

Ocena

dorobku naukowego i osiągnięcia naukowego oraz dorobku dydaktycznego i organizacyjnego dr Cecilia Lanny Winata w związku z wszczęciem postępowania habilitacyjnego

1. Sylwetka kandydatki:

Pani doktor **Cecilia Lanny Winata** jest kierownikiem wspólnej grupy Instytutu Maxa Plancka i MIBMiK (Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej), Warszawa, Polska. Studia (lipiec 2000 – czerwiec 2004) w zakresie biologii ukończyła w czerwcu 2004r. pod kierunkiem **prof. Gonga Zhiyuana** (National University of Singapore). W 2009r. uzyskała dyplom doktora nauk biologicznych (sierpień 2004 – październik 2009) nadany przez National University of Singapore, Singapur, pod kierunkiem **prof. Gonga Zhiyouana** (National University of Singapore) oraz **dr. Vladimira Korzha** (Institute of Molecular and Cell Biology, Singapur). Po ukończeniu studiów (od czerwiec 2009 – kwiecień 2013) podjęła pracę w laboratorium dr. Sinnakaruppana Mathavana, (Genome Institute of Singapore, Singapur). W okresie (maj 2013 – czerwiec 2013) uzyskała krótki staż naukowy w Aleströma (Norwegian School of Veterinary Sciences), Oslo, Norwegia. W okresie (kwiecień 2013 – maj 2014) uzyskała kolejny staż naukowy i była zatrudniona na stanowisku adiunkta w Genome Institute of Singapore, Singapurze jako wizytujący badacz w laboratorium **prof. Petera**. Od czerwca 2014 do chwili obecnej jest zatrudniona na stanowisku kierownika wspólnej grupy Instytutu Maxa Plancka i MIBMiK (Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej) Warszawa, Polska.

2. Ocena osiągnięć naukowo-badawczych

dr Cecilia Lanny Winata, jako wyodrębnione osiągnięcie naukowe, przedstawiła monotematyczny cykl pięciu oryginalnych prac twórczych, dwóch artykułów przeglądowych, oraz dwa rozdziały w książce pod wspólnym tytułem „Genomika rozwoju danio przegowanego”. Wykaz prac stanowiących szczególne osiągnięcie naukowe, w kolejności chronologicznej:

Publikacja nr 1: Aanes H.*, Winata C.L.*, Lin C.H., Chen J.P., Srinivasan K.G., Aleström P., Mathavan S. (2011) Zebrafish mRNA sequencing deciphers novelties in transcriptome dynamics during maternal to zygotic transition. *Genome Res* 21(8): 1328-1338. [176 cytowań]

*pierwsze autorstwo współdzielone

W tej pierwszej publikacji (monotematyczny cykl) Habilitantka scharakteryzowała dynamikę transkryptomów podczas wczesnej embriogenezy danio pręgowanego, co wiązało się z odkryciem wielu nowych transkryptów i alternatywnej ekspresji izoform transkryptów. Publikowana praca została poprzez podejście do badania rozwoju danio pręgowanego z wykorzystaniem sekwencjonowania nowej generacji (NGS, *ang. Next-generation genome sequencing*) w połączeniu z klasycznymi technikami biologii rozwojowej. Uzyskane wyniki potwierdziły, że poliadenylację cytoplazmatyczną na dużą skalę podczas rozwoju pre-MBT u danio pręgowanego, co daje nowy wgląd w złożoność matczynej regulacji rozwoju. Uzyskane przez habilitantkę końcowe wyniki w pierwszej pracy wykazały, że badania mają istotny wpływ na zrozumienie kontroli MZT i będą stanowić podstawę do projektowania przyszłych badań nad genami matczynymi. Wkład w tę publikację: Habilitantka uczestniczyła w konceptualizacji hipotezy i projektowaniu eksperymentów, wykonała walidacje qRT-PCR, badanie długości ogona poli (A), badanie działania kordycepiny i badanie mikroskopowe, interpretowała dane, oraz współuczestniczyła w pisaniu manuskryptu. **Calkowity wkład w tę publikację wynosił 30%.**

Publikacja nr 2: Winata C.L.*, Łapiński M., Pryszcz L., Vaz C., Ismail M.H., Hajan H.S., Lee S.G.P., Korzh V., Sampath P., Tanavde V., Mathavan S.* (2018) Cytoplasmic polyadenylation mediated translational control of maternal mRNAs directs zebrafish maternal to zygotic transition. *Development*, 145(1):dev159566. [9 cytowań] *autorstwo współdzielone

W tej drugiej publikację (monotematyczny cykl) Habilitantka podjęła badania, w których wyjaśniła, w jaki sposób regulacja translacji matczynego mRNA poprzez poliadenylację cytoplazmatyczną przyczynia się do regulacji MZT podczas wczesnej embriogenezy danio pręgowanego. Uzyskane wyniki poprzez analizę profilowania transkryptomu związanego z polisomami potwierdziły, że matczyne mRNA ulegające poliadenylacji w cytoplazmie częściej asocjuje z polisomami, co świadczy o sprzężeniu translacji z poliadenylacją cytoplazmatyczną. Ponadto praca stwierdziła, że regulacja translacji matczynego mRNA poprzez poliadenylację cytoplazmatyczną jest niezbędna do dalszego rozwoju embrionalnego poprzez aktywację, jak i usunięcie kluczowych czynników decydujących o aktywacji genomu zygotycznego. Uzyskane przez Habilitantkę końcowe wyniki w drugiej pracy wykazały, że poliadenylacja

cytoplazmatyczna jest istotnym sposobem czasowej aktywacji matczynego mRNA, niezbędnej dla MZT. Wkład w tę publikację: Habilitantka uczestniczyła w conceptualizacji hipotezy i projektowaniu eksperymentów, przeprowadzała profilowanie polisomów sekwencjonowanie oraz interpretowała dane, nadzorowała analizy bioinformatyczne, przygotowała wszystkie ryciny i współuczestniczyła w pisaniu manuskryptu. **Calkowity wkład w tę publikację wynosił 45%.**

Publikacja nr 3: Winata C.L., Kondrychyn I., Kumar V., Srinivasan K.G., Orlov Y., Mathavan S. (2013) Genome-wide analysis reveals Zic3 interaction with distal regulatory elements to regulate zebrafish developmental genes. PLoS Genet 9(10):e1003852. [24 cytowania].

W trzeciej publikacji (monotematyczny cykl) Habilitantka prowadziła badania poprzez mapowanie wiązań czynnika transkrypcyjnego Zic3 w całym genomie wykazując szeroki zakres regulacji transkrypcji przez Zic3. Uzyskane przez Habilitantkę wyniki ukazały *in vivo* specyficzną dla etapu rozwoju zmianę wiązania Zic3 w genomie oraz Habilitantka zidentyfikowała cele transkrypcyjne Zic3 w całym genomie rozwijającego się zarodka. Uzyskane końcowe wyniki publikacji wykazały nowe interakcje pomiędzy Zic3 i kilkoma szlakami sygnalizacyjnymi oraz przyczyniły się do znacznego postępu w poznawaniu mechanizmów molekularnych poniżej Zic3. Wkład w tę publikację; Habilitantka uczestniczyła w wykonywaniu ChIP-seq, EMSA, Western blot, testy aktywności enhancera, oraz uczestniczyła w analizie bioinformatycznej, zinterpretowała dane, przygotowała wszystkie ryciny i współuczestniczyła w pisaniu manuskryptu. **Calkowity wkład w tę publikację wynosił 35%.**

Publikacja nr 4: Minhas R., Paterek A., Łapiński M., Bazała M., Korzh V., Winata C.L. (2019) A novel conserved enhancer at zebrafish zic3 and zic6 loci drives neural expression. Developmental Dynamics. 248(9):837-849. [0 cytowań]

W czwartej publikacji (monotematyczny cykl) Habilitantka scharakteryzowała nowy enhancer znajdujący się w pobliżu genomowych loci *zic3-zic6* u danio przegowanego. Uzyskane wyniki potwierdziły, że ten enhancer może prowadzić do ekspresji genów reporterowych w uzdeczce, strukturze w mózgu regulującej zróżnicowany zestaw zachowań, w tym funkcje endokrynologiczne, powonienia oraz reakcję na strach. Co ważne, ten wzór ekspresji wchodzi w skład znanych domen *zic3* i *zic6* w ośrodkowym układzie nerwowym, co potwierdził, że nowy enhancer kontroluje specyficzne aspekty ich ekspresji. Ponadto uzyskano wyniki nowego konserwowanego enhancera przyczyniającego się do uzupełnienia niekodującego

genomu danio pręgowanego i zapewnienia wglądu w zasady regulacji ekspresji genu *zic3-zic6* w rozwoju ośrodkowego układu nerwowego. Uzyskane przez Habilitantkę końcowe wyniki w publikacji wykazały, że wygenerowana w ten sposób linia transgeniczna może być cennym narzędziem do badania rozwoju i funkcji uzdeczki. Wkład w tę publikację: Habilitantka uczestniczyła w konceptualizacji hipotezy i projektowaniu eksperymentów, nadzorowała realizację projektu, zinterpretowała dane, współuczestniczyła w pisaniu manuskryptu. **Całkowity wkład w tę publikację wynosił 45%.**

Publikacja nr 5: Pawlak M., Kedzierska K.Z., Migdal M., Abu Nahia K., Ramilowski J.A., Bugajski L., Hashimoto K., Marconi A., Piwocka K., Carninci P., **Winata C.L.** (2019). Dynamics of cardiomyocyte transcriptome and chromatin landscape demarcates key events of heart development. *Genome Research*, 29(3): 506-519. [0 cytowań].

W piątej publikacji (monotematyczny cykl) Habilitantka Scharakteryzowała dynamikę obszaru regulacyjnego transkrypcji podczas rozwoju serca stosując połączenie profilowania transkryptomu i badania dostępności chromatyny na kilku kluczowych etapach rozwoju serca. Wyniki badań ujawniły ośrodki regulacji genetycznej, które stymulują kluczowe wydarzenia w rozwoju serca i zawierają kluczowe dla serca TF, a także są związane z otwartymi regionami chromatyny, wzbogaconymi o motywy DNA należące do rodziny odpowiednich TF. Uzyskane wyniki potwierdziły, że utrata funkcji sercowych czynników transkrypcyjnych Gata5, Tbx5a i Hand2 miała wpływ na sercowe sieci regulatorowe i spowodowała globalne zmiany w profilu dostępności chromatyny. Ponadto, zyskane wyniki wykazały, że u mutantów wśród regionów o zróżnicowanej dostępności chromatyny znajdowały się wysoce konserwowane elementy niekodujące, które stanowią przypuszczalne czynniki wspomagające rozwój serca. Badanie to zapewniło cenne źródło wiedzy w dziedzinie rozwoju i chorób serca, a także dostarczyło wstępnych informacji na temat genetycznego i epigenetycznego mechanizmu leżącego u podstaw rozwoju serca. Wkład w tę pracę: Habilitantka uczestniczyła w przygotowaniu konceptualizacji hipotezy i współuczestniczyła w projektowaniu eksperymentów, nadzorowała realizację projektu, zinterpretowała dane, współuczestniczyła w pisaniu manuskryptu. **Całkowity wkład w tę publikację wynosił 45%.**

Publikacja nr 6 (Artykuł przeglądowy nr 1): Winata C.L., Korzh V. (2018) The translational regulation of maternal mRNAs in time and space. *FEBS Letters*, 592(17):3007-3023. (cytowania: 3).

W szóstej publikacji przeglądowej (monotematyczny cykl) Habilitantka podsumowała

aktualną wiedzę na temat regulacji matczynego mRNA, ze szczególnym uwzględnieniem poliadenylacji cytoplazmatycznej jako mechanizmu regulacji translacji. Najważniejsze podsumowanie publikacji przeglądowej wykazało, że: i) w kontekście oogenezy i wczesnej embriogenezy, ekspresja matczynych mRNA jest regulowana czasowo i przestrzennie; ii) po syntezie w oocyocie, matczyne mRNA ulegają wyciszeniu translacyjnemu i magazynowane są w ziarnistościach cytoplazmatycznych, iii) jednocześnie ich unikalne wzorce rozmieszczenia w oocyocie i zarodku są ściśle kontrolowane i powiązane z ich funkcjami w dalszych procesach w embrionie, iv) w pewnych momentach oogenezy i wczesnej embriogenezy matczyne mRNA są translacyjnie aktywowane, aby w odpowiednim czasie realizować swoje funkcje, v) mechanizm poliadenylacji cytoplazmatycznej jest odpowiedzialny za aktywację translacji matczynych mRNA, a ostatnio odkryto jego rolę w inicjowaniu przejścia z kontroli matczyniej do zygotycznej. Wkład w tę pracę Habilitantką zaprojektowała i napisała manuskrypt, oraz przygotowała wszystkie ryciny. **Całkowity wkład w tę publikację wynosił 60%.**

Publikacja nr 7 (Artykuł przeglądowy nr 2): Pawlak M., Niescierowicz K., Winata C.L. (2018) Decoding the heart through next generation sequencing approaches. *Genes* 9(6):289. (cytowania: 3).

W siódmej publikacji przeglądowej (monotematyczny cykl) Habilitantka podsumowała wkład technologii NGS w poznanie rozwoju serca i jego zaburzeń mających odzwierciedlenie we wrodzonych wadach serca (CHD, ang. *congenital heart diseases*), jak również to, w jaki sposób nowe metodyki oparte na NGS mogą przyczynić się do dalszego zrozumienia naprawy serca. Najważniejsze podsumowanie publikacji przeglądowej wykazało, że: i) narządy kręgowców rozwijają się w skomplikowanym procesie, który obejmuje interakcję między wieloma szlakami sygnałowymi na poziomie molekularnym, komórkowym i tkankowym, ii) rozwój serca jest przykładem takiego złożonego procesu, którego zaburzenie prowadzi do wrodzonych chorób serca, iii) genomika oferuje skuteczne rozwiązanie problemu złożoności biologicznej poprzez umożliwienie obserwacji procesów molekularnych w skali całego genomu, iv) pojawienie się technologii NGS ułatwiło rozwinięcie genomiki, zwiększając jej wydajność i możliwości zastosowania w różnych dyscyplinach biologicznych, oraz v) zastosowanie NGS w różnych aspektach biologii serca zaowocowało nowymi odkryciami, pozwalając na nowe spojrzenie na ten obszar badań. Wkład w tę pracę: Habilitantka opracowała pomysł, zgłaszała istotne uwagi, współuczestniczyła w pisaniu manuskryptu i stworzyła jego ostateczną wersję. **Całkowity wkład w tę publikację wynosił 45%.**

Publikacja nr 8 (Rozdział w książce nr 1): Winata C.L., Korzh V. (2018) Zebrafish Zic

genes mediate developmental signaling. ZIC family: evolution, development and disease. Seria wydawnicza: Advances in Experimental Medicine and Biology 1046:157-177. (cytowania: 1). W ósmej publikacji, rozdziale w książce (monotematyczny cykl) Habilitantka opracowała pomysł i napisała manuskrypt. **Całkowity wkład w tę publikację wynosił 45%.**

Publikacja nr 9 (Rozdział w książce nr 2): Kraus P., Winata C.L., Lufkin T. (2015) BAC transgenic zebrafish for transcriptional promoter and enhancer studies. Methods in Molecular Biology 2015; 1227:245-258. (cytowania: 0). W dziewiątej publikacji, rozdziale w książce (monotematyczny cykl) Habilitantka współuczestniczyła w pisaniu manuskryptu i zgłaszała istotne uwagi. **Całkowity wkład w tę publikację wynosił 20%.**

Łączny IF wymienionych wyżej prac naukowych **wynosi 42.724**; natomiast suma punktów według polskiej oceny czasopism MNiSW **wynosi 1060 punktów oraz 235 cytowań prac** (wg. bazy ISI Web of Science). Współautorzy prac zgodnie oświadczyli, że udział Habilitantki w wymienionych pracach był wiodący i wynosi średnio **43%**. Przedstawione w głównym obszarze prace badawcze stanowią komplementarną całość charakteryzującą się spójnym ukierunkowaniem na badanie regulacji ekspresji genów w rozwoju zarodkowym z zastosowaniem metod genomicznych. Spośród organizmów modelowych Habilitantka wybrała danio pręgowanego ze względu na jego ugruntowaną pozycję w badaniach biologii rozwoju oraz na łatwość manipulacji genetycznej. Habilitantka prowadziła badania na dwóch poziomach regulacji genów odpowiedzialnych za rozwój: transkrypcyjnym i translacyjnym.

Reasumując stwierdzam, że przedstawiony przez Habilitantkę monotematyczny cykl pięciu oryginalnych prac twórczych, dwóch artykułów przeglądowych, oraz dwóch rozdziałów w książce pod wspólnym tytułem „Genomika rozwoju danio pręgowanego”, jako szczególne osiągnięcie naukowe stanowi spójny ukierunkowany cykl prac badawczych, a uzyskane wyniki świadczą o wysokich kwalifikacjach Habilitantki oraz dużej pasji i zaangażowaniu w realizowane badania.

3. Ocena aktywności naukowej:

Dr Cecilia Lanny Winata legitymuje się ukierunkowanym dorobkiem naukowym, który stanowią **16** pozycji (oryginalnych prac twórczych: przed habilitacją), z czego 3 pozycje (oryginalne prace twórcze) opublikowane przed uzyskaniem stopnia naukowego doktora, a 13

po uzyskaniu stopnia naukowego doktora (przed habilitacją). Łączna wartość punktowa wymienionych publikacji wg MNiSW w roku wydania **wynosi 1074 punktów** (przed habilitacją), **a łączny IF 113.803** (razem z habilitacją). Cytowań z oddzielnym uwzględnieniem autocytowań **902**, z tym średnia liczba cytowań na publikacji wynosiła 34.7, oraz index Hirscha 14. Oryginalne prace twórcze przed habilitacją (16) opublikowane zostały w anglojęzycznych, uznanych czasopismach o zasięgu międzynarodowym, takich jak: *Experimental Biology and Medicine*, *Human Molecular Genetics*, *Zebrafish*, *Human Mutation*, *PLoS One*, *Developmental Cell*, *International Journal of Developmental Biology*, *Developmental Biology*, *BMC Developmental Biology* i *BMC Genomics*. W trakcie swojej pracy, Habilitantka uczestniczyła w **20 międzynarodowych** i światowych konferencjach naukowych oraz w **10 krajowych** konferencjach naukowych. Doniesienia naukowe były prezentowane na międzynarodowych konferencjach naukowych w **Singapurze, Chinach, Korei Południowej, Czechach, USA, Hiszpanii, Niemczech, Portugalii, na Ukrainie i we Włoszech.**

Habilitantki **dr Cecilia Lanny Winata** aktywnie uczestniczył w realizacji **5 projektów badawczych**, z tym **trzech jako kierownik projektu**:

1. OPUS grant finansowany przez Narodowe Centrum Nauki, “Decoding heart development one cell at a time” (2020 - 2023).
2. OPUS grant finansowany przez Narodowe Centrum Nauki, “Approaching integrative genomics to identify molecular drivers of congenital heart disease” (2019 – 2021), kierownik projektu: Dr. Michał Pawlak (do Luty 2020), Dr. Cecilia Winata (od Lutego 2020).
3. FIRST TEAM grant finansowany przez Fundację na Rzecz Nauki Polskiej, “Genomics dissection of the heart pacemaker in zebrafish” (2017-2020).
4. OPUS grant finansowany przez Narodowe Centrum Nauki, “Identification of genes controlling brain development through genomic analysis of patients with microcephaly” (2016-2020), kierownik projektu: Prof. Wojciech Wiśniewski, Baylor College of Medicine, USA.
5. OPUS grant finansowany przez Narodowe Centrum Nauki, “Elucidating the gene regulatory network of zebrafish heart development using genomics” (2015 – 2018).

Habilitantka **dr Cecilia Lanny Winata** odbyła staże w zagranicznych ośrodkach naukowych i akademickich:

1. Sierpień 2004 - październik 2009: badania naukowe w ramach doktoratu wykonane w laboratoriach prof. Gong Zhiyuan (National University of Singapore, Singapur) i dr. Vladimira Korzha (Institute of Molecular and Cell Biology, Singapur)

2. Czerwiec 2009- maj 2014; Badania naukowe w ramach stażu podoktorskiego wykonane w laboratorium dr. Sinnakaruppana Mathavana (Genome Institute of Singapore, Singapur)
3. Maj 2013 – Czerwiec 2013: wizytujący naukowiec / Laboratorium Profesora Peter Aleström (Norwegian School of Veterinary Sciences, Oslo, Norwegia)
4. Wrzesień 2018 Szkolenie EMBO: Lab Manager, Warsztaty menadżerskie dla kierowników laboratoriów. EMBO, Heidelberg, Niemcy – staż w zarządzaniu grupą i projektami

Dorobek naukowy (główne kierunki badawcze) Habilitantki obejmują badania, wśród których można wyróżnić następujące główne nurty badawcze:

- 1) Czasowo-przestrzenna regulacja ekspresji genów w rozwoju zarodkowym (transkrypcyjny i translacyjny) u danio pręgowanego z zastosowaniem metod genomicznych.
- 2) Regulacja translacji matczynego mRNA podczas przejścia matczyno-zygotycznego.
- 3) Molekularny mechanizm poliadenylacji cytoplazmatycznej w procesie dojrzewania oocytów i wczesnym rozwoju zarodkowym rodzaju *Xenopus*.
- 4) Transkrypcyjna regulacja ekspresji genów w tworzeniu wzorca rozwoju.
- 5) Rola czynników transkrypcyjnych Zic w wielu aspektach tworzenia wzorca embrionalnego
- 6) Rola nowego konserwowanego enhancera w loci *zic3/zic6* danio pręgowanego w kontekście ekspresji genów neuronalnych
- 7) Dynamika transkryptomu kardiomiocytów i obszaru chromatyny w kontekście rozwoju serca

Cały dorobek naukowy (główne kierunki badawcze) Habilitantki **dr Cecilia Lanny Winata** świadczą o dużej i szerokiej aktywności naukowej. Tematyka badań jest jednak w sposób spójny ukierunkowana równocześnie w dużej mierze nowatorska.

Podsumowując aktywność naukową Habilitantki Cecilia Lanny Winata można z przekonaniem stwierdzić, że wskazuje ona na duże doświadczenie w prowadzeniu i organizacji badań naukowych, opanowaniu nowoczesnego warsztatu badawczego, oraz o naukowej pasji i wytrwałości w realizacji podejmowanych zadań badawczych.

4. Działalność dydaktyczna, organizacyjna i popularyzatorska:

Habilitantka **dr Cecilia Lanny Winata** prowadziła cztery warsztaty naukowe dla studentów.

1. Wykład w ramach Szkoły Wiosennej Studium Medycyny Molekularnej 2019 (Warszawa, Polska)
2. Wykład w Szkole Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie 2018 (Warszawa, Polska)
3. Wykład w ramach Szkoły Wiosennej Studium Medycyny Molekularnej 2017 (Warszawa, Polska)
4. Wykład w Gdańskiej Letniej Szkole Biotechnologii 2014 (Gdańsk, Polska)

Habilitationka **dr Cecilia Lanny Winata** prowadziła zajęcia na studiach licencjackich.

1. Department of Biological Sciences, National University of Singapore, Singapore, 2004 – 2007.
2. Prowadziła zajęcia praktyczne w ramach następujących kursów: Developmental
3. Biology (klasa 3), Molecular Biotechnology (klasa 2), and General Biology (klasa 1)
4. Oceniała raporty laboratoryjne, quizy i zadania.

Habilitationka również udzieliła wywiadu dla “Jak to Działa?” (12.04.2019). Link do wywiadu: <https://vod.tvp.pl/video/jak-to-dziala,genetyczne-kopiuj-wklej,41779760>.

Jako opiekunka naukowa nad studentami w toku specjalizacji, **dr Cecilia Lanny Winata** była promotorem ukończonych prac dyplomowych (magisterskich).

1. Eugeniusz Tralle, 2017-2018, The role of a novel extracellular matrix protein in zebrafish liver and development. Uniwersytet Warszawski.
2. Angelika Brzozowska, 2018-2019, Morphological characterization of pacemakers in normal and mutant zebrafish heart. Uniwersytet Warszawski.
3. Tomasz Obrębski, 2019-2020, Functional characterization of *pard6a*, *prom2*, *atplala.2* and their role in embryonic development of the zebrafish. Uniwersytet Warszawski.

Oraz, jako opiekunka naukowa nad stażystami:

1. David Greenald, PhD student, 2011-2012, we współpracy z Profesora Freek van Eeden, University of Sheffield, UK.
2. Kagistia Hana Utami, PhD student, 2012-2013, Genome Institute of Singapore, Singapore.
3. Coreen Lim, studentka stażu letniego, 2007, Ngee Ann Polytechnic, Singapore.
4. Lin Xiaoyun, studentka stażu letniego, 2008, Singapore Polytechnic, Singapore.

Habilitationka pełniła nadzór naukowy nad doktorantami jako opiekun naukowy lub promotor pomocniczy. Habilitationka była i jest również opiekunem naukowym lub promotorem pomocniczym w przewodzie doktorskim sześciu doktorantów.

1. Sreedevi Sugunan, 2015 – 2020, **Tytuł rozprawy:** *Localized translation of nuclear-encoded mitochondrial proteins in zebrafish*. We współpracy z **prof. dr hab. Agnieszka Chacińska**. Przewód był otwarty decyzją Rady Instytutu Biochemii i Biofizyki PAN.
2. Maciej Łapiński, 2016 – present, **Tytuł rozprawy:** *Poznanie mechanizmów kontroli translacyjnej transkryptów matczynych poprzez cytoplazmatyczną poliadenylację*. Przewód otwarto decyzją Rady Instytutu Biochemii i Biofizyki PAN.
3. Karim Abu Nahia, 2017 – present, **Tytuł rozprawy:** *Rola i mechanizm regulacji ekspresji genów w rozwoju węzła przedsionkowo-komorowego u *Danio rerio**. Przewód otwarto decyzją Rady Instytutu Biochemii i Biofizyki PAN.
4. Maciej Migdał, 2018 – present, **Tytuł rozprawy:** *Predykcja enhancerów tkankowo specyficznych w euchromatynie przy wykorzystaniu sekwencji DNA*. Przewód otwarto decyzją Rady Wydziału Szkoły Wiosennej Studium Medycyny Molekularnej.
5. Eugeniusz Tralle, 2018 – present, **Tytuł rozprawy:** *Identyfikacja pochodzenia komórek wywodzących się z wtórnego pola sercotwórczego*. Przewód otwarto decyzją Rady Wydziału Szkoły Wiosennej Studium Medycyny Molekularnej.
6. Costantino Parisi, 2019 – present, **Tytuł rozprawy:** *Zastosowanie narzędzi genomiki zintegrowanej w poznanie molekularnych czynników odpowiedzialnych za wrodzone wady serca*. Przewód otwarto decyzją Rady Instytutu Biochemii i Biofizyki PAN.

Wykaz działalności w recenzowanych pracach naukowych, w szczególności publikowanych w czasopismach międzynarodowych: Habilitantka Cecilia Lanny Winata posiada uznanie w środowisku potwierdzone zapraszaniem do wykonywania **26 recenzji oryginalnych prac w czasopismach z listy Filadelfijskiej** w następujących czasopismach naukowych.

- eLIFE - 1 manuskrypt
- Frontiers in Cardiovascular Medicine – 1 manuskrypt
- Genome Biology - 1 manuskrypt
- Development – 2 manuskrypty
- Developmental Biology – 2 manuskrypty
- Nucleic Acids Research - 6 manuskryptów
- PLoS One – 3 manuskrypty
- Journal of Cell Science – 1 manuskrypt
- Cell & Tissue Research – 1 manuskrypt
- Cell & Molecular Life Sciences – 3 manuskrypty
- Journal of Fish Biology – 2 manuskrypty

- Canadian Journal of Cardiology – 1 manuskrypt
- Frontiers in Cell and Developmental Biology – 1 manuskrypt

Członkostwo w komitetach redakcyjnych i radach naukowych czasopism: O bogatej działalności organizacyjnej i popularyzatorskiej Habilitantki świadczy członkostwo w licznych komitetach naukowych. Brała udział jako redaktor naczelny dwóch czasopism wydanych jako special issue.

- ❖ Redaktor naczelny Developmental Biology special issue: Zebrafish Research in Poland and beyond (2019)
- ❖ Redaktor naczelny Briefings in functional Genomics special issue: Zebrafish Developmental Genomics (2020)

Członkostwo w międzynarodowych i krajowych organizacjach oraz towarzystwach naukowych: Habilitantka brała udział w trzech komitetach organizacyjnych i naukowych konferencji krajowych lub międzynarodowych, z podaniem pełnionej funkcji:

- ❖ Doradca naukowy i członek komitetu organizacyjnego dla „2nd International FishMed Conference on Zebrafish Research”, Warszawa, Polska (2018)
- ❖ Przewodniczący sesji i członek komitetu organizacyjnego dla „Heart of Europe Zebrafish Meeting”, Warszawa, Polska (2014)
- ❖ Doradca naukowy i członek komitetu organizacyjnego dla „International FishMed Conference on Zebrafish Research”, Warszawa, Polska (2016)

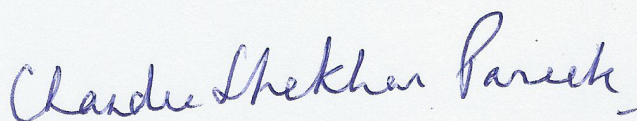
Udział w konsorcjach i sieciach badawczych: Habilitantka uczestniczyła w międzynarodowych lub krajowych organizacjach i towarzystwach naukowych w sześciu konsorcjach i sieciach badawczych.

- Członek grupy roboczej ds. komunikacji i reklamy w ramach konsorcjum DANIO-CODE (od 2015)
- *Członkostwo w międzynarodowych i krajowych organizacjach oraz towarzystwach naukowych*
- Human Genome Organization (HUGO, od 2018)
- International Zebrafish Society (od 2016)
- European Society for Fish Models in Biology and Medicine (EUFishBioMed, od 2014)
- Society for Developmental Biology (od 2009).

Wniosek końcowy

Biorąc pod uwagę znaczący dorobek naukowy, osiągnięcia naukowe stanowiące monotematyczny cykl pięciu oryginalnych prac twórczych, dwóch artykułów przeglądowych, oraz dwóch rozdziałów w książce pod wspólnym tytułem „Genomika rozwoju danio pręgowanego” oraz osiągnięcia dydaktyczne i organizacyjne, wzrost aktywności naukowo -badawczej i publikacyjnej po uzyskaniu stopnia doktora, stwierdzam, że dr Cecilia Lanny Winata spełnia wymagania określone w art. 219 ust. 1 pkt. 2 i 3 ustawy „Prawo o szkolnictwie Wyższym i Nauce” z dnia 20 lipca 2018 r. (Dz.U. z 2020 r. poz. 85 z późn. zm.).

Popieram wniosek o nadanie dr Cecilii Lanny Winata stopnia doktora habilitowanego.



[Prof. zw. dr hab. nauk wet. Chandra S. Pareek, (*multi.*)]