miejscami polimorficznymi na bardzo krótkich odcinkach genomu. Badania te wskazują również na znaczną redukcję wielkości populacji sosny zwyczajnej w okresie Pleistocenu, mającą wpływ na obserowany obecnie poziom zmienności nukleotydowej tego gatunku. W publikacji nr 2 (załącznik I.I.C.17) zastosowałem szereg metod analizy polimorfizmu DNA w badaniach procesów naturalnej selekcji w grupie genów kandydatów

związanych z adaptacją sosny zwyczajnej do niskich temperatur w populacjach skandynawskich gatunku *vs.* populacjach z Europy Centralnej. Badania te wskazały na jednorodne tło genetyczne sosny zwyczajnej w analizowanych populacjach, co pozwoliło na wskazanie sosny zwyczajnej jako modelowego gatunku drzew leśnych w badaniach zmierzających do identyfikacji genów leżących u podstaw obserwowanej, bardzo silnej międzypopulacyjnej zmienności klinalnej cech fenotypowych w tym fenologii i odporności na mróz. Zastosowane metody analityczne pozwoliły na identyfikację kilku genów w tym genu białek dehydryny, których polimorfizm nukleotydowy jest wynikiem działania naturalnej selekcji. W publikacji nr 3 (załącznik p. I.I.C.18), polimorfizm badanych genów potencjalnie związanych z odpornością do niskich temperatur, a także innych rejonów genomowego DNA został wykorzystany do określenia wpływu procesów ewolucyjnych i naturalnej selekcji na zmienność badanych sekwencji sosny zwyczajnej na tle filogenezy rodzaju *Pinus*. Badania te dostarczyły danych na temat relacji filogenetycznych badanych taksonów, a także wykazały konserwatywny charakter badanych sekwencji genomowych będący wynikiem działania selekcji przeciwko nowym, szkodliwym mutacjom. Prace te pozwoliły na identyfikacje genów poddanych działaniu selekcji kierunkowej, szczególnie ważnej w procesie różnicowania taksonów i adaptacji, a także dostarczyły informacji o rejonach jądrowego DNA szczególnie przydatnych w analizach filogeograficznych i filogenetycznych szeregu gatunków sosen. Publikacje nr 4 i 5 (załącznik p. I.I.C.19-20) koncentrują się na analizie struktury genetycznej, zmienności demograficznej i adaptacyjnej reliktowych populacji sosny zwyczajnej na północno-zachodnim skraju zasięgu gatunku w Szkocji. Badania te wykazały znaczną niejednorodność genetyczną i unikatowy charakter populacji szkockich na tle homogennej struktury genetycznej (frekwencji wariantów nukleotydowych) populacji kontynentalnych. Przeprowadzone analizy zróżnicowania nukleotydowego oraz analizy symulacyjne z wykorzystaniem metod bioinformatycznych wskazują na stosunkowo niedawną i znaczną redukcję wielkości populacji szkockich powstałych w wyniku rekolonizacji z refugiów o odmiennej historii biogeograficznej. Prace te dostarczyły również danych odnośnie tła genetycznego populacji niezbędnych w badaniach analiz korelacji polimorfizmu nukleotydowego i fenotypowego oraz pozwoliły na sformułowanie wytycznych odnośnie efektywnych metod gospodarowania zasobami genowymi tego gatunku. W publikacji nr 6 (załącznik I.I.C.21), wykorzystałem polimorfizm nukleotydowy kilkunastu rejonów kodujących genomowego DNA w analizie procesów specjacji sosny zwyczajnej na tle spokrewnionych gatunków sosen z kompleksu kosodrzewiny (*Pinus mugo*). Wyniki tych badań wykazały przepływ genów pomiędzy taksonami w procesie specjacji oraz zasadniczo wykluczyły hipotezę specjacji sosny błotnej przez hybrydyzację pomiędzy sosną zwyczajną i kosodrzewiną. W pracy wykazałem, że bardzo jednorodne tło genetyczne badanych taksonów czyni je szczególnie atrakcyjnym modelem badawczym w porównawczych analizach na poziomie całego genomu, których celem jest

identyfikacja rejonów genomowych leżących u podstaw ich specjacji oraz obserwowanego zróżnicowania fenotypowego i adaptacyjnego. Zaproponowane prace badawcze w dziedzinie genomiki porównawczej i populacyjnej tych gatunków kontynuuję w ramach uzyskanych grantów z Narodowego Centrum Nauki oraz Natural Environment Research Council (załącznik I.V.A.3, B.3). Powyższe publikacje wyróżniam jako mające szczególnie znaczący wkład w rozwój molekularnej genetyki populacyjnej i genomiki roślin w aspekcie lepszego poznania procesów demograficznych i ewolucyjnych zachodzących w naturalnych populacjach oraz optymalnego wykorzystania adaptacyjnej zmienności genetycznej w programach ochrony i gospodarowania zasobami genowymi. Publikacje te wytyczają również kierunki rozwoju mojej dalszej kariery naukowej i najbliższych planów badawczych. Nowatorski charakter oraz uzyskane wyniki badań powyższych prac naukowych, kóre poddaje szczególnej ocenie w postępowaniu habilitacyjnym, zyskały uznanie recenzentów i wydawców prestiżowych czasopism genetycznych w tym Molecular Ecology, Genetics, Heredity, Tree Genetics and Genomes, Molecular Biology and Evolution and Forestry (sumaryczny Impact Factor czasopism według bazy Journal Citation Report zgodnie z rokiem opublikowania IF=28,377). Za publikację z Heredity (Impact Factor, IF=4,12) otrzymałem pierwszą nagrodę w konkursie Dyrektora Instytutu Dendrologii PAN na najlepszą publikacje roku 2010. Moja tegoroczna praca z Molecular Ecology (IF= 6,457) będzie zapewne w czołówce publikacji Instytutu za rok 2011.

Podsumowanie osiągnięć naukowo-badawczych i dydaktycznych. Po doktoracie, byłem głównym autorem lub współautorem łącznie 21 publikacji naukowych, w tym 18 w czasopismach z tzw. listy filadelfijskiej, będących w bazie Journal Citation Reports o sumarycznym Impact Factor (IF) =39,084 (452 pkt. według kryteriów oceny publikacji naukowych MNiSW) oraz 14 komunikatów naukowych. Według bazy danych Web of Science na dzień 11.10.2011 moje publikacje były dotychczas cytowane 153 razy, a mój aktualny indeks Hirscha wynosi H=7 (załącznik p. I.II). Badania naukowe prowadzę we współpracy z licznymi ośrodkami naukowymi w kraju i za granicą (załącznik p. II.VIII). Odbyłem szereg podróży zagranicznych prezentując wyniki swoich prac badawczych na międzynawowych sympozjach naukowych, konferencjach oraz konsultacjach i spotkaniach grup roboczych w ramach realizowanych projektów badawczych (załącznik p. I.VII, II.XI-XII). Zamieściłem w Banku Genów amerykańskiego serwisu National Center for Biotechnology Information ponad trzy tysiące niezależnych sekwencji DNA wykorzystanych w analizach genetycznych opublikowanych przeze mnie prac naukowych. Mój dotychczasowy dorobek naukowy jest wynikiem projektów badawczych, dla których aktywnie pozyskiwałem środki finansowe na badania. Jestem kierownikiem dwóch projektów badawczych z MNiSW, byłem współautorem i głównym wykonawcą łącznie 8 projektów badawczych finansowanych przez

Komitet Badań Naukowych, MNiSW oraz Dziekana Wydział Biologii UAM. Uczestniczyłem w dwóch projektach międzynarodowych EU, uzyskałem dwa granty mobilności w ramach Centrum Doskonałości EVOLTREE oraz jestem autorem i głównym wykonawcą projektu finansowanego przez Natural Environment Research Council w Wielkiej Brytanii, a także członkiem krajowego konsorcjum naukowego DENDROGEN (Genetyka Drzew Leśnych). Jestem również kierownikiem nowego grantu jaki uzyskałem w pierwszym konkursie Narodowego Centrum Nauki (załącznik p. I.V.3). Miarą sukcesu mojej dotychczasowej pracy badawczej są liczne nagrody i wyróżnienia jakie otrzymałem w trakcie dotychczasowej działalności naukowej (załącznik p. I.VI).

Na poszczególnych etapach mojej pracy zawodowej rozwijałem również swoje zainteresowania i doświadczenie pedagogiczne. W roku 1999 ukończyłem dwuletni kurs pedagogiczny na Uniwersytecie im. Adama Mickiewicza w Poznaniu. Prowadziłem zajęcia dydaktyczne w kraju i za granicą sprawując opiekę naukową nad magistrantami i doktorantami w Zakładzie Genetyki UAM, Uniwersytecie Oulu w Finlandii, Instytucie Dendrologii PAN oraz w CEH w Edynburgu w Szkocji (załącznik p. II.I-II). Zajmowałem się również popularyzacją nauki i prowadzonych prac badawczych publikując artykuł dla Bioversity International (załącznik p. I.I.B.15). Wyniki moich prac były prezentowane również w formie komunikatów prasowych (załącznik p. II.XIII). Byłem członkiem zespołu tłumaczy przekładu książki Hartl D.L. and Clark A.G *'Podstawy genetyki populacyjnej'* z języka angielskiego na język polski. W tłumaczeniu pod kierunkiem prof. Jarosława Burczyka byłem odpowiedzialny za obszerny rozdział tego wydania zatytułowany *'Molekularna Genetyka Populacyjna'*. Tłumaczenie tej książki zyskało bardzo pochlebne recenzje (Kosmos. Problemy Nauk Biologicznych, 1-2/2011) i jest to w tej chwili jedyne tak kompleksowe opracowanie z zakresu genetyki populacyjnej dostępne dla polskich czytelników.

W swojej pracy naukowej recenzowałem łącznie 14 anglojęzycznych publikacji dla jedenastu czasopism naukowych (załącznik p. II.III) oraz dwa wnioski grantowe (wrzesień 2011) złożone w aktualnym, pierwszym konkursie grantowym Narodowego Centrum Nauki. Opiniowałem również projekt badawczy z dziedziny genomiki populacyjnej dla National Science Foundation, USA, w programie International Research Fellowship (IRFP).

Pragnąc kontynuować swoją dalszą karierę naukową zdecydowałem się poddać swój dotychczasowy dorobek naukowy ocenie środowiska akademickiego, występując z niniejszym wnioskiem o nadanie stopnia doktora habilitowanego.

Wachowiak

Dr Witold Wachowiak

ZAŁĄCZNIK

INFORMACJE O OSIĄGNIĘCIACH NAUKOWO-BADAWCZYCH, DOROBKU DYDAKTYCZNYM I POPULARYZATORSKIM ORAZ WSPÓŁPRACY MIĘDZYNARODOWEJ

I. OSIĄGNIĘCIA NAUKOWO-BADAWCZE

I.I. WYKAZ PUBLIKACJI NAUKOWYCH

(w nawiasie podano Impact Factor czasopism według bazy Journal Citation Report zgodnie z rokiem opublikowania oraz aktualną punktację MNiSW).

A. Publikacje naukowe opublikowane po doktoracie

1. Wachowiak W., Bączkiewicz A., Celiński K., Prus-Głowacki W. (2004). Species-specific chloroplast DNA polymorphism in the *trn*V-*rbc*L region in *Pinus sylvestris* and *P. mugo*. ***Dendrobiology*** 51: 67-72. **(IF:** niedostępny w bazie JCR za roku 2004; **MNiSW: 9)**

2. Wachowiak W., Lewandowski A., Prus-Głowacki W. (2005). Reciprocal controlled crosses between *Pinus sylvestris* and *P. mugo* verified by a species-specific *cp*DNA marker. ***Journal of Applied Genetics*** 46 (1): 41 – 43. **(IF:** niedostępny w bazie JCR za roku 2004; **MNiSW: 20)**

3. Adamczak M., Buczkowska K., Baczkiewicz A., **Wachowiak W.** (2005). Comparison of allozyme variability in Polish populations of two species of Ptilidium Nees (Hepaticae) with contrasting degrees of sexual reproduction. ***Cryptogamie Bryologie*** 26 (2): 151-165. **(IF: 0,439; MNiSW: 20)**

4. Wachowiak W., Celiński K., Prus-Głowacki W. (2005). Evidence of natural reciprocal hybridisation between *Pinus uliginosa* and *P. sylvestris* in the sympatric population of the species. ***Flora*** 200: 563-568. **(IF:1,086; MNiSW: 27)**

5. Lewandowski A., Burczyk J., **Wachowiak W.**, Boratyński A., Prus-Głowacki W. (2005). Genetic evaluation of seeds of highly endangered *Pinus uliginosa* Neumann from Wegliniec reserve for ex-situ conservation program. ***Acta Societatis Botanicorum Poloniae*** 74 (3): 237-242. **(IF:0,220; MNiSW: 13)**

6. Bączkiewicz A., Buczkowska K., **Wachowiak W.** (2005). Anatomical and morphological variability of needles of *Pinus mugo* Turra on different substrata in the Tatra Mountains. ***Biological Letters*** 42: 21-32. **(IF:** niedostępny w bazie JCR; **MNiSW: 6)**

7. Buczkowska K., Adamczak M., Chudzińska E., **Wachowiak W.**, Bączkiewicz A. (2006). In vitro propagation of cryptic species of *Aneura pinguis* (Hepaticae, Metzgeriales). ***Cryptogamie Bryologie*** 27(2): 241-251. **(IF: 0,721; MNiSW: 20)**

8. Wachowiak W., Stephan B.R., Schulze I., Prus-Głowacki W., Ziegenhagen B. (2006). A critical evaluation of reproductive barriers between closely related species using DNA markers - a case study in *Pinus*. ***Plant Systematics and Evolution*** 257: 1-8. **(IF: 1,239; MNiSW: 27)**

9. Wachowiak W., Odrzykoski I., Myczko Ł., Prus-Głowacki W. (2006). Lack of evidence on hybrid swarm in the sympatric population of *Pinus mugo* and *P. sylvestris*. ***Flora*** 4: 307-316. **(IF: 1,232; MNiSW: 27)**

10. Wachowiak W., Bączkiewicz A., Chudzińska E., Buczkowska K. (2007) Cryptic speciation in bryophytes - a case study in the *Aneura pinguis* complex. ***Botanical Journal of the Linnean Society*** 155: 273–282. **(IF: 1,075; MNiSW: 27)**

11. Wachowiak W., Prus-Głowacki W. (2008). Hybridization processes in sympatric populations of pines *Pinus sylvestris* L., *P. mugo* and *P. uliginosa*. ***Plant Systematics and Evolution*** 271 (1/2): 29-40. **(IF: 1,440; MNiSW: 27)**

12. Wachowiak W., Prus-Głowacki W. (2009). Different patterns of genetic structure of relict and isolated populations of endangered peat-bog pine *P. uliginosa* Neumann. ***Journal of Applied Genetics*** 50(4): 329–339 **(IF: 1,324; MNiSW: 20)**

13. Jasińska A.K., Wachowiak W., Muchewicz E., Boratyńska K., Montserrat J.M., Boratyński A. (2010). Cryptic hybrids between *Pinus uncinata* and *P. sylvestris*. ***Botanical Journal of the Linnean Society*** 163: 473-485. **(IF: 1,931; MNiSW: 27)**

B. Publikacje książkowe / biuletyny opublikowane po doktoracie

14. Savolainen O., Bokma F., Knürr T., Kärkkäinen K., Pyhäjärvi T., **Wachowiak W.** (2006). Adaptation of forest trees to climatic change. Edycja: Koskela, J., Buck, A., Teissier du Cros E. Climate change and forest genetic diversity: Implications for sustainable forest management in Europe. ***Bioversity International***, Rome, Italy. str. 19-30.

15. Wachowiak W., Cavers S. (2009). Population structure and adaptive variation of Scots pine in Scotland. Biuletyn Europejskiej Sieci Doskonałości EVOLTREE. ***Bioversity International***, News 1: 5-6.

C. Monotematyczny cykl publikacji z czasopism znajdujących się w bazie Journal Citation Reports. Publikacje opublikowane po doktoracie i wyróżnione jako szczególnie ważne dla rozwoju nauk biologicznych w tym molekularnej genetyki populacyjnej oraz rozwoju mojej dalszej kariery naukowej

16. Pyhäjärvi T., García-Gil M.R., Knürr T., Mikkonen M., **Wachowiak W.**, Savolainen O. (2007). Demographic history has influenced nucleotide diversity in European *Pinus sylvestris* populations. ***Genetics*** 177: 1713-1724. **(IF: 4,001; MNiSW: 32)**

17. Wachowiak W., Balk P.A., Savolainen O. (2009). Search for nucleotide diversity patterns of local adaptation in dehydrins and other cold-related candidate genes in Scots pine (*Pinus sylvestris* L.). ***Tree Genetics & Genomes*** 5: 117-132. **(IF: 2,018; MNiSW: 32)**

18. Palmé A.E., Pyhäjärvi T., **Wachowiak W.**, Savolainen O. (2009). Selection on Nuclear Genes in a *Pinus* Phylogeny. ***Molecular Biology and Evolution*** 26(4): 893-905. **(IF: 9,872; MNiSW: 32)**

19. Wachowiak W., Salmela M.J., Ennos R.E., Iason G., Cavers S. (2011). High genetic diversity at the extreme range edge: nucleotide variation at nuclear loci in Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) in Scotland. ***Heredity*** 106: 775–787. **(IF: 4,569, MNiSW: 27)**

20. Salmela, M. J., Cavers, S., **Wachowiak, W.,** Cottrell, J. E., Iason, G. R. & Ennos, R. A. (2010). Understanding the evolution of native pinewoods in Scotland will benefit their future management and conservation. ***Forestry*** 88(5): 535-545. **(IF: 1,460; MNiSW: 27)**

21. Wachowiak W., Palmé A.E., Savolainen O. (2011). Speciation history of three closely related pines *Pinus mugo* (T.), *P. uliginosa* (N.) and *P. sylvestris* (L.). ***Molecular Ecology*** 20: 1729–1743. **(IF: 6,457; MNiSW: 32)**

I.II. Wpływ oddziaływania oraz cytowalność prac

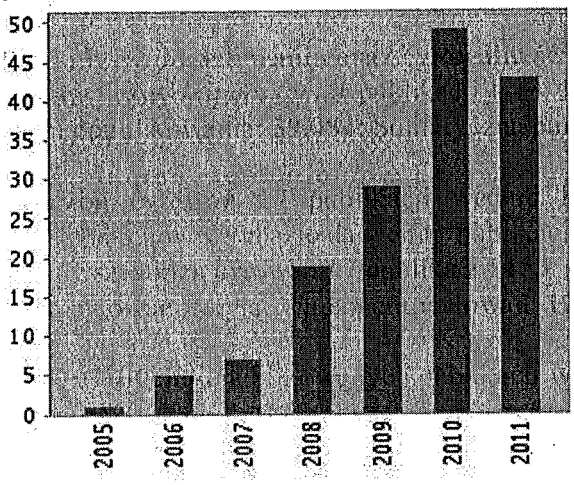
1. Sumaryczny *impact factor* publikacji 1-13, 16-21 według listy Journal Citation Report zgodnie z rokiem opublikowania: **39,084**; Sumaryczna punktacja MNiSW: **452**

2. Liczba cytowań 17 publikacji według bazy Web of Science z wyłączeniem publikacji niedostępnych w w/w bazie danych tj. publikacji nr. 1, 6, 14, 15.
Liczba wszystkich cytowań 17 publikacji: **153**
Liczba cytowań z wyłączeniem autocytowań: **124**

3. Index Hirscha opublikowanych publikacji według bazy Web of Science, **H=7**

Rycina 1. Liczba cytowań moich prac naukowych opublikowanych po doktoracie według bazy danych Web of Science na dzień 11.10.2011

Cytowalność w poszczególnych latach prac opublikowanych po doktoracie



I.III. INNE PUBLIKACJE

1. Wachowiak W., Celiński K., Prus-Głowacki W. (2004). Hybridisation analyses between *Pinus uliginosa* and *Pinus sylvestris* from 'Torfowisko pod Węglińcem' reserve with the use of *cp*DNA markers. Materiały konferencyjne: Bioróżnorodność i Ewolucja. Konferencja Jubileuszowa z okazji 20-leciaWydziału Biologii Uniwersytetu im. A. Mickiwicza w Poznaniu. 16-18 czerwca.

2. Wachowiak W., Prus-Głowacki W. (2004). Procesy ewolucyjne w sympatrycznych populacjach blisko spokrewnionych gatunków sosen. Materiały konferencyjne: Bioróżnorodność i Ewolucja. Konferencja Jubileuszowa z okazji 20-leciaWydziału Biologii Uniwersytetu im. A. Mickiwicza w Poznaniu. 16-18 czerwca.

3. Wachowiak W., Bączkiewicz A., Buczkowska K., Chudzińska E. (2004). Differentiation of liverwort *Aneura pinguis* (L.) Dumort. in Poland. Materiały konferencyjne: Polski Kongres Genetyki. Gdańsk, 6-9 września.

4. Wachowiak W., Kärkkäinen K., Repo T., Savolainen O. (2005). Molecular population genetics of cold tolerance in Scots pine. Materiały sympozjalne: Kongres Europejskiego Towarzystwa Biologii Ewolucyjnej. Kraków, 15-20 sierpnia.

5. Wachowiak W., Kärkkäinen K., Repo T., Savolainen O. (2006). Genetics of cold tolerance in conifers. Materiały sympozjalne: PMAC: Plant and Microbe adaptation to cold. Salsomaggiore Terme, Włochy, 16-20 maja. str. 47.

6. Wachowiak W., Kärkkäinen K., Repo T., Savolainen O. (2006). Adaptive variation to cold tolerance and nucleotide diversity for cold candidate genes in Scots pine (*Pinus sylvestris*). Materiały konferencyjne: IUFRO: Population Genetics and Genomic of Forest Trees: From Gene Function to Evolutionary Dynamics and Conservation. Alcala de Henares, Hiszpania, 1-6 paźdź. str. 26.

7. Pyhäjärvi T., Palmé A., **Wachowiak W.**, Savolainen O. (2007). Natural selection and rate of evolution in the genus of pines. Materiały sympozjalne: 40th Population Genetics Group Meeting. Menchester, Wielka Brytania, 10-12 stycznia.

8. Jasińska A.J., **Wachowiak W.** (2008). Is hybridization between *Pinus sylvestris* and *P. uncinata* expressed in morphological traits? Materiały sympozjalne: Xth Symposium of the International Organisation of Plant Biosystematists. Wysokie Tatry, Słowacja, 2-4 lipca.

9. Cavers S., **Wachowiak W.**, Salmela M.J., Ennos R.A., Iason G., Cottrell J. (2010). History and evolution in the Scottish Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) population. Materiały sympozjalne: Forest ecosystem genomics and adaptation. San Lorenzo del Escorial, Madryd, Hiszpania, 9-11 czerwca. str. 77.

10. Wachowiak W., Salmela M.J., Ennos R.A., Iason G., Cottrell J., Cavers S. (2010). Genetic diversity at nuclear loci in Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) in Scotland. Materiały sympozjalne: Forest Ecosystems Genomics and Adaptation. San Lorenzo de El Escorial, Hiszpania 9-11 czerwca. str.151.

11. Cavers S., Salmela M.J., Cottrell J.E., Iason G.R., **Wachowiak W.**, Ennos R.A. (2011). The implications of high genetic diversity in tree populations for predicting and managing responses to global change; a case study of native Scots pine in Scotland. Materiały sympozjalne Brytyjskiego Towarzystwa Ekologicznego - Forests and Global Change. University of Cambridge, Cambridge, Wielka Brytania, 28-30 marca. str. 61.

12. Wachowiak W., Salmela M.J., Cavers S. (2011). Patterns of phenotypic and genetic variation of Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) in a heterogeneous environment at the species margin. Materiały sympozjalne Brytyjskiego Towarzystwa Ekologicznego - Forests and Global Change. University of Cambridge, Cambridge, Wielka Brytania. 28-30 marca. str. 84.

13. Wachowiak W., Palmé A., Savolainen O., Cavers S. (2011). Genetics of speciation, adaptive variation and population history of three closely related pines: Scots pine (*Pinus sylvestris* L.), Dwarf mountain pine (*P. mugo* T.) and Peat-bog pine (*P. uliginosa* N.). Materiały sympozjalne: Genomics-Based Breeding in Forest Trees. University of California, Davis. 22-24 czerwca.

14. Wachowiak W., Cavers S. (2011). Speciation, adaptive variation and population history in pines. Materiały sympozjalne: 3rd RAD (Restriction-site Associated DNA) Sequencing meeting. Uniwersytet w Edynburgu, Wielka Brytania. 6-7 września. str.18.

I.IV. PUBLIKACJE W THE NATIONAL CENTER FOR BIOTECHNOLOGY INFORMATION (www.ncbi.nlm.nih.gov)

Łącznie ponad trzy tysiące niezależnych sekwencji DNA. Numery referencyjne opublikowanych danych sekwencyjnych rejonów jądrowego, plastydowego i mitochondrialnego DNA analizowanych w ukończonych projektach badawczych według numerów dostępu serwisu NCBI zostały zamieszczone w poszczególnych publikacjach (załącznik p. I.I).

I.V. PROJEKTY BADAWCZE (GRANTY):

A. Kierownik projektów

1. *Adaptacja, specjacja i zmienność filogeograficzna taksonów kompleksu Pinus mugo w Europie*. Projekt Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego (N303 365335). Okres realizacji: 2008-2011. Autor, kierownik projektu i główny wykonawca: Dr Witold Wachowiak, ID PAN.

2. *Genomika zmienności adaptacyjnej i demograficznej sosny zwyczajnej* (*Pinus sylvestris* L.). Projekt Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego (N309 297539). Okres realizacji: 2010-2013. Autor, kierownik projektu i główny wykonawca: Dr Witold Wachowiak, ID PAN

3. *Genomika procesów hybrydyzacji, zmienności adaptacyjnej i demograficznej w strefach hybrydyzacyjnych spokrewnionych gatunków sosen (rodzaj Pinus)*. Projekt Narodowego Centrum Nauki. Okres realizacji: 2011-2014. Autor, kierownik projektu i główny wykonawca: Dr Witold Wachowiak, ID PAN.

B. Udział w projektach międzynarodowych

1. *Developing single nucleotide polymorphisms (SNP) markers for adaptive variation in forest trees* (TREESNIPS). Projekt finansowany z funduszy piątego programu ramowego Unii Europejskiej (QLRT-2001-01973), koordynowany przez Prof. Outi Savolainen na Uniwersytecie Oulu w Finlandii. Okres realizacji: 2002-2006. Wykonawca projektu w ramach stażu **Post-Doc** na Uniwersytecie Oulu, Finlandia.

2. *Evolution of Trees as drivers of terrestrial biodiversity*. Udział w Sieci Doskonałości EU (EVOLTREE). **Kierownik dwóch grantów mobilności** otrzymanych w ramach sieci na prowadzenie prac badawczych w Centre for Ecology and Hydrology, Edinburgh, UK. 2008-2009.

3. *Genomics of adaptation in European Pines*. Projekt finansowany z Natural Environment Research Council, UK (NE/H003959/1). Okres realizacji: 2010-2013. **Współautor projektu i główny wykonawca**: Dr Witold Wachowiak. Kierownik projektu: Dr Stephen Cavers, Centre for Ecology and Hydrology, Edinburgh.

C. Współautor i główny wykonawca projektów krajowych

1. *Analiza hybrydyzacji i introgresji w populacjach naturalnych mieszańców Pinus mugo x Pinus sylvestris przy wykorzystaniu markerów molekularnych*. Grant zespołowy: Komitet Badań Naukowych (0306/P04/2001/21). Okres realizacji: 2001- 2003. Współautor i główny wykonawca projektu: Witold Wachowiak. Kierownik projektu: Prof. Wiesław Prus-Głowacki, UAM Poznań.

2. *Testowanie przepływu genów kosodrzewiny Pinus mugo Turra do populacji sosny zwyczajnej Pinus sylvestris L. rasy podhalańskiej na podstawie markerów molekularnych i morfologiczno – anatomicznych.* Grant zespołowy: Komitet Badań Naukowych (0215/P04/2002/22). Okres realizacji: 2001- 2003. Współautor i główny wykonawca projektu: Witold Wachowiak. Kierownik projektu: Katarzyna Zaborowska UAM, Poznań.

3.*Wykorzystanie metody RFLP-PCR do klasyfikacji taksonomicznej gatunków z rodzaju Conocephalum.* Grant Zespołowy Dziekana Wydziału Biologii UAM (305/2001). Okres realizacji: 2001-2002. Kierownik projektu: Dr Ewa Chudzińska, UAM Poznań.

4. *Analiza procesu specjacji Aneura pinguis (L.) Dumort. (Hepaticopsida, Metzgeriales)*. Grant zespołowy: Komitet Badań Naukowych (0216/P04/2002/22). Okres realizacji: 2002-2005. Współautor i główny wykonawca projektu: Dr Witold Wachowiak. Kierownik projektu: Dr Katarzyna Buczkowska, UAM Poznań.

5. *Struktura genetyczno-demograficzna pierwotnych drzewostanów sosnowych i świerkowych w Puszczy Białowieskiej.* Grant zespołowy: Komitet Badań Naukowych (3/P04F/00725). Okres realizacji: 2003-2006. Współautor i główny wykonawca projektu: Dr Witold Wachowiak. Kierownik Projektu: Dr Aleksandra Wojnicka-Półtorak, UAM Poznań.

6. *Zróżnicowanie geograficzne Juniperus oxycedrus L. i taksonów pokrewnych z obszaru śródziemnomorskich ostoi flor plejstoceńskich.* Grant Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego (N303 1634 33). Okres realizacji: 2007-2010. Współautor i główny wykonawca projektu: Dr Witold Wachowiak. Kierownik projektu: Prof. Adam Boratyński, ID PAN.

7. *Zróżnicowanie Pinus sylvestris na terenie ostoi flor trzeciorzędowych w południowo-zachodniej i południowo-wschodniej Europie oraz południowo-zachodniej Azji.* Projekt Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego (N303/360535). Okres realizacji: 2008-2011. Współautor i wykonawca projektu: Dr Witold Wachowiak. Kierownik Projektu: Dr hab. Krystyna Boratyńska, ID PAN.

8. *Zróżnicowanie taksonomiczne rodzaju Abies w ostojach plejstoceńskich wokoło Morza Śródziemnego.* Projekt zespołowy: Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego (N309 070136). Okres realizacji: 2009-2012. Współautor i główny wykonawca projektu: Dr Witold Wachowiak. Kierownik Projektu: Dr Grzegorz Iszuło, ID PAN.

I.VI. NAGRODY I WYRÓŻNIENIA

1. Stypendia naukowe Wydziału Biologii Uniwersytetu im. A. Mickiwicza w Poznaniu (1995-1998)

2. Stypendium Ministra Edukacji Narodowej na rok akademicki 1998/1999 '*za wysokie wyniki w nauce i szczególne osiągnięcia w pracy naukowej*'

3. Nagroda Dziekana Wydziału Biologii przyznana w dniu Absolutorium '*za bardzo dobre wyniki w nauce w czasie studiów na UAM w Poznaniu*'.

4. Stypendium Fundacji im. Stefana Batorego na czteromiesięczny staż naukowy w Federalnym Instytucie Genetyki Leśnej i Hodowli Drzew Leśnych w Grosshansdorf w Niemczech (listopad 2000 – marzec 2001)

5. Wyróżnienie pracy doktorskiej przez Radę Wydziału Biologii Uniwersytetu im. A. Mickiewicza w Poznaniu (2003)

6. Nagroda II stopnia Kapituły Krajowej Nagrody Naukowej z Zakresu Genetyki Roślin im. Stefana Barbackiego, Instytut Genetyki Roślin, PAN w Poznaniu, za „Badania dotyczące procesów hybrydyzacji i introgresji w naturalnych populacjach *Pinus mugo*, *Pinus sylvestris* i *Pinus uliginosa* oraz w roju mieszańcowym tych gatunków"

7. Nagroda Dyrektora Instytutu Dendrologii PAN w konkursie na najlepszą publikację roku 2010. Pierwsza nagroda za publikacje pracy "High genetic diversity at the extreme range edge: nucleotide variation at nuclear loci in Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) in Scotland. Heredity, 106: 775–787.

I.VII. WYGŁOSZONE REFERATY I SEMINARIA NA KONFERENCJACH I SPOTKANIACH TEMATYCZNYCH

A. Spotkania międzynarodowe

1. Finlandia, Uniwersytet w Oulu, 20.01.2005. Seminarium Wydziału Biologii. Tytuł: Hybridisation between pines: *Pinus sylvestris* and *P. mugo* complex.

2. Włochy, 16-20.05.2006. Konferencja PMAC: Plant and Microbe adaptation to cold. Tytuł referatu: Molecular population genetics of cold tolerance in Scots pine. Salsomaggiore Terme.

3. Hiszpania, 1-6.10.2006. Konferencja IUFRO: Population Genetics and Genomic of Forest Trees: From Gene Function to Evolutionary Dynamics and Conservation. Tytuł: Adaptive variation to cold tolerance and nucleotide diversity for cold candidate genes in Scots pine (*Pinus sylvestris*). Alcala de Henares.

4. Austria, Baden, 2-6.02.2009. Spotkanie w ramach Sieci Doskonałości EVOLTREE. Tytuł: Searching for selection in the Scots pine genome.
5. Wielka Brytania, University of Edinburgh, 14.01.2009. Tytuł: Molecular Population Genetics of adaptive variation in Scots pine (*Pinus sylvestris*) and related conifers species - some results and perspectives.
6. Wielka Brytania, Centre for Ecology and Hydrology, Edynburg, 21.01.2009. Seminarium Instytutu. Tytuł: Molecular population genetics of adaptive variation in Scots pine.
7. Wielka Brytania, Forest Research Institute, Roslin, 2.10.2009. Seminarium Instytutu. Tytuł: High genetic diversity at the extreme range edge: genetic diversity in Scottish Scots pine.
8. Wielka Brytania, The James Hutton Institute, Invergowrie, Dundee, 15.03.2011. Spotkanie zespołów badawczych pracujących nad analizą zmienności biometrycznej, biochemicznej i genetycznej szkockich populacji sosny zwyczajnej. Tytuł: Assessing historical and evolutionary drivers of genetic variation in Scots pine.

B. Spotkania krajowe
1. Polska Akademia Nauk, Instytut Dendrologii, Kórnik, 11.11.2003. Seminarium ID PAN. Tytuł: Procesy hybrydyzacji w sympatrycznych populacjach *Pinus sylvestris* i *Pinus mugo* complex.
2. Uniwersytet im. A. Mickiwicza, Poznań, 16-18.06.2004. Bioróżnorodność i Ewolucja. Konferencja Jubileuszowa z okazji 20-leciaWydziału Biologii. Tytuł: Procesy ewolucyjne w sympatrycznych populacjach blisko spokrewnionych gatunków sosen.
3. Polska Akademia Nauk, Instytut Dendrologii, Kórnik, 3.03.2008. Seminarium ID PAN. Tytuł: Zastosowanie metod molekularnej genetyki populacyjnej w badaniach nad zmiennością adaptacyjną drzew leśnych.
4. Polska Akademia Nauk, Instytut Dendrologii, Kórnik, 4.06.2008. Tytuł: Analiza zmienności adaptacyjnej sosny zwyczajnej (*Pinus sylvestris* L.) z wykorzystaniem metod molekularnej genetyki populacyjnej. Referat dla członków Polskiego Towarzystwa Genetycznego.
5. Uniwersytet Kazimierza Wielkiego, Bydgoszcz, 15.02.2011. Referat wygłoszony w trakcie spotkanie założycieskiego sieci badawczej DENDROGEN. Tytuł: Genomika zmienności adaptacyjnej i demograficznej sosny zwyczajnej (*Pinus sylvestris* L.) w Europie.

II. OSIĄGNIĘCIA W ZAKRESIE DOROBKU DYDAKTYCZNEGO I POPULARYZATORSKIEGO ORAZ WSPÓŁPRACY MIĘDZYNARODOWEJ

II.I. OSIĄGNIĘCIA PEDAGOGICZNE I ORGANIZACYJNE
1. Kwalifikacje nauczycielskie w ramach ukończonego kuru pedagogicznego na **Uniwersytecie im. Adama Mickiewicza** w Poznaniu (1997-1999)
2. Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Genetyki. Organizacja pracowni oraz wdrożenie metod analiz molekularnych w badaniach genetycznych drzew leśnych i mszaków (1999-2003)
3. Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Wydział Biologii, Zakład Genetyki. Prowadzenie ćwiczeń z Genetyki Ogólnej i Populacyjnej dla studentów kierunku Biotechnologia, Biologia Molekularna, Biologia Eksperymentalna, Hydrobiologia i Botanika (1999-2004)
4. Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Wydział Biologii, Zakład Genetyki. Udział w przygotowaniu i prowadzenie części bloku ćwiczeniowego - Aspekty Molekularne w Biologii Eksperymentalnej dla studentów czwartego roku Biologii Eksperymentalnej (2002-2003)
5. Polska Akademia Nauk, Instytut Dendrologii, Kórnik. Organizacja Pracowni Biologii Molekularnej i wdrożenie badań molekularnych opartych na analizie polimorfizmu DNA w profil badawczy ID PAN (2003-2004)
6. Wydział Biologii, Uniwersytet Oulu, Finlandia. Prowadzenie ćwiczeń z Genetyki Populacyjnej dla studentów trzeciego roku Biologii (styczeń – czerwiec 2005)
7. Centre for Ecology and Hydrology, Wielka Brytania. Wdrożenie metod molekularnej genetyki populacyjnej i genomiki do profilu badań sekcji Bioróżnorodności CEH (2008-2011).

II.II. OPIEKA NAUKOWA NAD STUDENTAMI I DOKTORANTAMI

1. Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Zakład Genetyki. Prowadzenie pracowni magisterskiej oraz opieka naukowa nad magistrantką kierunku biotechnologia Panią Agatą Tyczewską (lata 2001-2002). Tytuł pracy magisterskiej: *Badanie polimorfizmu rejonów chloroplastowego psaA-trnS, trnK1-trnK2 i mitochondrialnego nad4.1-nad4.2, rps14-cob DNA u Pinus sylvestris i P. mugo oraz określenie haplotypów pokolenia F1 pod kątem zjawiska hybrydyzacji.*

2. Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Zakład Genetyki. Prowadzenie pracowni magisterskiej oraz opieka naukowa nad magistrantką kierunku biotechnologia Panią Anną Czołgosz (lata 2001-2002). Tytuł pracy magisterskiej: *Badanie polimorfizmu rejonów DNA chloroplastowego trnC-trnD, trnQ-trnR i mitochondrialnego nad1B-nad1C u Pinus sylvestris i P. mugo oraz określenie haplotypów u sosny błotnej P. uliginosa.*

3. Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii. Prowadzenie pracowni magisterskiej oraz opieka naukowa nad magistrantem kierunku biologia molekularna (Konrad Celiński) w Zakładzie Genetyki UAM (lata 2002-2004). Tytuł pracy magisterskiej: *Analiza hybrydyzacji pomiędzy Pinus uliginosa i Pinus sylvestris z rezerwatu Torfowisko pod Węglińcem.*

4. Uniwersytet Oulu, Wydział Biologii, Finlandia. Pomoc magistrantom i doktorantom w pracy laboratoryjnej i analizach komputerowych danych sekwencyjnych w pracowni genetyki populacyjnej (2004-2007).

5. Polska Akademia Nauk, Instytut Dendrologii, Kórnik. Pomoc w pracy labolatoryjnej oraz analizach genetycznych dla doktorantów studiów dziennych ID PAN (2007-2008).

6. Centre for Ecology and Hydrology, Edynburg, Wielka Brytania. Pomoc w pracy labolatoryjnej oraz analizach danych genetycznych dla doktorantów studiów dziennych Uniwersytetu w Edynburgu (2008-2011).

7. Centre for Ecology and Hydrology, Edynburg, Wielka Brytania. Opieka naukowa nad doktorantem Giovanni Michele Zucca z Department of Agriculture and Genetic, University of Sassari w trakcie jego sześciomiesięcznego stażu naukowego w CEH (styczeń – lipiec 2011). Tytuł rozdziału pracy doktorskiej: *Phenotypic and nucleotide variation at candidate genes in Pinus uncinata in Europe.*

II.III. RECENZOWANIE PUBLIKACJI W ANGLOJĘZYCZNYCH CZASOPISMACH NAUKOWYCH MIĘDZYNARODOWYCH I KRAJOWYCH (ilość wykonanych recenzji).

Tree Genetics and Genomes (1); Theoretical and Applied Genetics (1); Journal of Applied Genetics (2); Silva Fennica (1); Dendrobiology (3); Silva Genetica (1); Acta Biologica Cracoviensis (1); Tropical Plant Biology (1); The Bryologist (1); Trees (1); Heredity (1);

(Łącznie 14 recenzji)

II.IV. RECENZOWANIE PROJEKTÓW MIĘDZYNARODOWYCH I KRAJOWYCH

1. Recenzja wniosku grantowego z dziedziny genomiki populacyjnej dla **National Science Foundation, USA,** w programie International Research Fellowship (IRFP) (styczeń 2010).

2. Recenzja wniosku grantowego w pierwszym konkursie **Narodowego Centrum Nauki** na finansowanie projektów badawczych, w tym finansowanie zakupu lub wytworzenia aparatury naukowo-badawczej (wrzesień 2011).

3. Recenzja wniosku grantowego w pierwszym konkursie **Narodowego Centrum Nauki** na finansowanie projektów badawczych, realizowanych przez osoby rozpoczynające karierę naukową nieposiadające stopnia naukowego doktora (wrzesień 2011).

II.V. TŁUMACZENIA I PRZEKŁADY

Udział w przekładzie na język polski książki pt. *Principles of Population Genetics* autorstwa Hartl D.L. and Clark A.G (Sinauer Associates Edit.). Odpowiedzialny za tłumacznie rozdziału książki pt. *Molecular Population Genetics*.

II.VI. INNE FORMY POPULARYZACJI NAUKI

Publikacja w Biuletynie Europejskiej Sieci Doskonałości EVOLTREE wydawanym przez Bioversity International i dystrybuowanym do jednostek naukowych i instytucji międzynarodowych odpowiedzialnych za kształtowanie polityki naukowej i kierunków rozwoju badań. Publikacja z zakresu wykorzystania metod molekularnej genetyki populacyjnej i genomiki w badaniach populacyjnych drzew leśnych na przykładzie sosny zwyczajnej.

II.VII. UDZIAŁ W KONSORCJACH I SIECIACH BADAWCZYCH

1. Udział w sieci doskonałości (instrument Unii Europejskiej Network of Excellence) **EVOLTREE** (Evolution of trees as drivers of terrestrial biodiversity). Autor i kierownik dwóch grantów mobilości w ramach sieci dotyczących prac badawczych nad populacjami sosny zwyczajnej w Szkocji (staż naukowo-badawczy w Centre for Ecology and Hydrology w Edynburgu).
2. Członkostwo w konsorcjum naukowym '**DENDROGEN** - Genetyka Drzew Leśnych', skupiającym wiodące krajowe ośrodki naukowe zajmujące się badaniami genetycznymi drzew i ekosystemów leśnych. Koordynator konsorcjum: prof. Andrzej Lewandowski, ID PAN.

II. VIII. MIĘDZYNARODOWA I KRAJOWA WSPÓŁPRACA NAUKOWA

A. Współpraca naukowa z partnerami zagranicznymi
1. Centre for Ecology and Hydrology, Ediburgh, Bush Estate, Penicuik Midlothian, EH260QB, Wielka Brytania
2. University of Edinburgh, Institute of Evolutionary Biology, School of Biological Sciences, Ashworth Laboratories, Edinburgh EH9 3JT, Wielka Brytania
3. The James Hutton Institute, Craigiebuckler, Aberdeen AB15 8QH, Wielka Brytania
4. Forest Research, Northern Research Station, Roslin, Midlothian EH25 9SY, Wielka Brytania
5. University of Oulu, Department of Biology, FIN-90014, Finlandia
6. Uppsala University, Dept of Evolutionary Functional Genomics, Evolutionary Biology Centre (EBC), Norbyvägen 18 D, SE-752 36 Uppsala, Szwecja
7. Philipps-University of Marburg, Faculty of Biology-Conservation Biology, 35032 Marburg, Niemcy
8. National Institute for Agriculture and Food Research and Technology (CIFOR-INIA) Center for Forest Research, 28040 Madrid, Hiszpania.

B. Współpraca naukowa z partnerami krajowymi.
1. Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Zakład Genetyki. Umultowska 89, 61-614 Poznań
2. Uniwersytet Kazimierza Wielkiego, Zakład Genetyki, Chodkiewicza 30, 85-064 Bydgoszcz
3. Instytut Dendrologii PAN, Pracownia Systematyki i Geografii, Parkowa 5, 62-035 Kórnik

II.IX. UDZIAŁ W MIĘDZYNARODOWYCH KURSACH, WARSZTATACH I SZKOLENIACH NAUKOWYCH

1. Finlandia, DNA sequencing and data analysis. Kurs organizowany przez Applied Biosystems Company, Uniwersytet Oulu, Finlandia, 27-29 września 2004 r.
2. Szwecja, Applied bioinformatics and methodologies in SNP genotyping. Kurs Organizowany przez Uppsala University, Karolinska Institute oraz Royal Institute of Technology, Sweden. Uppsala i Sztokholm, 13-19 listopada 2004 r.
3. Finlandia, Analysis of phylogeny and genome evolution. Kurs organizowany przez Finnish Graduate School in Population Genetics, University of Oulu, Finland. Stacja Badawcza Hailuoto na Zatoce Botnickiej, 7-9 grudnia 2005 r.
4. Finlandia, Advanced genotype analysis. Kurs organizowany przez Population Genetics and Biological Interactions Graduate School. Stacja badawcza na wyspie Seli, Finlandia, 4-9 czerwca 2006 r.

5. Finlandia, Association mapping course. Kurs organizowany przez Population Genetics and Biological Interactions Graduate School. Uniwersytet Oulu, 11-12 grudnia 2006 r.
6. Finlandia, Molecular Population Genetics for Tree Population. Kurs organizowany w ramach Centrum Doskonałości EVOLTREE, Uniwersytet Oulu, 7-9 grudnia 2006 r.
7. Finlandia, QTL mapping. Workshop organizowany przez Finnish Graduate School in Population Genetics, University of Oulu, 9-10 maja 2007 r.
8. Wielka Brytania, Database Fundamentals Training Course. Centre for Ecology and Hydrology, Edinburgh, UK, 19 maja 2009 r..
9. USA, Genomics-Based Breeding in Forest Trees, sympozium organizowane przez Conifer Translational Genomics Network (CTGN), University of California, Davis, 22-24 czerwca 2011 r.
10. Wielka Brytania, RAD (Restriction-site Associated DNA) Sequencing meeting. Kurs organizowany przez pracownię analiz sekwencyjnych i bioinfomatyki na Wydziale Nauk Biologicznych, Uniwersytetu w Edynburgu, 6-7 września 2011 r.

II.X. STAŻE W ZAGRANICZNYCH OŚRODKACH NAUKOWYCH I AKADEMICKICH

1. Niemcy, styczeń 2000, staż naukowy w Federalnym Instytucie Genetyki Leśnej i Hodowli Drzew Leśnych w Grosshansdorf w Niemczech w grupie Prof. Birgit Ziegenhagen
2. Niemcy, listopad 2000 - marzec 2001, staż naukowy w grupie Prof. Birgit Ziegenhagen w Federalnym Instytucie Genetyki Leśnej i Hodowli Drzew Leśnych w Grosshansdorf w ramach uzyskanego stypendium Fundacji im. S. Batorego.
3. Finlandia, 1-31.07.2004, staż naukowy na Uniwersytecie Oulu w ramach bilateralnej współpracu naukowej pomiędzy Polską i Fińską Akademią Nauk.
4. Finlandia, 1.08.2004-30.11.2007, staż naukowy (Post-Doc) w Pracowni Genetyki Roślin wydziału Biologii Uniwersytetu Oulu, w grupie Prof. Outi Savolainen.
5. Wielka Brytania, 4.08.2008-28.01.2009, staż naukowy w Centre for Ecology and Hydrology, Edynburg, ramach zdobytego grantu mobilności Sieci Doskonałości EU EVOLTREE.
6. Wielka Brytania, 1.08.2009-30.10.2009, staż naukowy w ramach zdobytego grantu mobilności Sieci Doskonałości EU EVOLTREE. Centre for Ecology and Hydrology, Edynburh.
7. Wielka Brytania, 1.02.2010 – do chwili obecnej, staż naukowo-badawczy w ramach uzyskanego projektu 'Genomics of Adaptation in European Pines' finansowanego przez Natural Environment Research Council, UK (NE/H003959/1). Centre for Ecology and Hydrology, Edynburg.

II.XI. PREZENTACJE NA KONFERENCJACH NAUKOWYCH

A. Wyjazdy zagraniczne

1. Hiszpania, San Lorenzo del Escorial, Madrid, 9-11.06.2010. Konferencja sieci doskonałości Evoltree - Forest Ecosystems Genomics and Adaptation, Prezentacja plakatu: Genetic diversity at nuclear loci in Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) in Scotland.
2. Wielka Brytania, University of Cambridge, Cambridge, 28-30.03.2011. Sympozjum Brytyjskiego Towarzystwa Ekologicznego: Forests and Global Change, Prezentacja plakatu: Patterns of phenotypic and genetic variation of Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) in a heterogeneous environment at the species margin.
3. USA, University of California, Davis, 22-24.06.2011. Sympozium: Genomics-Based Breeding in Forest Trees. Prezentacja plakatu: Genetics of speciation, adaptive variation and population history of three closely related pines: Scots pine (*Pinus sylvestris* L.), Dwarf mountain pine (*P. mugo* T.) and Peat-bog pine (*P. uliginosa* N.).
4. Wielka Brytania, University of Edinburgh, 6-7.09.2011. 3rd RAD (Restriction-site Associated DNA) Sequencing Meeting. Prezentacja plakatu: Speciation, adaptive variation and population history in pines.

B. Konferencje krajowe

1. Poznań, 16-18.06.2004. Bioróżnorodność i Ewolucja. Konferencja Jubileuszowa z okazji 20-lecia Wydziału Biologii Uniwersytetu im. A. Mickiwicza. Prezentacja plakatu: Hybridisation

analyses between *Pinus uliginosa* and *Pinus sylvestris* from 'Torfowisko pod Węglińcem' reserve with the use of *cp*DNA markers.

2. Gdańsk, 6-9.09.2004. Polski Kongres Genetyki. Prezentacja plakatu: Differentiation of liverwort *Aneura pinguis* (L.) Dumort. in Poland.

3. Kraków, 15-20.08.2005. Kongres Europejskiego Towarzystwa Biologii Ewolucyjnej. Prezentacja plakatu: Molecular population genetics of cold tolerance in Scots pine.

II.XII. WYSTĄPIENIA I PREZENTACJE NA MIĘDZYNARODOWYCH SPOTKANIACH GRUP ROBOCZYCH W RAMACH REALIZOWANYCH PROJEKTÓW BADAWCZYCH

1. Uppsala University, Uppsala, Szwecja. Wachowiak W.: *Molecular genetics of adaptive traits in conifers: SNPs of cold tolerance in Scots pine*. Prezentacja w ramach kursu Applied bioinformatics and SNP genotyping, 13.11.2004.

2. Udine University, Department of Agriculture Production and Technology, Udine, Włochy. Wachowiak W.: *Genetic variation of cold tolerance across a latitudinal transect in Scots pine*. Spotkanie grupy roboczej projektu EU Treesnips, 2-4.12.2004.

3. National Institute for Agriculture and Food Research and Technology, Madryt, Hiszpania. Wachowiak W.: *Control and candidate locus nucleotide diversity and SNP screening in Scots pine (bud set and cold tolerance study).* Spotkanie grupy roboczej projektu EU Treesnips, 20.09.2005.

4. University of Oulu, Department of Biology, Oulu, Finlandia. Wachowiak W.: *Adaptive trait and nucleotide variation in Pinus sylvestris.* Prezentacja w ramach Centrum Doskonałosci na Universytecie Oulu,Wydział Biologii, Szkoła Genetyki Populacyjnej, 5.10.2005

5. University of Oulu, Department of Biology, Oulu, Finlandia. Wachowiak W.: *Nucleotide diversity and Linkage disequilibrium in candidate genes for cold tolerance in Scots pine (Pinus sylvestris L.)*. Spotkanie robocze Plant Genetics Group, 4.04.2006.

6. University of Oulu, Department of Biology, Oulu, Finlandia. Wachowiak W.: *Candidate genes and genotyping approches for SNPs screening in Scots pine*. Spotkanie grupy roboczej projektu Treesnips, 16-17.06.2006.

7. Forest Genetics Group, Forest Research Centre, Madryt, Hiszpania. Wachowiak W.: *Advances in genotyping and association studies in Scots pine.* Spotkanie grupy roboczej projektu Treesnips, 22-23.09.2006.

8. University of Oulu, Department of Biology. Oulu, Finlandia. Wachowiak W.: *Association study in Pinus sylvestris*. Spotkanie robocze Plant Genetics Group, 31.10.2006.

9. University of Oulu, Department of Biology, Oulu, Finlandia. Wachowiak W.: *Speciation in pines*. Spotkanie robocze Plant Genetics Group, 22.05.2007.

10. Florence University, Department of Biology, Florencja, Włochy. Wachowiak W.: *Genotyping of SNPs and Association studies in Scots pine*. Spotkanie grupy roboczej projektu Treesnips, 25.02.2007.

II.XIII. WYBRANE KOMUNIKATY PRASOWE

1. Food Weekly Focus, 22.01.2009. *Researchers from University of Oulu provide details of new studies and findings in the area of tree genetics*
http://www.verticalnews.com/premium_newsletters/Food-Weekly-Focus/2009-01-22/72461FWF.html;

2. Scotsman, 0.09.2010. *How ancient roots give forests a better chance of survival* http://www.scotsman.com/scotland/How-ancient-roots-give-forests.6521192.jp

3. Planet Earth online (Environmental Research News), 15.09.2010. *Scots Pine more continental European than Scottish* http://planetearth.nerc.ac.uk/news/story.aspx?id=816

Wachowiak

Dr Witold Wachowiak