

Wizytówka naukowa kandydata na promotora
maksymalnie 2 strony – powinna to być synteza najważniejszych elementów dorobku

Imię i nazwisko, stopień, tytuł naukowy: Prof. dr hab. Grzegorz Bartoszewski	
Dyscyplina naukowa	Nauki biologiczne
Rozwój zawodowy (stopnie i tytuły naukowe) chronologicznie	<p>2018 – profesor nauk biologicznych, genetyka roślin</p> <p>2007 – doktor habilitowany, biotechnologia</p> <p>2000 – 2002 staż podoktorski University of Wisconsin, Madison, USA</p> <p>1997 – doktor nauk rolniczych</p> <p>1995 – staż badawczy, CPRO Wageningen, Holandia</p> <p>1993 – magister, genetyka roślin</p>
Najważniejsze publikacje/patenty/ z ostatnich 3 lat (maksymalnie 10)	<p>Słomnicka R, Olczak-Woltman H, Sobczak M, Bartoszewski G (2021) Transcriptome profiling of cucumber (<i>Cucumis sativus</i> L.) early response to <i>Pseudomonas syringae</i> pv. <i>lachrymans</i>. Int J Mol Sci 22:4192 DOI:10.3390/ijms22084192</p> <p>Dostatny DF, Korzeniewska A, Bartoszewski G, Rawski R, Kaźmińska K, Gelvonauskis B (2021) The evaluation and conservation of plant genetic resources collected in Lithuania. Agronomy 11:1586 DOI:10.3390/agronomy11081586</p> <p>Kaźmińska K, Hallmann E, Korzeniewska A, Niemirowicz-Szczytt K, Bartoszewski G (2020) Identification of fruit-associated QTLs in winter squash (<i>Cucurbita maxima</i> Duchesne) using recombinant inbred lines Genes 11:419 DOI:10.3390/genes11040419</p> <p>Tańska M, Ogródowska D, Bartoszewski G, Korzeniewska A, Konopka I (2020) Seed lipid composition of new hybrids of styrian oil pumpkin grown in Poland. Agronomy 10:1104 DOI:10.3390/agronomy10081104</p> <p>Holz S, Kube M, Bartoszewski G, Huettel B, Büttner C (2019) Initial studies on cucumber transcriptome analysis under silicon treatment. Silicon 11:2365-2369 DOI:10.1007/s12633-015-9335-2</p>
Doświadczenie w pracy z doktorantami (obronione doktoraty, otwarte przewody), chronologicznie	<p>Obronione prace doktorskie:</p> <p>2021 – dr inż. Karolina Kaźmińska: Analiza zmienności i identyfikacja QTL dla wybranych cech owoców dyni olbrzymiej</p> <p>2019 – dr inż. Renata Słomnicka: Wybrane aspekty genetycznego podłoża odporności ogórka na kanciastą plamistość wywoływaną przez <i>P. syringae</i> pv. <i>lachrymans</i>, praca obroniona z wyróżnieniem</p> <p>2017 – dr inż. Tomasz Mróz: Analiza strukturalna genomu mitochondrialnego linii B i identyfikacja genów ulegających specyficznej ekspresji u mutantów mitochondrialnych MSC ogórka, praca obroniona z wyróżnieniem</p> <p>2015 – dr inż. Michał Oskiera: 2015 Molekularna identyfikacja gatunkowa i analiza zróżnicowania genetycznego polskich izolatów <i>Trichoderma</i> mających potencjalne zastosowanie w biologicznej ochronie roślin - praca obroniona z wyróżnieniem, nagroda im. Emila Chroboczka</p>

	<p>2010 – dr inż. Magdalena Czarny: Analiza funkcjonalna wybranych genów uczestniczących w metabolizmie wtórnym pomidora indukowanych przez mątwika ziemniaczanego (<i>Globodera rostochiensis</i>)</p> <p>Opieka nad realizowanymi pracami doktorskimi:</p> <p>2020 – 2024 mgr Emilia Olechowska: Ocena tolerancji na chłód wybranych linii ogórka oraz identyfikacja genów związanych z odpowiedzią ogórka na niskie temperatury</p>
Dorobek projektowy/grantowy (z ostatnich 10 lat)	<p>Kierownik projektów:</p> <p>2021-2025 Identyfikacja wybranych genów związanych z typem wzrostu roślin ogórka (<i>Cucumis sativus</i> L.). MRiRW</p> <p>2018-2021 Regeneracja i waloryzacja kolekcji roślin dyniowatych. Zadanie w ramach prac Polskiego Banku Genów, MRiRW</p> <p>2015-2019 - Doskonalenie ogórka (<i>Cucumis sativus</i> L.) pod względem odporności na kanciastą plamistość, MRiRW</p> <p>2011-2015 - Analiza dynamiki transkryptomu ogórka na przykładzie mutantów MSC, MNiSW</p> <p>2009-2014 – Identyfikacja i monitoring <i>Trichoderma</i> w glebie, Europejski Fundusz Rozwoju Regionalnego POIG, NCBiR</p>
Zakres tematyczny – problem badawczy – do rozwiązania którego poszukuje się doktoranta	<p>Temat 1: Identyfikacja genów odpowiadających za typ wzrostu roślin ogórka (<i>Cucumis sativus</i> L.). Praca będzie dotyczyła genetycznych i molekularnych podstaw kształtowania architektury roślin ogórka. Zastosowane będzie podejście genetyczne i transkryptomocne. Praca będzie realizowana w ramach projektu MRiRW.</p> <p>Temat 2: Rola ekspresji i modyfikacji tRNA w procesie translacji w chloroplastach podczas stresu. Praca będzie dotyczyła analizy ekspresji i identyfikacji modyfikacji potranskrypcyjnych tRNA z wykorzystaniem wysokopręstowego sekwencjonowania tRNA u <i>Arabidopsis thaliana</i>. Promotorem pomocniczym będzie dr Piotr Gawroński. Praca będzie wykonywana w ramach projektu NCN SONATA-BIS 11 przyznanego dr. Piotrowi Gawrońskiemu.</p>
Podstawowe oczekiwania wobec Kandydatów na doktoranta	<p>Absolwent lub student ostatniego roku biotechnologii, biologii, ogrodnictwa lub pokrewnego kierunku</p> <p>Znajomość metod genetyki molekularnej i bioinformatyki</p> <p>Umiejętności samodzielnego planowania i wykonywania doświadczeń</p> <p>Dobra organizacja pracy</p> <p>Kreatywność i chęć rozwoju naukowego</p> <p>Znajomość języka angielskiego</p>
<u>Dane kontaktowe:</u> Wydział/Instytut Adres e-mail, telefon	<p>Instytut Biologii SGGW w Warszawie Katedra Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin mailto:grzegorz_bartoszewski@sggw.edu.pl tel. +48 22 5932177</p>