

**Wykaz osiągnięć naukowych albo artystycznych, stanowiących znaczny wkład w rozwój określonej dyscypliny**

Dr Dawid Bielewicz, Centrum Zaawansowanych Technologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

[dawid.bielewicz@amu.edu.pl](mailto:dawid.bielewicz@amu.edu.pl)

I. WYKAZ OSIĄGNIĘĆ NAUKOWYCH ALBO ARTYSTYCZNYCH,  
O KTÓRYCH MOWA W ART. 219 UST. 1. PKT 2 USTAWY

1. Cykl powiązanych tematycznie artykułów naukowych, zgodnie z art. 219 ust. 1. pkt 2b ustawy;

Po nadaniu stopnia doktora:

1. **Bielewicz Dawid\***, Dolata Jakub, Bajczyk Mateusz, Szewc Łukasz, Gulanicz Tomasz, Bhat Susheel Sagar, Karlik Anna, Józwiak Monika, Jarmołowski Artur, Szweykowska-Kulińska Zofia. (2023). *Hyponastic Leaves 1 Interacts with RNA Pol II to Ensure Proper Transcription of MicroRNA Genes*. *Plant and Cell Physiology*. 64(6):571-582. doi: 10.1093/pcp/pcad032.

\*autor korespondencyjny

IF<sub>2023</sub>= 4.9, MNiSW points: 140

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na stworzeniu koncepcji pracy, wykonaniu większości eksperymentów (z wyjątkiem ko-lokalizacji, PLA oraz FRET-FLIM), interpretacji wyników, przygotowaniu rysunków oraz napisaniu manuskryptu, zaprojektowaniu oraz wykonaniu eksperymentów uwzględniających uwagi recenzentów.

Szczegółowy wkład współautorów:

Jakub Dolata – wykonanie eksperymentów wykorzystujących technikę ChIP-seq (ang. Chromatin Immunoprecipitation followed by NGS sequencing), wspólna analiza danych sekwencjonowania z Dawidem Bielewiczem. Wyniki zaprezentowane na rysunku dodatkowym Rys. S4.

Mateusz Bajczyk i Łukasz Szewc – wykonanie eksperymentów ko-immunoprecypitacji połączonych z analizą spektrometrii mass w celu znalezienia białkowych partnerów białka

HYL1. Wyniki zaprezentowane na Rysunku 2A. Eksperymenty wykonane wspólnie z Dawidem Bielewiczem.

Tomasz Gulanicz – wykonanie eksperymentów ko-lokalizacji oraz PLA (ang. Proximity Ligation Assay). Wyniki zaprezentowano na rysunku 4A oraz 4C oraz na rysunkach dodatkowych Rys. S7 oraz Rys. S8.

Susheel Sagar Bhat – krytyczna analiza i korekta językowa manuskryptu.

Anna Karlik – stworzenie roślin *Arabidopsis thaliana* z ekspresją allelu *DCL1-13*. Rośliny były stworzone w ramach pracy licencjackiej, której opiekunem naukowym był Dawid Bielewicz.

Monika Józwiak – wykonanie eksperymentów wykorzystujących technikę FRET-FLIM. Wyniki zaprezentowane na rysunku dodatkowym Rys. S10.

Artur Jarmołowski i Zofia Szweykowska-Kulińska – dyskusja podczas wykonywania prac eksperymentalnych oraz krytyczna analiza artykułu.

2. Bhat Susheel Sagar#, **Bielewicz Dawid**#, Gulanicz Tomasz, Bodi Zsuzsanna, Yu Xiang, Anderson Stephen J., Szewc Łukasz, Bajczyk Mateusz, Dolata Jakub, Grzelak Natalia, Smoliński Dariusz J., Gregory Brian D., Fray Rupert G., Jarmołowski Artur, Szweykowska-Kulińska Zofia. (2020). *mRNA adenosine methylase (MTA) deposits m6A on pri-miRNAs to modulate miRNA biogenesis in Arabidopsis thaliana*. The Proceedings of the National Academy of Sciences. 1;117(35):21785-21795. doi: 10.1073/pnas.2003733117.

# równorzędni autorzy

IF<sub>2023</sub>= 11.1, MNiSW points: 200

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na wykonaniu wszystkich analiz bioinformatycznych (z wyjątkiem PIP-seq – rysunek 3A oraz rysunki dodatkowe Rys. S). Zaprojektowaniu oraz wykonaniu eksperymentu auksynowego zaprezentowanego na rysunku 4A. Zaprojektowaniu oraz nadzorowaniu wykonania eksperymentu wykorzystującego transformację przejściową *Nicotiana benthamiana*. Wyniki

zaprezentowana na rysunku 7C. Brałem udział w interpretacji wyników, przygotowaniu rysunków oraz napisaniu manuskryptu.

Jako ko-promotor pracy doktorskiej Susheela Sagara Bhata, pierwszego współautora, brałem udział w nadzorowaniu oraz planowaniu eksperymentów wykonywanych przez ówczesnego doktoranta.

Szczegółowy wkład współautorów:

Susheel Sagar Bhat – przygotowanie bibliotek NGS (w wyjątkiem PIP-seq), interpretacja wyników, przygotowanie rysunków oraz napisanie manuskryptu. Wykonanie eksperymentów RIP (ang. RNA immunoprecipitation) zaprezentowanych na rysunku 3B. Wykonanie eksperymentów FRET-FLIM razem z Łukaszem Szewcem oraz Mateuszem Bajczykiem.

Tomasz Gulanicz – wykonanie eksperymentów PLA i ko-lokalizacji

Bodi Zsuzsanna – stworzenie mutantu *mta* oraz DR5:GUS w tle mutantu *mta*.

Yu Xiang i Anderson Stephen J. – analiza danych PIP-seq

Łukasz Szewc i Matusz Bajczyk – wykonanie analiz FRET-FLIM razem z Susheelem Sagarem Bhatem.

Dolata Jakub – wykonanie eksperymentów ChIP-qPCR. Immunoprecypitacja białka MTA. Wyniki nie znalazły się w ostatecznej wersji artykułu.

Natalia Grzelak – przygotowanie wektora ekspresyjnego zawierającego wklonowany gen *MIR393B*. Wektor został wykorzystany do transformacji przejściowej tytoniu. Wektor przygotowany w ramach pracy magisterskiej, której opiekunem naukowym był Dawid Bielewicz.

Dariusz J. Smoliński – wykonanie eksperymentów PLA i ko-lokalizacji oraz pomoc w napisaniu manuskryptu.

Brian D. Gregory – analiza danych PIP-seq oraz pomoc w napisaniu manuskryptu.

Rupert G. Fray – stworzenie mutantu *mta* oraz DR5:GUS w tle mutantu *mta*. Pomoc w napisaniu manuskryptu.

Artur Jarmołowski i Zofia Szweykowska-Kulińska – stworzenie koncepcji badań, zaprojektowanie eksperymentów oraz napisanie manuskryptu

3. Dolata Jakub, Taube Michał, Bajczyk Mateusz, Jarmołowski Artur, Szweykowska-Kulińska Zofia, **Bielewicz Dawid\***. (2018). *Regulation of Plant Microprocessor Function in Shaping microRNA Landscape*. *Frontiers in Plant Science*. 5:9:753. doi: 10.3389/fpls.2018.00753.

\*autor korespondencyjny

IF<sub>2023</sub>= 5.6, MNiSW points: 140

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na stworzeniu koncepcji artykułu, napisaniu samodzielnie wstępu oraz rozdziału pt: „POST-TRANSLATIONAL MODIFICATIONS (PTMs) OF MICROPROCESSOR COMPONENTS”, wprowadzeniu poprawek do pozostałych rozdziałów napisanych przez współautorów oraz rysunków, ujednolicenia stylu w całym artykule, przygotowaniu i napisaniu odpowiedzi na uwagi recenzentów.

Szczegółowy wkład współautorów:

Jakub Dolata - napisanie rozdziału pt. „MICROPROCESSOR COMPONENTS LOCALIZATION” oraz przygotowanie rysunku nr 1.

Michał Taube - napisanie rozdziału pt. „STRUCTURAL ASPECTS OF PTMs OF CORE MICROPROCESSOR COMPLEX PROTEINS” oraz przygotowaniu rysunku nr 2.

Mateusz Bajczyk - napisanie rozdziału pt: „NEGATIVE FEEDBACK REGULATION OF MICROPROCESSOR”

Artur Jarmołowski i Zofia Szweykowska-Kulińska - krytyczna analiza artykułu przed wysłaniem manuskryptu do redakcji czasopisma.

4. Stępień, A., Dolata, J., Gulanicz, T., **Bielewicz, D.**, Bajczyk, M., Smoliński, D. J., Szweykowska-Kulińska, Z., & Jarmołowski, A. (2022). Chromatin-associated microprocessor assembly is regulated by the U1 snRNP auxiliary protein PRP40. *Plant Cell*, 34(12), 4920-4935. <https://doi.org/10.1093/plcell/koac278>

IF<sub>2023</sub>= 11.6, MNiSW points: 200

Mój wkład w rozwój tej pracy obejmował przygotowanie bibliotek NGS z małych RNA oraz analizę bioinformatyczną tych wyników. Napisałem odpowiednie sekcje dotyczące tych analiz w sekcji Materiałów i Metod oraz krytycznie przeczytałem cały manuskrypt.

Szczegółowy wkład współautorów:

Stępień Agata – zaprojektowanie części eksperymentów, stworzenie wszystkich mutantów *Arabidopsis thaliana* potrzebne do tego badania, przeprowadzenie analiz poziomów pri-miRNA, test pull-down, przeanalizowanie aktywności wybranych promotorów genów *MIR* oraz napisanie manuskrypt.

Jakub Dolata – zaprojektowanie części eksperymentów, przeprowadzenie wszystkich eksperymentów ChIP-seq i przeanalizowanie danych, porównanie zestawu danych pochodzących z analizy pri-miRNA i miRNA, przeprowadzenie eksperymentów na frakcjach chromatyny i nukleoplazmy, przeprowadzenie eksperymentów dotyczących stabilności pri-miRNA oraz napisanie manuskrypt.

Gulanicz Tomasz – przeprowadzenie eksperymentów PLA i ko-lokalizacji z pomocą Dariusza Smolińskiego oraz napisanie odpowiednich sekcji dotyczących Materiałów i Metod.

Mateusz Bajczyk – przeprowadzenie analizy fenotypowej roślin mutantów *prp40* w trakcie rozwoju roślin i krytyczne przeczytanie całego manuskryptu.

Dariusz J. Smoliński – pomoc w przeprowadzeniu eksperymentów PLA i ko-lokalizacji oraz pomoc przy pisaniu manuskryptu.

Zofia Szweykowska-Kulińska i Artur Jarmołowski – opracowanie koncepcji badawczej, zaprojektowanie eksperymentów oraz napisanie manuskryptu.

## II. WYKAZ AKTYWNOŚCI NAUKOWEJ ALBO ARTYSTYCZNEJ

1. Wykaz opublikowanych monografii naukowych (z zaznaczeniem pozycji niewymienionych w pkt I.1).
2. Wykaz opublikowanych rozdziałów w monografiach naukowych.
3. Wykaz członkostwa w redakcjach naukowych monografii.
4. Wykaz opublikowanych artykułów w czasopismach naukowych (z zaznaczeniem pozycji niewymienionych w pkt I.2).

\*poniżej zostały przedstawione wyłącznie artykuły niewymienione w pkt I.2

Przed nadaniem stopnia doktora

1. Zielezinski, A., Dolata, J., Alaba, S., Kruszka, K., Pacak, A., Swida-Barteczka, A., Knop, K., Stepień, A., **Bielewicz, D.**, Pietrykowska, H., Sierocka, I., Sobkowiak, L., Lakomiak, A., Jarmolowski, A., Szweykowska-Kulinska, Z., & Karlowski, W. M. (2015). mirEX 2.0 - an integrated environment for expression profiling of plant microRNAs. *BMC Plant Biol*, 15, 144. <https://doi.org/10.1186/s12870-015-0533-2>  
IF<sub>2023</sub>= 5.3, MNiSW points: 140

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na walidowaniu zaprojektowanych starterów oraz przeprowadzeniu reakcji qPCR.

2. Barciszewska-Pacak, M., Milanowska, K., Knop, K., **Bielewicz, D.**, Nuc, P., Plewka, P., Pacak, A. M., Vazquez, F., Karlowski, W., Jarmolowski, A., & Szweykowska-Kulinska, Z. (2015). Arabidopsis microRNA expression regulation in a wide range of abiotic stress responses. *Front Plant Sci*, 6, 410. <https://doi.org/10.3389/fpls.2015.00410>  
IF<sub>2023</sub>= 5.6, MNiSW points: 140

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na zaprojektowaniu oraz przeprowadzeniu eksperymentów następujących stresów abiotycznych *Arabidopsis thaliana*: nadmiaru soli, nadmiaru Cu, niedoboru Cu, nadmiaru Cd, niedoboru S oraz stresu wysokiej temperatury, napisaniu odpowiedniej sekcji Materiałów i Metod w manuskrypcie, krytycznego przeczytania całości manuskryptu.

3. Windels, D., **Bielewicz, D.**, Ebnetter, M., Jarmolowski, A., Szweykowska-Kulinska, Z., & Vazquez, F. (2014). miR393 is required for production of proper auxin signalling outputs. *PLoS One*, 9(4), e95972. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0095972>

IF<sub>2023</sub>= 3.7, MNiSW points: 140

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na wykonaniu eksperymentów sprawdzających fizjologiczną i molekularną odpowiedź mutantów *Arabidopsis thaliana mir393a*, *mir393b* oraz *miR393ab* na stres biotyczny oraz krytycznym przeczytania całości manuskryptu.

4. Pieczynski, M., Marczewski, W., Hennig, J., Dolata, J., **Bielewicz, D.**, Piontek, P., Wyrzykowska, A., Krusiewicz, D., Strzelczyk-Zyta, D., Konopka-Postupolska, D., Krzesłowska, M., Jarmolowski, A., & Szweykowska-Kulinska, Z. (2013). Down-regulation of CBP80 gene expression as a strategy to engineer a drought-tolerant potato. *Plant Biotechnol J*, 11(4), 459-469. <https://doi.org/10.1111/pbi.12032>

IF<sub>2023</sub>= 13.8, MNiSW points: 140

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na wykonaniu eksperymentów związanych z jednym z wytypowanych sztucznych mikroRNA. Eksperymenty wykonane to m.in. transformacja roślin ziemniaka odpowiednim konstruktem, selekcja transformantów, analiza molekularna otrzymanych roślin poprzez hybrydyzacje typu Northern blot w celu sprawdzenia poziomu sztucznego mikroRNA oraz RT-qPCR w celu analizy poziomami transkrypty genu *CBP80*).

5. Bielewicz Dawid, Kalak Małgorzata, Kalyna Maria, Windels David, Barta Andrea, Vazquez Franck, Szweykowska-Kulińska Zofia, Jarmolowski Artur. (2013). Introns of plant pri-miRNAs enhance miRNA biogenesis. *EMBO Reports*. 14(7):622-8. [10.1038/embor.2013.62](https://doi.org/10.1038/embor.2013.62).

IF<sub>2023</sub>= 9.421, punkty MNiSWs: 140

Jest to główny artykuł z mojej dysertacji doktorskiej. Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na przeprowadzeniu wszystkich eksperymentów zawartych

w artykule, napisaniu sekcji Materiałów i Metod oraz zaprojektowaniu i przeprowadzeniu eksperymentów na uwagi recenzentów.

6. Sobkowiak, L., **Bielewicz, D.**, Malecka, E. M., Jakobsen, I., Albrechtsen, M., Szweykowska-Kulinska, Z., & Pacak, A. (2012). The Role of the P1BS Element Containing Promoter-Driven Genes in Pi Transport and Homeostasis in Plants. *Frontiers in plant science*, 3, 58-58.

IF<sub>2023</sub>= 5.6, MNiSW points: 140

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na krytycznym czytaniu tekstu oraz zbieraniu danych literaturowych.

7. Kruszka, K., Pieczynski, M., Windels, D., **Bielewicz, D.**, Jarmolowski, A., Szweykowska-Kulinska, Z., & Vazquez, F. (2012). Role of microRNAs and other sRNAs of plants in their changing environments. *Journal of Plant Physiology*, 169(16), 1664-1672. <https://doi.org/10.1016/j.jplph.2012.03.009>

IF<sub>2023</sub>= 4.3, MNiSW points: 100

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na krytycznym czytaniu tekstu oraz zbieraniu danych literaturowych.

8. **Bielewicz, D.**, Dolata, J., Zielezinski, A., Alaba, S., Szarzynska, B., Szczesniak, M. W., Jarmolowski, A., Szweykowska-Kulinska, Z., & Karlowski, W. M. (2012). mirEX: a platform for comparative exploration of plant pri-miRNA expression data. *Nucleic Acids Research*, 40(D1), D191-D197. <https://doi.org/10.1093/nar/gkr878>

IF<sub>2023</sub>= 14.9, MNiSW points: 200

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na zaprojektowaniu starterów oraz ich walidowaniu przed przeprowadzeniem reakcji RT-qPCR oraz na uzyskaniu matryc do przeprowadzenia reakcji. Dodatkowo brałem udział w projektowaniu koncepcji dotyczącej wyglądu i funkcjonalności bazy danych mirEX.



9. Sierocka, I., Rojek, A., **Bielewicz, D.**, Karłowski, W., Jarmolowski, A., & Szweykowska-Kulinska, Z. (2011). Novel genes specifically expressed during the development of the male thalli and antheridia in the dioecious liverwort *Pellia endiviifolia*. *Gene*, 485(1), 53-62. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2011.06.012>

IF<sub>2023</sub>= 3.5, MNiSW points: 100

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na przeprowadzeniu eksperymentów qPCR w ramach odpowiedzi na uwagi recenzentów, napisaniu odpowiednich sekcji Materiałów i Metod.

#### Po nadaniu stopnia doktora

1. Jozwiak, M., **Bielewicz, D.**, Szweykowska-Kulinska, Z., Jarmolowski, A., & Bajczyk, M. (2023). SERRATE: a key factor in coordinated RNA processing in plants. *Trends Plant Sci*, 28(7), 841-853. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2023.03.009>

IF<sub>2023</sub>= 20.5, MNiSW points: 200

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na krytycznym czytaniu tekstu oraz proponowaniu rysunków do manuskryptu.

2. Chojnacka, A., Smoczynska, A., **Bielewicz, D.**, Pacak, A., Hensel, G., Kumlehn, J., Karłowski Wojciech, M., Grabsztunowicz, M., Sobieszczuk-Nowicka, E., Jarmolowski, A., & Szweykowska-Kulinska, Z. (2023). PEP444c encoded within the MIR444c gene regulates microRNA444c accumulation in barley. *Physiologia Plantarum*, 175(5). <https://doi.org/10.1111/ppl.14018>

IF<sub>2023</sub>= 6.4, MNiSW points: 100

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na przeprowadzeniu analiz bioinformatycznych bibliotek NGS małych RNA, zdeponowaniu bibliotek w bazie GEO, napisaniu odpowiednich sekcji Materiałów i Metod.

3. Wyrzykowska, A., **Bielewicz, D.**, Plewka, P., Sołtys-Kalina, D., Wasilewicz-Flis, I., Marczewski, W., Jarmolowski, A., & Szweykowska-Kulinska, Z. (2022). The MYB33, MYB65, and MYB101 transcription factors affect Arabidopsis and potato responses to

drought by regulating the ABA signaling pathway. *Physiologia Plantarum*, 174(5), e13775. <https://doi.org/10.1111/ppl.13775>

IF<sub>2023</sub>= 6.3, MNiSW points: 100

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na przygotowaniu ostatecznych wersji wszystkich rysunków, wykonaniu wszystkich analiz statystycznych oraz archiwizacji surowych danych, napisaniu odpowiednich sekcji Materiałów i Metod.

4. Smoczynska, A., Pacak, A., Grabowska, A., **Bielewicz, D.**, Zadworny, M., Singh, K., Dolata, J., Bajczyk, M., Nuc, P., Keszy, J., Wozniak, M., Ratajczak, I., Harwood, W., Karłowski, W. M., Jarmolowski, A., & Szweykowska-Kulinska, Z. (2022). Excess nitrogen responsive HvMADS27 transcription factor controls barley root architecture by regulating abscisic acid level. *Front Plant Sci*, 13, 950796. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.950796>

IF<sub>2023</sub>= 5.6, MNiSW points: 140

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na analizie bibliotek NGS małych RNA, napisaniu odpowiednich sekcji Materiałów i Metod, krytycznego przeczytania całości manuskryptu.

5. Deleńko, K., Nuc, P., Kubiak, D., **Bielewicz, D.**, Dolata, J., Niedojadło, K., Górka, S., Jarmolowski, A., Szweykowska-Kulińska, Z., & Niedojadło, J. (2022). MicroRNA biogenesis and activity in plant cell dedifferentiation stimulated by cell wall removal. *BMC Plant Biol*, 22(1), 9. <https://doi.org/10.1186/s12870-021-03323-9>

IF<sub>2023</sub>= 5.3, MNiSW points: 140

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na przeprowadzeniu analiz dotyczących poziomu ekspresji mikroRNA, napisaniu odpowiednich sekcji Materiałów i Metod, krytycznego przeczytania całości manuskryptu.

6. Segal, P., Kruszk, K., **Bielewicz, D.**, Karłowski, W., Nuc, P., Szweykowska-Kulinska, Z., & Pacak, A. (2021). Pi-starvation induced transcriptional changes in barley revealed

by a comprehensive RNA-Seq and degradome analyses. *BMC Genomics*, 22(1), 165.  
<https://doi.org/10.1186/s12864-021-07481-w>

IF<sub>2023</sub>= 4., MNiSW points: 140

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na analizie bibliotek NGS małych RNA oraz RNA-seq, przygotowania odpowiednich rysunków z analizy NGS, napisaniu odpowiednich sekcji Materiałów i Metod, oraz krytycznym przeczytaniu całości manuskryptu.

7. Grabowska, A., Smoczynska, A., **Bielewicz, D.**, Pacak, A., Jarmolowski, A., & Szweykowska-Kulinska, Z. (2020). Barley microRNAs as metabolic sensors for soil nitrogen availability. *Plant Sci*, 299, 110608.  
<https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2020.110608>

IF<sub>2023</sub>= 5.2, MNiSW points: 140

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na analizie bibliotek NGS małych RNA oraz RNA-seq, przygotowania odpowiednich rysunków z analizy NGS, napisaniu odpowiednich sekcji Materiałów i Metod oraz krytycznym przeczytaniu całości manuskryptu.

8. Bajczyk, M., Lange, H., **Bielewicz, D.**, Szewc, L., Bhat, S. S., Dolata, J., Kuhn, L., Szweykowska-Kulinska, Z., Gagliardi, D., & Jarmolowski, A. (2020). *SERRATE interacts with the nuclear exosome targeting (NEXT) complex to degrade primary miRNA precursors in Arabidopsis*. *Nucleic Acids Res*, 48(12), 6839-6854.  
<https://doi.org/10.1093/nar/gkaa373>

IF<sub>2023</sub>= 14.9, MNiSW points: 200

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na analizie bibliotek NGS małych RNA oraz RNA-seq, przygotowaniu odpowiednich rysunków z analizy NGS, zaproponowaniu odpowiednich testów statystycznych oraz przeprowadzeniu analiz statystycznych, napisaniu odpowiednich sekcji Materiałów i Metod oraz krytycznym przeczytaniu całości manuskryptu.

9. Pieczynski, M., Kruszka, K., **Bielewicz, D.**, Dolata, J., Szczesniak, M., Karlowski, W., Jarmolowski, A., & Szweykowska-Kulinska, Z. (2018). A Role of U12 Intron in Proper Pre-mRNA Splicing of Plant. *Front Plant Sci*, 9, 475. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.00475>

IF<sub>2023</sub>= 5.6, MNiSW points: 140

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na przeprowadzeniu eksperymentów dotyczących analizy poziomu ekspresji białek za pomocą techniki Western Blot oraz interpretacji tych wyników.

10. Bhat, S. S., **Bielewicz, D.**, Jarmolowski, A., & Szweykowska-Kulinska, Z. (2018). N<sup>6</sup>-methyladenosine (m<sup>6</sup>A): Revisiting the Old with Focus on New, an Arabidopsis thaliana Centered Review. *Genes (Basel)*, 9(12). <https://doi.org/10.3390/genes9120596>

IF<sub>2023</sub>= 3.5, MNiSW points: 100

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na krytycznym czytaniu tekstu oraz proponowaniu rysunków do manuskryptu.

11. Szyrajew, K., **Bielewicz, D.**, Dolata, J., Wójcik, A. M., Nowak, K., Szczygieł-Sommer, A., Szweykowska-Kulinska, Z., Jarmolowski, A., & Gaj, M. D. (2017). MicroRNAs Are Intensively Regulated during Induction of Somatic Embryogenesis in Arabidopsis. *Front Plant Sci*, 8, 18. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00018>

IF<sub>2023</sub>= 5.6, MNiSW points: 140

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na przeprowadzeniu analiz dotyczących poziomu ekspresji mikroRNA (hybrydyzacje typu Northern blot), napisaniu odpowiednich sekcji Materiałów i Metod oraz krytycznym przeczytaniu całości manuskryptu.

12. Knop, K., Stepień, A., Barciszewska-Pacak, M., Taube, M., **Bielewicz, D.**, Michalak, M., Borst, J. W., Jarmolowski, A., & Szweykowska-Kulinska, Z. (2017). Active 5' splice sites regulate the biogenesis efficiency of Arabidopsis microRNAs derived from intron-containing genes. *Nucleic Acids Res*, 45(5), 2757-2775. <https://doi.org/10.1093/nar/gkw895>

IF<sub>2023</sub>= 14.9, MNiSW points: 200

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na przeprowadzeniu eksperymentów z wykorzystaniem ekspresji przejściowej w roślinach *Nicotiana bethamiana*.

13. Dolata, J., Bajczyk, M., **Bielewicz, D.**, Niedojadlo, K., Niedojadlo, J., Pietrykowska, H., Walczak, W., Szweykowska-Kulinska, Z., & Jarmolowski, A. (2016). Salt Stress Reveals a New Role for ARGONAUTE1 in miRNA Biogenesis at the Transcriptional and Posttranscriptional Levels. *Plant Physiol*, 172(1), 297-312. <https://doi.org/10.1104/pp.16.00830>

IF<sub>2023</sub>= 7.4, MNiSW points: 140

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na wykonaniu analiz poziomu mikroRNA w roślinach *Arabidopsis thaliana* za pomocą techniki Northern blot.

5. Wykaz osiągnięć projektowych, konstrukcyjnych, technologicznych (z zaznaczeniem pozycji niewymienionych w pkt I.3).

Brak

6. Wykaz publicznych realizacji dzieł artystycznych (z zaznaczeniem pozycji niewymienionych w pkt I.3).

Brak

7. Wykaz wystąpień na krajowych lub międzynarodowych konferencjach naukowych lub artystycznych, z wyszczególnieniem przedstawionych wykładów na zaproszenie i wykładów plenarnych.

2022 – Epiplant – Banyuls sur Mer, Francja - plakat

2021 – University of Perpignan (seminars of The Plant Genome and Development Laboratories ) – wykład na zaproszenie

2019 – i) Post-Transcriptional Gene Silencing – Nara, Japonia – plakat

ii) Kongres Polskiego Towarzystwa Biologii Eksperymentalnej Roślin – Toruń, Polska - plakat

- 2018 – Kongres Polskiego Towarzystwo Biochemicznego – Gdańsk, Polska – plakat
- 2017 – IGC Symposium of Plant RNA Biology – Oeiras, Portugalia – plakat
- 2015 – Bielefeld University (Faculty of Biology) – wykład na zaproszenie
- 2013 – i) Annual Meeting of the RNA Society – Davos, Szwajcaria – plakat  
ii) Non-Coding RNA in Plants – Wittenberg, Niemcy – wykład
- 2012 – Annual Meeting of the RNA Society – Ann Arbor, USA – plakat

8. Wykaz udziału w komitetach organizacyjnych i naukowych konferencji krajowych lub międzynarodowych, z podaniem pełnionej funkcji.

Brak

9. Wykaz uczestnictwa w pracach zespołów badawczych realizujących projekty finansowane w drodze konkursów krajowych lub zagranicznych, z podziałem na projekty zrealizowane i będące w toku realizacji, oraz z uwzględnieniem informacji o pełnionej funkcji w ramach prac zespołów.

Zrealizowane:

1. Preludium NCN – kierownik projektu – tytuł projektu: „Wyjaśnienie roli białek DRB3 oraz DRB5 w dojrzewaniu RNA u *Arabidopsis thaliana*.” – nr 2011/03/N/NZ2/03147
2. Etiuda NCN – kierownik projektu - tytuł projektu: „Rola białka HYL1 (DRB1) w biogenezie roślinnych mikro RNA.” - nr 2013/08/T/NZ2/00016
3. Sonata NCN – kierownik projektu – tytuł projektu: „Nowa rola białka DRB1 (HYL1) w metabolizmie RNA.” - nr 2016/23/D/NZ1/00152

Realizacja w toku:

4. Opus NCN – kierownik projektu – tytuł projektu: „Konsekwencje modyfikacji potranslacyjnych białka HYL1 na rozwój roślin.” – nr 2022/45/B/NZ1/01273

10. Wykaz członkostwa w międzynarodowych lub krajowych organizacjach i towarzystwach naukowych wraz z informacją o pełnionych funkcjach.

1. Polskie Towarzystwo Biochemiczne - członek
2. RNA Society - członek

11. Wykaz staży w instytucjach naukowych lub artystycznych, w tym zagranicznych, z podaniem miejsca, terminu, czasu trwania stażu i jego charakteru.

1. 2024 – w trakcie – 12 miesięcy – Institute of Molecular Biology of Plants in Strasbourg – pobyt w grupie Dominique’a Gagliardi – pobyt w ramach stypendium im. Mieczysława Bekkera z Narodowej Agencji Wymiany Akademickiej (NAWA)
2. 2023 – 1 miesiąc – Institute for Advanced Biosciences in Grenoble – pobyt w grupie prof. Andre Verdel’a – pobyt w ramach projektu “Mobilność” w ramach program Inicjatywa Doskonałości Uczelnia Badawcza realizowanego przez UAM.
3. 2022 – 1 miesiąc - Umea Plant Science Center – pobyt w grupie dr Petera Kindgrena – pobyt w ramach projektu „Mobilność” w ramach programu Inicjatywa Doskonałości Uczelnia Badawcza realizowanego przez UAM. W ramach pobytu na Umea Plant Science Center wykonałem dodatkowe analizy bioinformatyczne w projekcie dr Petera Kindgrena. Obecnie manuskrypt zawierający wyniki tych analiz jest zdeponowany w bazie BioRxive (<https://doi.org/10.1101/2023.05.10.540235>).
4. 2020 – 3 miesiące - University of Perpignan, The Plant Genome and Development Laboratories – pobyt w grupie dr Cecile Bousquet-Antonelli w ramach projektu EMBO Scientific Exchange Grants
5. 2015-2016 – 11 miesięcy - University of Bielefeld, Faculty of Biology - pobyt na stażu doktorskim w grupie prof. Dorothee Staiger
6. 2014 – 5 miesięcy - University of Basel – Botanical Institute – grupa dr Franck’a Vazquez’a - pobyt w ramach projektu Etiuda. W ramach pobytu na Uniwersytecie w Bazylei wykonałem eksperymenty w projekcie dr Franck’a Vazquez’a. Wyniki zostały opublikowane w czasopiśmie PlosOne (pozycja nr. 3).

12. Wykaz członkostwa w komitetach redakcyjnych i radach naukowych czasopism wraz z informacją o pełnionych funkcjach (np. redaktora naczelnego, przewodniczącego rady naukowej, itp.).

Brak

13. Wykaz recenzowanych prac naukowych lub artystycznych, w szczególności publikowanych w czasopismach międzynarodowych.

Na zaproszenie redakcji recenzowałem artykuły naukowe zgłaszane do następujących

czasopism międzynarodowych: Nucleic Acid Research (4 artykuły), Plant Physiology (2 artykuły), Frontiers in Plant Science (2 artykuły), PLoS Genetics (1 artykuł), Journal of Applied Genetics (1 artykuł), Scientific Reports (1 artykuł), Acta Biochimica Polonica (2 artykuły), Plant Journal (1 artykuł), Plants (1 artykuł).

14. Wykaz uczestnictwa w programach europejskich lub innych programach międzynarodowych.

1. Stypendium w ramach programu im. Mieczysława Bekkera z Narodowej Agencji Wymiany Akademickiej (NAWA)
2. EMBO Scientific Exchange Grant nr 9185 – kierownik projektu
3. Sciex-NMSch – Project 11.115 z CRUS - The Rectors' Conference of the Swiss Universities - stypendysta

15. Wykaz udziału w zespołach badawczych, realizujących projekty inne niż określone w pkt. II.9.

1. Opus NCN – dodatkowy wykonawca - kierownik projektu dr Jakub Dolata, nr projektu: 2017/25/B/NZ1/00603
2. OPUS NCN – dodatkowy wykonawca – kierownik projektu prof. dr hab. Grażyna Dobrowolska, nr projektu 2016/23/B/NZ3/03182
3. Maestro NCN – wykonawca w granicie (postdoc) - kierownik projektu: prof. dr hab. Artur Jarmołowski, nr projektu: 2013/10/A/NZ1/00557

16. Wykaz uczestnictwa w zespołach oceniających wnioski o finansowanie badań, wnioski o przyznanie nagród naukowych, wnioski w innych konkursach mających charakter naukowy lub dydaktyczny.

Brak

### III. WSPÓŁPRACA Z OTOCZENIEM SPOŁECZNYM I GOSPODARCZYM

Brałem udział w projekcie dotyczącym wyciszenia ekspresji genu *CBP80* u roślin ziemniaka. Wyciszenie miało na celu poprawę tolerancji roślin ziemniaka na stres



niedoboru suszy. Badania spotkały się z zainteresowaniem strony gospodarczej o czym świadczą poniższe artykuły:

<https://wiescirolnicze.pl/uprawy/wyhodowali-ziemniaki-odporne-na-susze/>

<https://gloswielkopolski.pl/nowy-poznanski-ziemniak-nie-boi-sie-suszy/ar/333861>

#### IV. DANE NAUKOMETRYCZNE

1. Impact Factor (w dziedzinach i dyscyplinach, w których parametr ten jest powszechnie używany jako wskaźnik naukometryczny).

Łączny Impact Factor artykułów w pkt I: 31,02

Sumaryczny impact factor według listy Journal Citation Reports (2023): 85,28

2. Liczba cytowań publikacji wnioskodawcy, z oddzielnym uwzględnieniem autocytowań.

Baza	Cytowania	Cytowania bez autocytowań
Google Scholar	1432	nd.
Web of Science	972	
Scopus	1109	

3. Indeks Hirscha.

Google Scholar = 17

Web of Science = 15

Scopus = 16

.....

(podpis wnioskodawcy)