

Wizytówka naukowa kandydata na promotora

maksymalnie 2 strony – powinna to być synteza najważniejszych elementów dorobku

Imię i Nazwisko, stopień, tytuł naukowy Monika Rakoczy-Trojanowska, prof. dr hab.	
Dyscyplina naukowa/dyscypliny naukowe	Rolnictwo i ogrodnictwo
Rozwój zawodowy (stopnie i tytuły naukowe) chronologicznie	<ul style="list-style-type: none"> - magister inżynier – , 1980 - doktor nauk rolniczych – 1985 - doktor habilitowany nauk rolniczych – 1999 - profesor - 2007
Najważniejsze publikacje/patenty/ z ostatnich 3 lat (maksymalnie 10)	<ol style="list-style-type: none"> 1. Targońska-Karasek M., Bolibok-Bragoszewska H., Rakoczy-Trojanowska M. 2016. Assessment of genetic diversity in <i>Secale cereale</i> based on SSR markers. <i>Plant Mol Biol Rep</i> 34: 37. https://doi.org/10.1007/s11105-015-0896-4 2. Rakoczy-Trojanowska M., Orczyk W., Krajewski P., Bocianowski J., Stochmal A. and Kowalczyk M. 2017. ScBx gene based association analysis of hydroxamate content in rye (<i>Secale cereale</i> L.). <i>J of ApplGenet</i> 58: 1-9. 3. Rakoczy-Trojanowska M., Krajewski P., Bocianowski J., Schollenberger M., Wakuliński W., Milczarski P., Masojć P., Targońska-Karasek M., Banaszak Z., Banaszak K., Brukwiński W., Orczyk W. and Kilian A. 2017. Identification of single nucleotide polymorphisms associated with brown rust resistance, α-amylase activity and pre-harvest sprouting in rye (<i>Secale cereale</i> L.). <i>Plant Mol Biol Rep</i> 35: 366–378. 4. Groszyk J., Kowalczyk M., Yanushevska Y., Stochmal A., Rakoczy-Trojanowska M. and Orczyk W. 2017. Identification and VIGS-based characterization of Bx1 ortholog in rye (<i>Secale cereale</i> L.). <i>PLoS One</i> 12(2): e0171506. 5. Targońska-Karasek M., Bolibok-Bragoszewska H., Rakoczy-Trojanowska M. 2017. DArTseq genotyping reveals high genetic diversity of polish rye inbred lines. <i>Crop Sci</i> 57(4): 1906-1915. Targońska-Karasek M., Bolibok-Bragoszewska H., Kopania M., Oleniecki T., Sharifova S., Rakoczy-Trojanowska M. 2018. Verification of taxonomic relationships within the genus <i>Secale</i> (Poaceae: Pooideae: Triticeae) based on multiple molecular methods. <i>Phytotaxa</i> 323(2): 128-146. 6. Wlazło A., Święcicka M., Koter MD., Krępski T., Bolibok L., Stochmal A., Kowalczyk M., Rakoczy-Trojanowska M. 2020. Genes ScBx1 and ScIgl—Competitors or Cooperators? <i>Genes</i> 11(2): 223
Doświadczenie w pracy z doktorantami (obronione doktoraty, otwarte przewody), chronologicznie	<u>Obronione doktoraty</u> <ol style="list-style-type: none"> 1. Bolibok Hanna. Analiza molekularna reakcji w kulturze in vitro niedojrzałych zarodków i niedojrzałych kwiatostanów żyta ozimego <i>Secale cereale</i> L. przy użyciu markerów mikrosatelitarnych. Obrona - 2005 2. Gruszczyńska A. Analiza molekularna reakcji niedojrzałych zarodków żyta ozimego (<i>Secale cereale</i> L.) w kulturze in vitro ze szczególnym

	<p>uwzględnieniem genów związanych z somatyczną embriogenezą. Obrona - 2007.</p> <p>3. Hromada-Judycka Aneta. Analiza subtrakcyjna GDDSC reakcji niedojrzałych zarodków żyta ozimego (<i>Secale cereale</i> L.) w kulturze in vitro. Obrona - 2011</p> <p>4. Bakera Beata. Analiza strukturalna, ekspresyjna i funkcjonalna wybranych genów kontrolujących biosyntezę kwasów hydroksamowych u żyta zwyczajnego (<i>Secale cereale</i> L.). Obrona - 2017</p> <p>5. Targońska Małgorzata. Ocena zróżnicowania genetycznego w rodzaju <i>Secale</i> z wykorzystaniem różnych rodzajów markerów molekularnych. Obrona - 2019.</p> <p><u>Otwarte przewody</u> Makowska Bogna. Analiza strukturalna, ekspresyjna i funkcjonalna genów przywracających płodność (Rf) męsko sterylnym formom pszenicy zwyczajnej (<i>Triticum aestivum</i> L.) (tytuł roboczy). Przewidywany termin obrony – 2020.</p>
Dorobek projektowy/grantowy (z ostatnich 10 lat)	<p><u>Kierowanie projektami</u></p> <p>1. Konstrukcja wysokorozdzielczej zintegrowanej mapy genetycznej markerów molekularnych oraz biblioteki BIBAC – nowoczesnych narzędzi dla badań gnomicznych i hodowli molekularnej żyta (<i>Secale cereale</i> L.). MNiSW. 2007 – 2010.</p> <p>2. Opracowanie markerów molekularnych przeznaczonych do efektywnej selekcji form żyta zwyczajnego (<i>Secale cereale</i> L.) o podwyższonej odporności na choroby oraz porastanie przedźniwne NCBiR (PBS1). 2012-2016</p> <p>3. Genetyczne i środowiskowe uwarunkowania regulacji biosyntezy benzoksazynoidów - kluczowych metabolitów wtórnych żyta (<i>Secale cereale</i> L.). NCN. Opus 10. 2016 – 2019</p> <p>4. Identyfikacja, charakterystyka i mapowanie genów żyta zwyczajnego (<i>Secale cereale</i> L.) związanych z odpornością na rdzę brunatną powodowaną przez <i>Puccinia recondita</i> f. sp. <i>secalis</i>. NCN. Opus 16. 2019 - 2022.</p> <p><u>Kierowanie pakietami w projektach</u></p> <p>1. Zintegrowana strategia dla reaktywacji polskiej hodowli pszenicy heterozyjnej. WP2. WP2. Uzyskanie wartościowych komponentów rodzicielskich mieszańców heterozyjnych. NCBiR (BIOSTRATEG III). 2017 – 2020.</p>
Zakres tematyczny – problem badawczy – do rozwiązania którego poszukuje się doktoranta	Identyfikacja i analiza (strukturalna i funkcjonalna) genów odporności typu R i APR na rdzę brunatną oraz małych cząsteczek RNA (rośliny i grzyba) uczestniczących w procesie patogenezy u żyta zwyczajnego
Podstawowe oczekiwania wobec kandydata na doktoranta	Znajomość podstawowych technik biologii molekularnej oraz narzędzi bioinformatycznych, umiejętność korzystania z internetowych baz danych, pisanie publikacji i projektów naukowych; dobra znajomość jęz. angielskiego.
<u>Dane kontaktowe:</u> Wydział/Instytut Adres e-mail Telefon	Instytut Biologii Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, monika_rakoczy_trojanowska@sggw.pl , 225932150; 501047908