



Autoreferat w języku polskim

Załącznik 2

Spis treści

1. Dane personalne	2
2. Posiadane dyplomy i stopnie naukowe	2
3. Informacje o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych	2
4. Wskazanie osiągnięcia wynikającego z art. 16 ust. 2 ustawy z dnia 14 marca 2003 r. o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. nr 65, poz. 595 ze zm.):	3
4.1. Tytuł osiągnięcia naukowego	3
4.2. Publikacje wchodzące w skład rozprawy habilitacyjnej.....	3
4.3. Syntetyczne omówienie celu naukowego ww. prac i osiągniętych wyników wraz z omówieniem ich ewentualnego wykorzystania.	5
5. Omówienie pozostałej tematyki badawczej, główne kierunki i ważniejsze wyniki	21
6. Zestawienie najważniejszych osiągnięć naukowych.....	27
6.1. Zestawienie dorobku publikacyjnego przed i po uzyskaniu stopnia doktora	27
6.2. Zestawienie publikacji oryginalnych z podziałem ze względu na miejsce habilitanta wśród współautorów (łącznie z artykułami zaprezentowanymi w osiągnięciu)	27
6.3. Zestawienie czasopism, w których opublikowano oryginalne prace twórcze przed i po uzyskaniu stopnia doktora (pkt. wg listy MNiSW z dnia 23.12.2015) (łącznie z artykułami zaprezentowanymi w osiągnięciu)	28
6.4. Podsumowanie najważniejszych osiągnięć naukowych	29
6.5. Pozostałe osiągnięcia naukowe.....	29

1. Dane personalne

- Imiona i nazwisko: **Alina Liersch**

- Miejsce pracy:

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy

Radzików, 05-870 Błonie

Oddział w Poznaniu,

Zakład Genetyki i Hodowli Roślin Oleistych, Pracownia Heterozji

ul. Strzeszyńska 36

60-479 Poznań

2. Posiadane dyplomy i stopnie naukowe

2.1. 02.04.1984 r. - Akademia Rolnicza im. A. Cieszkowskiego w Poznaniu (obecnie Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu), Wydział Rolniczy, magister inżynier rolnictwa, praca magisterska pt. „Ocena skuteczności nowych fungicydów w zwalczaniu chorób jęczmienia”, promotor: dr Barbara Gołębiak

2.2. 24.04.2006 r. - Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, doktorat w dziedzinie nauk rolniczych w zakresie agronomii, praca doktorska pt. „Wpływ zmienności genetycznej na efekt heterozji u rzepaku ozimego (*Brassica napus* L. var. *oleifera*)”, promotor: prof. dr hab. Iwona Bartkowiak-Broda

3. Informacje o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych

02.07.1984 – obecnie Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, 05-870 Błonie, Oddział w Poznaniu

- 02.07.1984 r. – 01.01.1985 r. – stażysta
- 02.01.1985 r. – 31.07.1989 r. – inżynier
- 01.08.1989 r. – 31.03.1994 r. – specjalista
- 01.04.1994 r. – 30.06.2006 r. – asystent
- 01.07.2006 r. – obecnie – adiunkt

4. Wskazanie osiągnięcia wynikającego z art. 16 ust. 2 ustawy z dnia 14 marca 2003 r. o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. nr 65, poz. 595 ze zm.):

4.1. Tytuł osiągnięcia naukowego

Cykl sześciu jednotematycznych publikacji naukowych pod wspólnym tytułem:

„Tworzenie odrębnych pul genetycznych za pomocą markerów molekularnych i ich wdrożenie do praktycznej hodowli odmian mieszańcowych rzepaku ozimego (*Brassica napus* L. var. *oleifera*)”

4.2. Publikacje wchodzące w skład rozprawy habilitacyjnej:

autor/autorzy, tytuł/tytuły publikacji, rok wydania, nazwa wydawnictwa:

(Podano IF oraz punkty MNiSW według uaktualnionej listy z roku 2015)

H1. Bocianowski, J., **Liersch, A.**, Bartkowiak - Broda I. 2008. Porównanie pięciu miar podobieństwa genetycznego ocenionego na podstawie analiz polimorfizmu DNA samosiewów występujących w uprawach rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.). Comparison of five measures of genetic similarity based on analyses of DNA polymorphism of volunteers occurring in winter oilseed rape crops ((*Brassica napus* L.). *Rośliny Oleiste – Oilseed Crops*, XXIX(1): 19-36. [PL]. [**IF=0; MNiSW₂₀₁₅=7p**]
Mój udział polegał na zaplanowaniu i wykonaniu analiz molekularnych, interpretacji uzyskanych wyników, przygotowaniu danych do analiz statystycznych, ich dyskusji i współudziale w pisaniu manuskryptu. Udział procentowy szacuję na 45%.

H2. **Liersch, A.**, Krótka, K., Bartkowiak - Broda, I. 2010. Możliwość zastosowania markerów molekularnych w badaniu dystansu genetycznego linii hodowlanych rzepaku ozimego. Possibility of application of molecular markers for the assessment of genetic diversity of oilseed rape breeding lines. *Rośliny Oleiste – Oilseed Crops* XXXI(2): 211-228. [PL]. [**IF=0; MNiSW₂₀₁₅=7p**]
Mój udział polegał na zaplanowaniu i wykonaniu analiz molekularnych, przygotowaniu danych do analiz statystycznych, interpretacji wyników, ich dyskusji oraz napisaniu manuskryptu. Udział procentowy szacuję na 70%.

H3. Liersch, A., Bocianowski, J., Kozak, M. and Bartkowiak - Broda, I. 2013. Comparison of isozyme, RAPD and AFLP markers in genetic similarity assessment of CMS *ogura* F₁ hybrids of winter oilseed rape (*Brassica napus* L.) parental lines. *ACTA BIOLOGICA CRACOVIENSIA Series Botanica*, 55/1: 49-57. [EN]. [IF₂₀₁₃=0,662; IF₂₀₁₅=0,625; MNiSW₂₀₁₅=20p]

Mój udział polegał na opracowaniu koncepcji badań, udział w selekcji materiału do badań, wykonaniu analiz molekularnych, opracowaniu i przygotowaniu danych doświadczalnych do analiz statystycznych, interpretacji i dyskusji wyników, formułowaniu wniosków i przygotowaniu manuskryptu. Udział procentowy szacuję na 60%.

H4. Liersch, A., Bocianowski, J., Woś, H., Szała, L., Sosnowska, K., Cegielska - Taras, T., Nowosad, K., Bartkowiak - Broda, I. 2016. Assessment of genetic relationships in breeding lines and cultivars of *Brassica napus* and their implications for breeding winter oilseed rape. *Crop Science*, 56: 1540-1549, DOI: 10.2135/cropsci2015.08.0530. [EN]. [IF_{2014/15}=1,575; MNiSW₂₀₁₅=30p]

Mój udział polegał na zaplanowaniu badań, wyborze metody analizy molekularnej, przeprowadzeniu analiz PCR-AFLP (z wyjątkiem elektroforezy), przygotowaniu danych do analiz statystycznych, interpretacji wyników, formułowaniu wniosków oraz napisaniu manuskryptu. Udział procentowy szacuję na 50%.

H5. Bocianowski, J., **Liersch, A.,** Bartkowiak - Broda, I. 2014. The relationship between different types of markers and glucosinolates content of parental lines of F₁ CMS *ogura* hybrids of winter oilseed rape (*Brassica napus* L.). *Bulgarian Journal of Agricultural Science* 20(4): 868-876. [EN]. [IF=0; MNiSW₂₀₁₄=10p]

Mój udział polegał na wyborze materiału do doświadczeń polowych, wykonaniu analiz molekularnych, współuczestniczeniu w obserwacjach fenotypowych, przygotowaniu danych doświadczalnych do analiz statystycznych, interpretacji uzyskanych wyników oraz napisaniu manuskryptu. Udział procentowy szacuję na 45%.

H6. Bocianowski, J., Kozak, M., **Liersch, A.,** Bartkowiak - Broda, I. 2011. A heuristic method of searching for interesting markers in terms of quantitative traits. *Euphytica* 181:89-100. [EN]. [IF₂₀₁₁=1,554; IF₂₀₁₅=1,618; MNiSW₂₀₁₅=30p]

Mój udział polegał na wyborze materiału roślinnego do badań, wykonaniu analiz izoenzymatycznych i molekularnych, przygotowaniu danych do analiz statystycznych i interpretacji uzyskanych wyników. Współuczestniczyłam w przygotowaniu odpowiedzi na recenzje. Udział szacuję na 20%.

Łączny IF/IF w/w prac wynosi 3,791/3,818 oraz 104 pkt MNiSW. IF podano wg roku opublikowania oraz wg IF podawanego w roku 2016 za rok 2014/2015 (IF_{2014/15}) w bazie Journal Citation Reports.

4.3. Syntetyczne omówienie celu naukowego ww. prac i osiągniętych wyników wraz z omówieniem ich ewentualnego wykorzystania.

Jako cykl jednolitych tematycznie prac przedstawiam sześć oryginalnych artykułów, których tytuły i autorzy są wymienieni w pkt 4.2.

Wprowadzenie

Rzepak (*Brassica napus* L. var. *oleifera*) powstał w wyniku wielokrotnego, spontanicznego, międzygatunkowego przekrzyżowania pomiędzy rzepikiem (*Brassica rapa* L. syn. *campestris*; genom AA, $2n=20$) i kapustą (*Brassica oleracea* L.; genom CC, $2n=18$). Genetycznie rzepak jest allopoliploidem (genom AACC, $2n=38$) i zawiera pełne genomy rzepiku i kapusty. Rzepak z marginalnego gatunku uprawianego na ograniczonej powierzchni jeszcze w połowie ubiegłego stulecia stał się najważniejszą rośliną oleistą w Polsce oraz w krajach o umiarkowanym klimacie. Jest po soi czołową rośliną oleistą w świecie. Znaczący wzrost zainteresowania tą rośliną jest wynikiem intensywnych prac hodowlanych, w efekcie których ze składu kwasów tłuszczowych wyeliminowany został kwas erukowy (C22:1) niepożądany w diecie człowieka oraz zredukowana została blisko dziesięciokrotnie zawartość związków siarkowych - glukozynolanów w nasionach, ograniczających wykorzystanie poekstrakcyjnej śruty rzepakowej jako pasza dla zwierząt hodowlanych. Odmiany podwójnie ulepszone „00” tj. bezerukowe i niskoglukozynolanowe znajdują się w powszechniej uprawie od końca lat osiemdziesiątych XX wieku. Polska z produkcją 2,7 M t nasion rocznie zajmuje trzecie miejsce pod względem wielkości produkcji w UE po Niemczech (6,3 M t) i Francji (5,54 M t) (FAOSTAT 2016, <http://faostat3.fao.org>). Nasiona odmian podwójnie ulepszonych rzepaku zawierają 45 - 50% tłuszczu i 20 - 24% wysokiej jakości białka. Są źródłem oleju roślinnego

znajdującego różnorodne zastosowanie zarówno do celów spożywczych jak i przemysłowych oraz dostarczają cennego białka paszowego w śrucie czy w ekstraktach białkowych (Bartkowiak - Broda 2009; Krzymański 2009). Najważniejszymi obecnie realizowanymi kierunkami hodowli rzepaku ozimego jest podnoszenie plenności poprzez wprowadzanie do uprawy wysokoplennych odmian populacyjnych i mieszańcowych oraz ulepszanie cech jakościowych nasion dla uzyskania oleju o różnym przeznaczeniu i wysokiej jakości surowca dla przemysłu paszowego i spożywczego (Wittkop i in. 2009; Spasibionek 2013; Bartkowiak - Broda 2016). W związku z powszechnym zastosowaniem oleju rzepakowego w różnych działach przemysłu spożywczego i chemicznego, skutkuje to nowymi celami badawczymi dla programów hodowlanych, które są podyktowane zapotrzebowaniem na rodzime oleje roślinne o pożądanych cechach jakościowych. Olej pozyskiwany z nasion aktualnie uprawianych odmian zawiera średnio 7% nasyconych kwasów tłuszczowych, 62% kwasu oleinowego (C18:1), 20% kwasu linolowego (C18:2) i 10% kwasu linolenowego (C18:3). Olej ten ma charakter uniwersalny i znajduje zastosowanie zarówno w gospodarstwach domowych jak i przemyśle spożywczym, chemicznym, kosmetycznym, farmaceutycznym oraz do produkcji biopaliw. Uzyskanie odmian typu HOLL (ang. *high oleic low linolenic*) o wysokiej zawartości kwasu oleinowego ok. 80% i obniżonej zawartości kwasu linolenowego do ok. 3% jest obecnie ważnym kierunkiem badań. Olej z odmian typu HOLL wykorzystywany na cele spożywcze posiada wyższą termostabilność (większa trwałość w czasie głębokiego smażenia oraz ogranicza tworzenie szkodliwych dla zdrowia izomerów trans podczas procesu utwardzania tłuszczu), ma znacznie spowolniony proces utleniania stanowiąc lepszy surowiec dla celów technicznych np. do produkcji biopaliw (Matthäus i in. 2011; Spasibionek 2013).

Poekstrakcyjna śruta rzepakowa jest w świecie drugim źródłem białka paszowego po śrucie sojowej. Kraje Unii Europejskiej podobnie jak Polska z deficytem białka paszowego wynoszącym 50 - 70% uzależnione są od importu soi z Ameryki Południowej. Poekstrakcyjna śruta rzepakowa zawiera od 35 do 40% białka i charakteryzuje się wysoką zawartością aminokwasów metioniny i cystyny oraz fosforu i wapnia. Nadaje się przede wszystkim dla bydła, trzody chlewnej i w mniejszym zakresie dla drobiu, z tego względu, że wartość paszowa śruty rzepakowej (zawartość białka i jego wartość odżywcza) jest niższa niż białka

sojowego. Ponadto zawiera dwukrotnie więcej włókna pokarmowego niż soja oraz antyżywniowe związki takie jak: glikozynolany, synapina, kwas fitynowy, związki polifenolowe i taniny. W związku z tym w świecie rozwijane są programy badawcze i hodowlane mające na celu zwiększenie możliwości wykorzystania śruty rzepakowej jako źródła białka paszowego (Bartkowiak - Broda 2016).

Ze względu na obecne jak i perspektywicznie rosnące zapotrzebowanie na nasiona rzepaku zwłaszcza w krajach UE, duże znaczenie ma postęp biologiczny w hodowli tej rośliny. Zwiększenie produkcji nasion rzepaku powinno być nie tylko konsekwencją wzrostu powierzchni uprawy, co jest ograniczone, ale przede wszystkim wynikiem wdrażania nowych technologii uprawy i postępu biologicznego w hodowli. W celu uzyskania istotnego postępu w zwiększeniu plonowania odmian rzepaku w latach 70-tych ubiegłego stulecia rozpoczęto badania mające służyć hodowli odmian mieszańcowych. Rzepak jest rośliną fakultatywną, w przewadze obcopylną. Przesłanką do podjęcia prac zmierzających do tworzenia odmian mieszańcowych rzepaku jest wysoki efekt heterozji występujący w plonie nasion. Efekt heterozji może wynieść od kilku do kilkunastu procent, a nawet więcej (Grant i Beversdorf 1985; Bartkowiak - Broda 1991). Rozwinięcie hodowli odmian mieszańcowych rzepaku stało się możliwe dzięki odkryciu systemów genetycznych umożliwiających zapylenie krzyżowe u rzepaku. Głównymi systemami wykorzystywanymi w hodowli odmian mieszańcowych w Europie jest genowo-cytoplazmatyczna męska sterylność CMS *ogura* (Ogu-INRA cms) oraz system genetycznej męskiej sterylności MSL Lembke. Z chwilą wprowadzenia do uprawy pierwszych odmian mieszańcowych ich powierzchnia uprawy systematycznie wzrasta i w Niemczech wynosi 70%, we Francji ponad 90%, w Czechach blisko 40%, a w Polsce odmiany mieszańcowe zajmują około 35% całkowitej powierzchni uprawy rzepaku i ciągle obserwuje się tendencję wzrostową. Warunkiem koniecznym do osiągnięcia postępu biologicznego w rolnictwie jest wykorzystanie w programach hodowlanych metod biometrycznych i nowoczesnych technik biotechnologicznych opartych na najnowszej wiedzy z zakresu biologii i genetyki (Święcicki i in. 2011). Zastosowanie w hodowli roślin biotechnologii (kultur *in vitro*) i biologii molekularnej przyczynia się między innymi do skrócenia cyklu hodowlanego w wyniku czego zostają znacząco zmniejszone koszty wyhodowania nowych odmian (Cegielska - Taras 2002). Zastosowanie markerów molekularnych/genetycznych umożliwia selekcję ważnych gospodarczo

cech na wczesnym etapie rozwoju rośliny, dając hodowcom dodatkowe narzędzie, zwiększające efektywność procesu hodowlanego (Mikołajczyk 2013).

W procesie hodowlanym odmian mieszańcowych wymagane jest wykonanie dużej liczby kombinacji krzyżówkowych linii rodzicielskich i ich ocena w doświadczeniach polowych pod względem ogólnej i specyficznej zdolności kombinacyjnej, przy jednoczesnym bardzo starannym doborze komponentów opartym na wielu cechach jakościowych. W tym celu poszukuje się metod, które pozwoliłyby na wczesną selekcję komponentów rodzicielskich mieszańców F1 i przez to skrócenie cyklu hodowlanego (Liersch i in. 2011). Badania wykonane w różnych gatunkach roślin uprawnych wykazały, że jednym z elementów pozwalających na uzyskanie wysokiego efektu heterozji w plonie nasion jest dystans genetyczny form rodzicielskich wykorzystywanych do tworzenia mieszańca F1. Według teorii heterozji, efekt heterozji jest tym większy u mieszańców im bardziej oddalone genetycznie są linie rodzicielskie (Fu i in. 2014). Dystans genetyczny między rodzicami jest potrzebny aby uzyskać heterozję ale niewystarczający dla jej zagwarantowania. Związek dystansu genetycznego z efektem heterozji wykazano między innymi dla zbóż, kukurydzy i rzepaku (Reif i in. 2003; Krystkowiak i in. 2009; Girke i in. 2012). Uzyskane wyniki badań wskazują na możliwość selekcji linii rodzicielskich mieszańców na podstawie ich polimorfizmu stwierdzonego poprzez obserwację cech fenotypowych i badań genotypu (Lefort - Buson i in. 1988). W tych badaniach początkowo wykorzystywano charakterystykę fenotypową (Ali i in. 1995), markery izoenzymatyczne (Chèvre i in. 1991), a z chwilą rozwoju genetyki molekularnej i metod badania genotypu na poziomie DNA dało to możliwość szybkiej oceny zmienności genetycznej niezależnej od modyfikującego wpływu środowiska (Iniguez - Luy i Federico 2011).

W celu zapewnienia postępu selekcyjnego w hodowli niezbędne jest posiadanie źródeł zmienności. Rzepak ozimy jest gatunkiem stosunkowo młodym i jako roślina uprawna pojawił się w Europie zaledwie 500 lat temu. Obecnie wykorzystuje się przede wszystkim naturalną zmienność występującą w obrębie gatunku, która jest stosunkowo wąska ze względu na ograniczony zasięg uprawy, brak dzikich przodków będących naturalnym źródłem zmienności wykorzystywanym do zwiększenia zróżnicowania genetycznego oraz intensywną hodowlę ukierunkowaną na uzyskanie form podwójnie ulepszonych (bezerukowych i niskoglukozynolanowych). Z tego

względu szczególnie ważny jest dobór komponentów rodzicielskich do krzyżowań możliwie najbardziej zróżnicowanych genetycznie. W wielu ośrodkach badawczych powstała koncepcja utworzenia dla potrzeb hodowli odrębnych pul genetycznych na bazie polimorfizmu DNA materiałów hodowlanych.

Publikacje wchodzące w skład mojego osiągnięcia naukowego dla uzyskania habilitacji dotyczą badań nad metodami tworzenia odrębnych pul genetycznych rzepaku ozimego za pomocą markerów molekularnych, przede wszystkim dla zastosowania ich w praktycznej hodowli odmian mieszańcowych F1. W przedstawionym osiągnięciu naukowym porównano różne współczynniki zmienności w celu określenia wartości podobieństwa genetycznego pomiędzy badanymi liniami hodowlanymi (H1), analizowano różne typy markerów: markery izoenzymatyczne i molekularne typu RAPD i AFLP, a także określono ich przydatność do badania zmienności genetycznej materiałów hodowlanych (H2, H3, H4), poszukiwano związku markerów molekularnych z zawartością glukozyolanów w liniach rodzicielskich mieszańców (H5) i zastosowania metody statystycznej opartej na medianach jako wspomagającej tworzenie odrębnych pul genetycznych dla potrzeb hodowli odmian mieszańcowych (H6).

Cele badań

Cel główny:

Tworzenie pul genetycznych na potrzeby hodowli odmian mieszańcowych rzepaku ozimego przy zastosowaniu markerów molekularnych.

Cele szczegółowe:

1. Porównanie różnych miar zmienności genetycznej i określenie ich przydatności do tworzenia pul genetycznych.
2. Analiza zmienności genetycznej linii hodowlanych rzepaku ozimego za pomocą markerów molekularnych – porównanie techniki RAPD i AFLP i liczby zastosowanych starterów/otrzymanych markerów.
3. Selekcja kombinacji starterów AFLP przydatnych do wyodrębnienia pul genetycznych.
4. Poszukiwanie związku markerów molekularnych z wybranymi cechami fenotypowymi jako element wspomagający selekcję komponentów rodzicielskich do tworzenia mieszańców F1.

ad 1.

Bocianowski, J., **Liersch, A.**, Bartkowiak - Broda I. 2008. Porównanie pięciu miar podobieństwa genetycznego ocenionego na podstawie analiz polimorfizmu DNA samosiewów występujących w uprawach rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.). Comparison of five measures of genetic similarity based on analyses of DNA polymorphism of volunteers occurring in winter oilseed rape crops (*Brassica napus* L.). *Rośliny Oleiste – Oilseed Crops*, XXIX(1): 19-36.

Ocena podobieństwa/dystansu genetycznego oparta jest na analizie matematyczno-statystycznej danych uzyskanych z obserwacji cech fenotypowych oraz wynikach badań molekularnych (Lefort - Buson i in. 1988). Mohammadi i Prasanna (2003) wskazują, że istotnym elementem w prawidłowej ocenie podobieństwa/dystansu genetycznego materiału roślinnego jest zarówno wybór techniki analizy molekularnej, liczby zastosowanych markerów w badaniach jak i odpowiedniej miary statystycznej zastosowanej do oszacowania zależności pomiędzy badanymi genotypami. W pracy badano podobieństwo genetyczne za pomocą następujących miar: Jaccarda, Kulczyńskiego, Sokala i Michnera, Nei oraz Rogersa (**H1**). Dane do badań uzyskano na podstawie analiz polimorfizmu genetycznego określonego metodą RAPD z użyciem 30 starterów. Materiałem roślinnym było potomstwo 31 roślin samosiewów pobranych z plantacji w województwach: pomorskim, zachodniopomorskim i warmińsko-mazurskim oraz 4 odmiany rzepaku ozimego i rzepik ozimy odmiana Ludowy. Wybrane do badań genotypy różniły się morfologią (rośliny w typie rzepaku i rzepikopodobne), składem chemicznym nasion (zawartość kwasu erukowego w oleju i glukozyolanów w nasionach) oraz ploidalnością. Współczynniki korelacji pomiędzy wartościami podobieństwa genetycznego uzyskanymi przy użyciu pięciu miar wskazują na wysoce istotne statystycznie korelacje wszystkich zastosowanych miar podobieństwa genetycznego na poziomie $\alpha=0,001$. Wartości współczynników podobieństwa oraz pogrupowanie obiektów na podstawie uzyskanych współczynników podobieństwa dla wszystkich miar poza miarą Rogersa były zbieżne. Testowane współczynniki podobieństwa oszacowane miarami Jaccarda, Kulczyńskiego, Sokala i Michnera oraz Nei grupują badane obiekty w dwie grupy skupień: pierwszą zawierającą wyłącznie rośliny w typie

rzepaku i odmiany rzepaku oraz drugą rośliny rzepikopodobne i odmiana rzepiku Ludowy i było zgodne z grupowaniem roślin na podstawie cech fenotypowych i względnej zawartości jądrowego DNA. Pogrupowanie obiektów na podstawie współczynników obliczonych z zastosowaniem miary Rogersa było błędne, ponieważ do grupy roślin w typie rzepiku przyporządkowano także rośliny w typie rzepaku. Miara dystansu genetycznego (DG) Rogersa jest przydatna w oszacowaniu DG na podstawie kodominujących markerów molekularnych typu SSR i RFLP, gdzie produkt amplifikacji można utożsamiać z allelami, a zatem miara ta opiera się na frekwencji alleli (Mohammadi i Prasanna 2003), ponieważ w miarze tej N_{A0} oznacza liczbę alleli obecnych w genotypie A i równocześnie nieobecnych w genotypie B i N_{0B} – liczbę alleli obecnych w genotypie B i równocześnie nieobecnych w genotypie A. Miary Jaccarda, Kulczyńskiego oraz Nei oparte są na obserwacjach tak zwanych podwójnych obecności alleli, gdzie N_A oznacza liczbę alleli w genotypie A, N_B - oznacza liczbę alleli obecnych w genotypie B, N_{AB} liczbę alleli obecnych zarówno w genotypie A, jak i genotypie B. W przypadku tych miar wartości podobieństwa/zróżnicowania genetycznego oblicza się na podstawie danych zapisanych w systemie binarnym gdzie 1 oznacza obecność allelu, a 0 jego brak. Lamboy (1994) wskazał ponadto miarę Nei jako metodę dającą najmniejsze obciążenie dla organizmów blisko związanych. Opisana analiza porównawcza pięciu różnych miar nie wyjaśniła w pełni, która z miar byłaby najbardziej przydatna do analiz zmienności genetycznej linii hodowlanych rzepaku. Jednakże w badaniach podobieństwa/dystansu genetycznego na podstawie wyników uzyskanych za pomocą markerów molekularnych u roślin uprawnych z rodzaju *Brassica* najczęściej stosowano miarę Nei i Li (1979) (Yu i in. 2005) i Jaccarda (Tomassini i in. 2003). Także na podstawie uzyskanych wyników do dalszych badań nad tworzeniem pul genetycznych na potrzeby hodowli rzepaku ozimego zastosowano miarę Nei i Li (1979). Jest ona szczególnie przydatna w analizie materiału roślinnego za pomocą markerów dominujących takich jak uzyskuje się metodą RAPD i AFLP.

ad 2 i ad 3

Liersch, A., Bocianowski, J., Kozak, M. and Bartkowiak - Broda, I. 2013. Comparison of isozyme, RAPD and AFLP markers in genetic similarity assessment of CMS *ogura*

F₁ hybrids of winter oilseed rape (*Brassica napus* L.) parental lines. *ACTA BIOLOGICA CRACOVIENSIA Series Botanica*, 55/1: 49-57.

Liersch, A., Krótka, K., Bartkowiak-Broda, I. 2010. Możliwość zastosowania markerów molekularnych w badaniu dystansu genetycznego linii hodowlanych rzepaku ozimego. Possibility of application of molecular markers for the assessment of genetic diversity of oilseed rape breeding lines. *Rośliny Oleiste – Oilseed Crops* XXXI(2): 211-228.

Liersch, A., Bocianowski, J., Woś, H., Szała, L., Sosnowska, K., Cegielska-Taras, T., Nowosad, K., Bartkowiak-Broda, I. 2016. Assessment of genetic relationships in breeding lines and cultivars of *Brassica napus* and their implications for breeding winter oilseed rape. *Crop Science*, 56: 1540-1549, DOI: 10.2135/cropsci2015.08.0530.

Ocena zmienności genetycznej linii hodowlanych rzepaku ozimego oraz określenie przydatności różnego typu markerów do takiej analizy jest przedmiotem trzech publikacji, w których jestem pierwszym autorem (**H2, H3 i H4**). Materiałem do badań były linie rodzicielskie mieszańców złożonych i zrestorowanych F₁ rzepaku ozimego wyselekcjonowane w IHAR-PIB Poznań oraz Spółce HR Strzelce – Grupa IHAR O/Borowo wzbogacone o genotypy i odmiany pochodzące z innych kolekcji Europejskich oraz jeden genotyp chiński. Początkowo badania obejmowały pięć typów markerów izoenzymatycznych: IDH – dehydrogenaza izocytrynianowa (EC. 1.1.1.42), MDH – dehydrogenaza malonowa (EC.1.1.1.37), 6PGD – dehydrogenaza 6 - fosfoglukonowa (EC. 1.1.1.44), LAP – aminopeptydaza leucyny (EC. 3.4.11.1) i PGI – fosfoglucoizomeraza (EC. 5.3.1.9), markery molekularne typu RAPD i AFLP (**H2**). W badaniach 18 komponentów rodzicielskich rzepaku ozimego otrzymano 597 markerów w tym 18 markerów charakteryzowało izoenzymatyczne loci co stanowiło 3% wszystkich uzyskanych markerów, 225 markerów typu RAPD - 37,7% oraz 354 markery AFLP – 59,3% wszystkich otrzymanych markerów. W jednej reakcji AFLP uzyskiwano cztery razy więcej markerów w porównaniu z analizami RAPD. Współczynnik korelacji pomiędzy podobieństwem genetycznym (GS) wyznaczonym na podstawie markerów RAPD i AFLP wyniósł 0,58. Podobnie GS obliczony na podstawie wszystkich typów markerów wykazuje istotną korelację z podobieństwem genetycznym wyznaczonym na podstawie markerów RAPD i AFLP, gdy takiej zależności nie stwierdzono dla markerów izoenzymatycznych. Dendrogram utworzony

na bazie markerów AFLP i RAPD jak i dla wszystkich typów markerów łącznie, generalnie jest zgodny z genealogią badanych genotypów. Dendrogramy utworzone na podstawie współczynnika podobieństwa genetycznego dla każdego z typów markerów różnią się między sobą, a szczególnie dendrogram utworzony na podstawie markerów izoenzymatycznych. Na podstawie uzyskanych wyników potwierdzono przydatność markerów molekularnych typu RAPD i AFLP do selekcji komponentów rodzicielskich mieszańców rzepaku ozimego, podczas gdy markety izoenzymatyczne mogą stanowić jedynie uzupełnienie tego typu badań, ze względu na małą liczbę polimorficznych loci. Wyboru starterów RAPD i kombinacji starterów AFLP badań dokonałam na podstawie częstości ich występowania na zintegrowanej mapie genetycznej rzepaku opracowanej przez Lombard i Delourme (2001) oraz wskazań Invitrogen Life Technologies (AFLP[®] Core Reagent Kit, Invitrogen, Carlsbad, CA, USA). W kolejnej pracy (**H3**) porównałam przydatność dwóch technik molekularnych RAPD i AFLP do analizy dystansu genetycznego oraz badałam liczebności użytych do badań starterów i otrzymanych markerów umożliwiających poprawne oszacowanie dystansu genetycznego materiałów hodowlanych. Materiałem roślinnym były linie hodowlane służące do tworzenia mieszańców CMS *ogura* rzepaku ozimego. Analizę RAPD wykonano z zastosowaniem 64, 10-nukleotydowych starterów, a w metodzie AFLP zastosowano 23 kombinacje starterów AFLP. Do obliczenia dystansu genetycznego (DG) podobnie jak w pierwszej publikacji użyto miarę Nei i Li (1979) i oszacowano go dla różnej liczby losowo wybranych markerów RAPD i AFLP oraz obu typów markerów łącznie. Do opracowania wyników wybrano 178 polimorficznych markerów RAPD (56 starterów RAPD różnicowało badane linie) i 259 polimorficznych markerów AFLP. Jeden starter RAPD generował ponad trzy polimorficzne markery, natomiast jedna kombinacja starterów AFLP średnio generowała 11 polimorficznych markerów. Współczynniki korelacji dystansu genetycznego otrzymanego dla analizowanych dwóch typów markerów wskazują na wysoką, istotną statystycznie korelację (na poziomie $\alpha=0,01$) wartości dystansu genetycznego obliczonego na podstawie 178 markerów RAPD i 259 markerów AFLP, $r=0,8036$. Również prosta regresji wskazuje na liniową zależność wartości DG otrzymanego za pomocą dwóch typów markerów (RAPD i AFLP) niezależnie od liczby uzyskanych produktów amplifikacji w badaniach. Zbliżone wartości dystansu genetycznego jak również podobny układ genotypów na dendrogramie wskazują na możliwość utworzenia pul

genetycznych przy mniejszej liczbie markerów, a tym samym mniejszej liczbie użytych starterów. Obydwie techniki molekularne charakteryzowały się dobrym poziomem polimorfizmu i powtarzalnością wyników. W dalszych badaniach nie stosowałam markerów molekularnych typu RAPD ze względu na ich niską powtarzalność w porównaniu z wysoką powtarzalnością markerów AFLP i SSR (Jones i in. 1997). W związku z tym w kolejnych badaniach dystansu genetycznego/podobieństwa genetycznego zastosowałam wyłącznie wybranych 10 kombinacji starterów AFLP [E-AGG JOE/M-CAC; E-AGG JOE/M-CAG; E-ACC NED/M-CAC; E-ACC NED/M-CAG; E-ACC NED/M-CTC; E-ACT FAM/M-CTC; E-AGG JOE/M-CAT; E-AGG JOE/M-CTA; E-AGG JOE/M-CTC; E-AAC NED/M-CAC] opartych na enzymach restrykcyjnych (*EcoRI* i *MseI*), które najlepiej charakteryzowały materiał hodowlany spośród 23 wcześniej badanych kombinacji starterów (**H3**). W pierwszym etapie badałam populację 78 genotypów rzepaku ozimego za pomocą 11 kombinacji starterów AFLP, uzyskując blisko 262 polimorficzne markery AFLP (jedna kombinacja starterów nie różnicowała badanych genotypów). Wykonane badania potwierdziły przydatność wybranych kombinacji starterów AFLP ze względu na dużą liczbę produktów amplifikacji uzyskanych w badaniach pojedynczego genotypu, powtarzalność metody oraz skrócenia czasu analizy co pozwoliło na obniżenie kosztów analiz i ich pracochłonność (Liersch i in. 2012 oraz wyniki nieopublikowane). W tradycyjnie stosowanej metodzie AFLP, rozdział produktów PCR następował na żelu poliakrylamidowym, a detekcja poprzez barwienie srebrem. W kolejnej publikacji (**H4**) zastosowano inną metodę, gdzie rozdział produktów odbywał się przy zastosowaniu technologii opartej na kapilarach (elektroforeza wykonana w ramach współpracy z Wydziałową Pracownią Techniki Biologii Molekularnej UAM W Poznaniu), w której startery *EcoRI* były znakowane fluorescencyjnie, a wyniki odczytywano automatycznie przy użyciu oprogramowania PeakScanner (ABI). Zastosowanie takiej modyfikacji pozwoliło na zautomatyzowanie i znacznie przyspieszenie badań. Metoda ta została wykorzystana do badań 101 genotypów: linii męsko-sterylnych CMS *ogura* i linii restorerów dla tego systemu, linii hodowlanych pochodzących z kolekcji IHAR-PIB, HR Strzelce, odmian populacyjnych i mieszańcowych pochodzących z Europy i linii hodowlanej z Chin oraz linii resyntetycznych rzepaku otrzymanych w Pracowni Kultur Tkankowych IHAR-PIB w Poznaniu. Wyboru kombinacji starterów dokonałam na podstawie

wcześniejszych badań. Liczba polimorficznych markerów dla 101 badanych genotypów rzepaku wyniosła 344, a poziom polimorfizmu wyniósł 62,3%. Dendrogram otrzymany na podstawie współczynnika podobieństwa Nei i Li (1979) podzielił badane genotypy na cztery grupy. Analiza pozwoliła na identyfikację podobieństwa genetycznego i pogrupowanie materiału genetycznego na odrębne grupy. Linie męsko-sterylne CMS *ogura* tworzą odrębną grupę, podobnie jak linie restorery dla tego systemu, również nowe resyntetyczne linie rzepaku ozimego tworzą odrębny klastery. Efektem prac z zastosowaniem markerów molekularnych jest wykazanie zróżnicowania/podobieństwa genetycznego materiałów hodowlanych pozwalających na selekcję komponentów rodzicielskich do tworzenia odmian mieszańcowych, czego przykładem jest odmiana mieszańcowa zrestorowana Poznaniak utworzona w oparciu o system CMS *ogura*, której komponenty rodzicielskie (MS 83 x BR26) wyselekcjonowano z odrębnych klastrow (Liersch i in. 2012). Wykazanie odrębności linii resyntetycznych przy wykorzystaniu wyselekcjonowanych par starterów AFLP wskazuje, że linie te mogą stanowić cenny materiał do poszerzenia bazy genetycznej w obrębie *B. napus*, tworzenia odrębnych pul genetycznych szczególnie w hodowli odmian mieszańcowych (Szała i in. 2016). Dlatego w ramach współpracy z Pracownią Kultur Tkankowych badania metodą AFLP są kontynuowane na 50 nowych liniach resyntetycznych oraz kolekcji odmian rzepaku ozimego i jarego w celu określenia ich odrębności genetycznej i przydatności w hodowli rzepaku ozimego (publikacja w przygotowaniu).

ad 4.

Bocianowski, J., **Liersch, A.**, Bartkowiak - Broda, I. 2014. The relationship between different types of markers and glucosinolates content of parental lines of F₁ CMS *ogura* hybrids of winter oilseed rape (*Brassica napus* L.). *Bulgarian Journal of Agricultural Science* 20(4): 868-876.

Bocianowski, J., Kozak, M., **Liersch, A.**, Bartkowiak - Broda, I. 2011. A heuristic method of searching for interesting markers in terms of quantitative traits. *Euphytica* 181: 89-100.

Analiza różnych genotypów rzepaku przy użyciu markerów molekularnych pozwala na określenie zmienności genetycznej w obrębie danej populacji ale również określenie rejonów genomu zasocjowanych z cechami związanymi z plonem nasion,

odpornością na patogeny i ważnymi gospodarczo cechami jakościowymi takimi jak zawartość tłuszczu, białka i glukozyolanów w nasionach czy skład kwasów tłuszczowych. Wykorzystując określoną zmienność genetyczną linii rodzicielskich mieszańców CMS *ogura* dokonano próby poszukiwania związku trzech typów markerów: izoenzymatycznych (5 systemów izoenzymatycznych), markerów PCR - RAPD (57 starterów) i AFLP (23 kombinacje starterów) z zawartością glukozyolanów (**H5**). Zawartość glukozyolanów badano w nasionach zebranych z doświadczeń polowych w czterech środowiskach (2 miejscowości, 2 sezony wegetacyjne). Markery izoenzymatyczne w niewielkim stopniu wykazywały związek z zawartością glukozyolanów alkenowych (PGI-2) i indolowych w nasionach (6 PGD) w nasionach. Stwierdzono związek sześciu markerów molekularnych RAPD i czterech AFLP z najważniejszym glukozyolanem indolowym – 4 hydroksybrassyliną oraz dziewięciu markerów AFLP i siedmiu RAPD z dwoma glukozyolanami alkenowymi – glukonapina i progoitryna oraz całkowitą zawartością glukozyolanów alkenowych i sumą wszystkich glukozyolanów.

Poszukuje się ponadto metod statystycznych pozwalających na określenie markerów związanych z cechami ilościowymi kiedy nie dysponujemy populacją mapującą. Heffner i in. (2009) wskazują, na pewne ograniczenia zastosowania markerów wspomagających selekcję kiedy uzyskano je dla konkretnej populacji mapującej i określone loci QTL nie mogą być bezpośrednio zastosowane w hodowli roślin. W pracy (**H6**) zaproponowano metodę heurystyczną opartą na medianach (wartość środkowa zbioru) pozwalająca na poszukiwanie interesujących markerów związanych z cechami ilościowymi. W metodzie tej rozdziela się genotypy na dwie rozłączne grupy determinowane obecnością lub brakiem produktu amplifikacji, a rozważa się tylko te markery, dla których liczebność podgrupy jest równa co najmniej 5. Dla tak wyznaczonych podgrup liczy się medianę i testuje istotność różnic median. Podejście to różni się od „tradycyjnie spotykanych” gdzie rozważa się wartości średnie, a nie mediany. Mediany wskazują nam, że połowa uzyskanych wyników ma wartość poniżej wartości mediany, a druga połowa ma wartość powyżej wartości mediany. Jest to ogólne rozważanie pewnych wariantów, które decydują o wyborze konkretnego genotypu, który jest interesujący pod względem hodowlanym. Materiał do rozważań stanowiły te same genotypy i badania molekularne jak w opisaną wcześniej publikacji **H5**. W przeprowadzonej analizie stwierdzono że

31 markerów, różnicowało badane genotypy pod względem zawartości glucobrassicyny, a pięć markerów związanych było z plonem nasion we wszystkich czterech środowiskach. Zaproponowana heurystyczna metoda, przy dużej ilości analizowanych markerów może stanowić pierwszy, ważny etap analizy pozwalającej na wybór najbardziej interesujących hodowcę linii hodowlanych na podstawie obserwacji markerowych szczególnie na wczesnych etapach hodowli umożliwiając wstępne preselekcjonowanie materiału.

W obydwu pracach rozważano możliwość zastosowania markerów molekularnych związanych z plonem nasion i zawartością glukozynolanów w nasionach. Na podstawie opisanych badań nie możemy wyznaczyć konkretnych markerów silnie związanych z loci odpowiadającymi za konkretne cechy ilościowe. Stanowi to początek badań, pierwsze podejście do poszukiwania związku markerów molekularnych z cechami na małej liczebnie grupie genotypów, jednakże mogą one stanowić cenne uzupełnienie klasycznych metod hodowli i poprawić efektywność selekcji komponentów rodzicielskich do tworzenia wysokoplennych odmian mieszańcowych rzepaku ozimego o niskiej zawartości niepożądanych związków jakimi są glukozynolany alkenowe.

Podsumowanie

Sześć publikacji stanowiących moje osiągnięcie naukowe obejmuje wyniki badań nad zastosowaniem markerów molekularnych do tworzenia odrębnych pul genetycznych u rzepaku ozimego (*Brassica napus* L. var. *oleifera*).

1. Określenie miary szacowania podobieństwa genetycznego najbardziej przydatnej w badaniach rzepaku ozimego.
2. Poznanie możliwości badania zmienności genetycznej rzepaku ozimego za pomocą różnego typu markerów.
3. Wybranie 10 kombinacji starterów AFLP najbardziej przydatnych do tworzenia odrębnych pul genetycznych, co jednocześnie przyczynia się do obniżenia kosztów i czasu wykonywanych analiz.
4. Poznanie analizy asocjacyjnej i heurystycznej jako metod wspomagających wybór materiałów do hodowli odmian mieszańcowych rzepaku ozimego.

Najważniejsze osiągnięcia praktyczne:

Odmiany mieszańcowe plonują w praktyce o około 10% wyżej, niż odmiany populacyjne co skutkuje zwiększeniem produkcji nasion rzepaku, na które stale wzrasta zapotrzebowanie zarówno w Polsce jak i w krajach Unii Europejskiej, jak również podniesieniem opłacalności uprawy tej rośliny. Średni cykl hodowli odmian rzepaku trwa 10 lat, a odmian mieszańcowych dłużej. Zastosowanie markerów molekularnych we wstępnej selekcji komponentów rodzicielskich oraz poszukiwaniu nowych komponentów do hodowli odmian mieszańcowych przy zastosowaniu markerów męskosterylnej cytoplazmy *ogura*, genu restorera (*Rfo*) (Mikołajczyk i in. 2010) i tworzenie odrębnych pul genetycznych skraca czas selekcji i hodowli odmian mieszańcowych o około 3 lata. Przykładem zastosowania markerów molekularnych w selekcji komponentów rodzicielskich odmiany mieszańcowej rzepaku przy pomocy odrębnych pul genetycznych jest pierwsza polska odmiana mieszańcowa Poznaniak oraz kolejne wysoko plonujące mieszańce znajdujące się w badaniach COBORU 2015/2016 (BOH 7615, BOH 7715). Analiza genomów za pomocą markerów molekularnych obok określenia zróżnicowania genetycznego pomiędzy osobnikami danej populacji przy wysokim nasyceniu markerami, umożliwi wstępne wytypowanie regionów odpowiedzialnych za istotne cechy fenotypowe, a tym samym pozwoli na jeszcze większą precyzję w tworzeniu odrębnych pul genetycznych dla potrzeb współczesnej hodowli heterozyjnej rzepaku ozimego.

Uzyskane wyniki mogą być wykorzystane w praktycznej hodowli odmian podwójnie ulepszonych rzepaku ozimego jako cenne uzupełnienie klasycznych metod stosowanych w doborze komponentów rodzicielskich mieszańców F1 rzepaku ozimego.

Perspektywy dalszych badań

Od roku 2014 jestem współwykonawcą projektu finansowanego przez MRiRW pt. "Badanie genomu rzepaku ozimego przy wykorzystaniu markerów molekularnych" zadanie nr 48 w ramach "Postępu Biologicznego w Produkcji Roślinnej" na lata 2014 - 2020. W ramach tego projektu określa się zróżnicowanie kolekcji genotypów i odmian rzepaku o znaczeniu gospodarczym oraz wykonywane są badania nad tworzeniem pul genetycznych na potrzeby hodowli rzepaku przy użyciu markerów molekularnych typu AFLP i STR. Ponadto prowadzi się fenotypowanie i genotypowanie kolekcji linii rzepaku ozimego, które w dalszej kolejności posłużą do

analiz asocjacyjnych. Prowadzone są również badania we współpracy z Pracownią Kultur Tkankowych IHAR-PIB nad poszerzeniem zmienności *B. napus* poprzez wykorzystanie w hodowli mieszańcowej rzepaku ozimego resyntetyzowanych linii DH. Pierwsze wstępne wyniki doświadczeń polowych z mieszańcami, w których formami ojcowskimi były linie semi-RS wskazują na wysoki potencjał plonotwórczy linii otrzymanych w wyniku resyntezy rzepaku (Szała i in. 2016).

Literatura:

- Ali, M., Copeland, L., Elias, S., Kelly, J. 1995. Relationship between genetic distance and heterosis for yield and morphological traits in winter canola (*Brassica napus* L.). *Theor Appl Genet* 91(1): 118-121.
- Bartkowiak-Broda I. 1991. Studia nad systemami męskiej niepłodności u rzepaku *Brassica napus* L. var. *oleifera*. *Hodowla roślin aklimatyzacja i nasiennictwo*, 35 (³/₄): 3-60.
- Bartkowiak-Broda, 2009. Nowe odmiany rzepaku, nowa jakość oleju. W: Olej rzepakowy – nowy surowiec, nowa prawda. Teraz rzepak Teraz olej. Krzymański J. (red). Polskie Stowarzyszenie Producentów Oleju, Warszawa, II: 7-24.
- Bartkowiak-Broda, I. 2016. Nowe kierunki warunkiem wzrostu znaczenia rzepaku jako rośliny oleisto-białkowej. *Rzepak integrowana produkcja*. Wydanie siódme. Agro Serwis: 10-15.
- Cegielska-Taras, T. 2002. Kultura *in vitro* mikrospor w genetycznym ulepszaniu rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.). The use of microspores culture for genetic improvement of winter oilseed rape (*Brassica napus* L.). *Monografie i Rozprawy Naukowe IHAR*, 18: 7-107.
- Chèvre, A.M., Delourme, R., Eber, F., Arus, P. 1991. First results of rapeseed variety identifications by isozyme electrophoresis. *Criciferae Newsletter*, 14-15: 70-71.
- FAOSTAT 2016. <http://faostat3.fao.org>
- Fu, D., Xiao, M., Hayward, A., Fu, Y., Liu, G., Jiang, G., Zhang, H. 2014. Utilization of crop heterosis: a review. *Euphytica* 197:161-173.
- Girke, A., Schierholt, A., Becker, H.C. 2012. Extending the rapeseed gene pool with resynthesized *Brassica napus* II: heterosis. *Theor Appl Genet* 124(6): 1017-1026.
- Grant, I., Beversdorf, W.D. 1985. Heterosis and combining ability estimates in spring-planted oilseed rape (*Brassica napus* L.). *Can. J. Genet. Cytol.*, 27: 472-478.
- Heffner, E.L., Sorrells, M.E., Jannik, J.L. 2009. Genomic selection for crop improvement. *Crop Sci.* 49: 1-12.
- Iniguez-Luy, F.L., Federico, M.L. 2011. The genetics of *Brassica napus*. In: *Genetics and genomics of the Brassicaceae, plant genetics and genomics: Crops and Models* (eds.) R. Schmidt, I. Bancroft. Springer Science+Business Media, LLC2011. DOI 10.1007/978-1-4419-7118-0_10: 291-312.
- Jones, C.J., Edwards, K.J., Castaglione, S., Winfield, M.O., Sala, F., van de Wiel, C., Bredemeijer, G., Vosman, B., Matthes, M., Daly, A., Brettschneider, R., Bettini, P., Buiatti, M., Maestri, E., Malcevski, A., Marmiroli, N., Aert, R., Volckaert, G., Rueda, J., Linacero, R., Vazquez, A.

- and Karp, A. 1997. Reproducibility testing of RAPD, AFLP and SSR markers in plants by a network of European laboratories. *Molecular Breeding* 3: 381-390
- Krystkowiak, K., Adamski, T., Surma, M., Kaczmarek, Z. 2009. Relationship between phenotypic and genetic diversity of parental genotypes and the specific combining ability and heterosis effects in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica* 165(3): 419-434.
- Krzymański, J. 2009. Skład chemiczny oleju rzepakowego na tle innych olejów roślinnych. W: Olej rzepakowy – nowy surowiec, nowa prawda. Teraz rzepak Teraz olej. Krzymański J. (red). Polskie Stowarzyszenie Producentów Oleju, Warszawa, II: 47-56.
- Lambooy, W.F. 1994. Computing genetic similarity coefficients from RAPD data: the effects of PCR artifacts; *PCR Methods and Applications*, 4: 31-37.
- Lefort-Buson, M., Hebert, Y., Damerval, C. 1988. Les outils d'évaluation de la diversité génétique et phénotypique. *Agronomie*, 8 (3): 173-178.
- Liersch, A., Bartkowiak-Broda, I., Krótka, K., Woś H. 2012. The usefulness of AFLP markers for determining genetic distance in oilseed rape (*Brassica napus* L.) breeding materials. 6th International Symposium on Brassica and 18th Crucifer Genetics Workshop "Exploitation of Brassica Diversity for Improving Agriculture Chains" Catania, Italy, 12-16 November 2012. Symposium Book: 134
- Liersch, A., Popławska, W., Bartkowiak-Broda, I., Nowakowska, J., Krótka, K., Ogrodowczyk, M., Woś, H. 2011. Investigation of the relationship of genetic and phenotypic distance of parental lines of F₁ hybrids with yielding ability and heterosis. 13th International Rapeseed Congress, Proceedings: 758-760, 765-766/www.irc2011.org.
- Lombard, V., Delourme, R. 2001. A consensus linkage map for rapeseed (*Brassica napus* L.): construction and integration of three individual maps from DH populations. *Theoretical and Applied Genetics* 103: 491-507
- Matthäus, B., Haase, N., Unbehend, G. 2011. Impact of HOLL rapeseed oil during frying on product quality during storage. Proc. 13th Int. Rapeseed Congress, Proceedings: 528-531/www.irc2011.org.
- Mikołajczyk, K. 2013. Markery genetyczne w programach hodowli rzepaku. Genetic markers in oilseed rape breeding programs. *Monografie i Rozprawy Naukowe IHAR-PIB*, 40: 7-119.
- Mohammadi, S.A., Prasanna, B.M. 2003. Analysis of genetic diversity in crop plants-salient statistical tools and considerations. *Crop Sci.*, 43: 1235-1248.
- Nei, M., Li, W. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 76: 5256-5273.
- Reif, J.C., Melchinger, A.E., Xia, X.C., Warburton, M.L., Hoisington, D.A., Vasal, S.K., Beck, D., Bohn, M., Frish, M. 2003. Use of SSRs for establishing heterotic groups in subtropical maize. *Theor Appl Genet* 107(5): 947-957.
- Spasibionek, S. 2013. Badania genetyczno-hodowlane mutantów rzepaku ozimego (*BRASSICA NAPUS* L.) o zmienionym składzie kwasów tłuszczowych. Genetic and breeding of winter oilseed rape mutants (*BRASSICA NAPUS* L.) with changed fatty acid composition. *Monografie i Rozprawy Naukowe IHAR-PIB*, 47: 7-106.

- Szała, L., Sosnowska, K., Popławska, W., Liersch, A., Olejnik, A., Kozłowska, K., Bocianowski, J., Cegielska-Taras, T. 2016. Development of new restorer lines for CMS *ogura* system with the use of resynthesized oilseed rape (*Brassica napus* L.). *Breeding Science* **66**(4): 516-521, DOI: 10270/jsbbs.15042.
- Święcicki, W.K., Surma, M., Koziara, W., Skrzypczak, G., Szukała, J., Bartkowiak-Broda, I., Zimny, J., Banaszak, Z., Marciniak, K. 2011. Nowoczesne technologie w produkcji roślinnej – przyjazne dla człowieka i środowiska. *Polish Journal of Agronomy*, **7**: 102-112.
- Tommasini, L., Batley, J., Arnold, G.M., Cooke, R.J., Donini, P., Lee, D., Law, J.R., Lowe, C., Moule, C., Trick, M., Edwards, K.J. 2003. The development of multiplex simple sequence repeat (SSR) markers to complement distinctness, uniformity and stability testing of rape (*Brassica napus* L.) varieties. *Theor. Appl. Genet.*, **106**: 1091-1101.
- Wittkop, B., Snowdon, R.J., Friedt, W. 2009. Status and perspectives of breeding for enhanced yield and quality of oilseed crops for Europe. *Euphytica*, **170**: 131-140.
- Yu, C.Y., Hu, S.W., Zhao, H.X., Guo, A.G., Sun, G.L. 2005. Genetic distance revealed by morphological characters, isozymes, proteins and RAPD markers and their relationships with hybrid performance in oilseed rape (*Brassica napus* L.). *Theor. Appl. Genet.*, **110**: 511-518.

5. Omówienie pozostałej tematyki badawczej, główne kierunki i ważniejsze wyniki

W 1984 roku ukończyłam studia na Wydziale Rolniczym Akademii Rolniczej im. Augusta Cieszkowskiego (obecnie Uniwersytet Przyrodniczy). Pracę magisterską pt. „Ocena skuteczności nowych fungicydów w zwalczaniu chorób jęczmienia” wykonałam pod kierunkiem dr B. Gołębnik i obroniłam w Katedrze Fitopatologii w 1984 roku. W lipcu 1984 roku podjęłam pracę na stanowisku stażysty w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Oddziale Poznańsko-Gorzowskim (dzisiaj Oddział IHAR-PIB w Poznaniu) w zespole prof. dr hab. Jana Krzymańskiego. W latach 1985 – 86 odbyłam staż w Pracowni Odporności Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu kierowanej przez doc. dr hab. Irenę Frencel. Brałam udział w badaniach nad porażeniem rzepaku przez główne patogeny grzybowe: sucha zgnilizna kapustnych (*Phoma lingam*), zgnilizna twardzikowa (*Sclerotinia sclerotiorum*) oraz czerń krzyżowych (*Alternaria brassicae*). Jednym z głównych nurtów tych badań były prace nad metodyką oceny odporności rzepaku na suchą zgniliznę kapustnych przy zastosowaniu inokulacji zawiesiną zarodników w warunkach kontrolowanych. Swoją wiedzę w zakresie chorób roślin kapustnych poszerzałam na 9-miesięcznym stażu naukowym (1986 - 1987) w l’Institut Nationale de la Recherche Agronomique (INRA), Station de Pathologie Végétale et de la Malherbologie, w Le Rheu, Francja. Wyniki badań nad odpornością

rzepaku przedstawiono w pracach (Frencel i in. 1986; 1987a; 1987b, Załącznik 4, II D: 1.1; 2.1; 2.2).

Po przerwie w pracy spowodowanej urlopem wychowawczym w 1992 roku rozpoczęłam nowy rozdział mojej pracy w Pracowni Heterozji Oddział IHAR w Poznaniu kierowanej przez prof. dr hab. Iwonę Bartkowiak - Broda, początkowo na stanowisku specjalisty, a od kwietnia 1994 na stanowisku asystenta. Początkowo uczestniczyłam w badaniach związanych z różnymi systemami kontrolowania zapylenia krzyżowego u rzepaku takimi jak genowo-cytoplazmatyczna męska niepłodność typu: CMS *polima*, CMS *ogura*, *Schaan 2A* oraz samoniezgodność sporofitowa (Liersch i Górka 1994, Załącznik 4, II D: 1.3). Badania te miały na celu wybór najefektywniejszego systemu kontrolującego zapylenie krzyżowe u rzepaku dla hodowli odmian mieszańcowych. W latach 1993 - 1995 uczestniczyłam w realizacji projektu badawczego KBN-PB-5S 301 04304 pt. „Badania nad genowo-cytoplazmatyczną męską niepłodnością typu CMS *polima* u rzepaku ozimego (*Brassica napus* L. var. *oleifera*)”. Wyniki badań zostały opublikowane w pracach naukowych oraz zaprezentowane na 9 Międzynarodowym Kongresie Rzepakowym (Bartkowiak - Broda i in. 1995; 1996, Załącznik 4, II D: 2.6; 1.4).

Najlepszym dostępnym systemem CMS okazała się CMS *ogura* ze względu na stabilność ekspresji męskiej sterility niezależnej od warunków środowiskowych, ale wówczas brak było linii restorerów o wymaganej jakości dla odmian rzepaku podwójnie ulepszonych typu canola. Z tego względu prowadziłam badania nad możliwością uprawy w warunkach agroklimatycznych Polski odmian mieszańcowych złożonych, tj. składających się z nasion niezrestorowanego pokolenia mieszańcowego F1 oraz nasion odmiany/linii zapyłającej. Przesłanką do podjęcia tego typu prac były pierwsze dobrze plonujące i zarejestrowane we Francji odmiany mieszańcowe złożone: Synergy i Coctail. Badania dotyczyły doboru niezbędnej ilości zapylacza do niezrestorowanych mieszańców F1 oraz udziału zapylacza w odmianie dla uzyskania dobrego plonu. Okazało się, że najkorzystniejszy skład odmiany to jest 70% nasion mieszańca F1 i 30% nasion odmiany/linii zapyłającej. Wyniki tych badań zostały wykorzystane w Spółce HR Strzelce w tworzeniu odmian mieszańcowych złożonych, które były kamieniem milowym w rozwoju hodowli i uprawy odmian mieszańcowych rzepaku w Polsce (Liersch i in. 2000, Załącznik 4, II D: 1.8). Jestem współautorem trzech odmian mieszańcowych złożonych rzepaku ozimego zgłoszonych do badań COBORU: POH 495 (Jowisz), POH 595 (Wenus) i POH 695 (Uran). Odmiany te ostatecznie nie zostały zarejestrowane w COBORU ale

następne cztery odmiany mieszańcowe złożone, które były utworzone w oparciu o wykonane przeze mnie badania zostały zarejestrowane: Mazur, Kaszub, Pomorzanin i Lubusz (Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o.o. – Grupa IHAR). Odmiany te dobrze plonowały, były znaczącym krokiem we wdrażaniu odmian mieszańcowych do uprawy w Polsce i z powodzeniem były uprawiane przez wiele lat, zanim pojawiły się mieszańce zrestorowane. Odmiana Kaszub była nagrodzona medalem Polagra w roku 2002 (Nagroda MRiRW). W kolejnych latach kontynuowałam badania nad efektem heterozji u rzepaku, a wyniki badań przedstawiłam w publikacjach (Liersch i in. 1996; Liersch i in. 2000; Ogrodowczyk i in. 2000, Załącznik 4, II D: 1.6; 1.8; 1.9). Jednocześnie swoje kwalifikacje naukowe z zakresu markerów biochemicznych i molekularnych podnosiłam na 1,5 miesięcznym stażu w l'Institut Nationale de la Recherche Agronomique (INRA, Francja), Station d'Amélioration des Plantes, Le Rheu i XI Szkole Letniej „Postępy Biologii Molekularnej” w Poznaniu.

W latach 2003-2005 byłam wykonawcą projektu badawczego promotorskiego KBN 3 P06A 027 25 pt. „Wpływ zmienności genetycznej na efekt heterozji u rzepaku ozimego (*Brassica napus* L. var. *oleifera*)”. Wyniki badań były podstawą do przygotowania mojej rozprawy doktorskiej, którą obroniłam 24 kwietnia 2006 roku. Promotorem tej pracy była prof. dr hab. Iwona Bartkowiak - Broda, a recenzentami prof. dr hab. Teresa Cegielska - Taras oraz prof. dr hab. Jan Sadowski. W pracy wykazałam, że dystans genetyczny linii rodzicielskich mieszańców uzyskany na podstawie markerów AFLP oraz łącznie markerów izoenzymatycznych i molekularnych był dodatnio skorelowany z plonem nasion mieszańców F1 i była to zależność liniowa. Ponadto uzyskane wyniki wskazują na możliwość selekcji na podstawie dystansu genetycznego kombinacji mieszańcowych F1 zapewniających wysoki plon nasion rzepaku. Ze względu na konieczność zapewnienia szybkiego postępu biologicznego w hodowli odmian mieszańcowych F1 kontynuowałam prace nad metodyką hodowli tego typu odmian w oparciu o zmienność fenotypową i genetyczną. Wyniki badań potwierdziły zasadność takiego podejścia w hodowli odmian mieszańcowych (Bocianowski i in. 2010; Liersch i in. 2010, Załącznik 4, II D: 4.6; 4.7; plakaty na konferencjach krajowych oraz 12 i 13 Międzynarodowym Kongresie Rzepakowym) i dlatego są kontynuowane.

Badanie materiałów wyjściowych do hodowli odmian mieszańcowych CMS *ogura* za pomocą markerów molekularnych typu RAPD i AFLP i poszukiwanie ich związku z różnymi cechami gospodarczymi rzepaku kontynuuję w kolejnych projektach

finansowanych przez MRiRW: „Określenie dystansu genetycznego oraz badanie materiałów wyjściowych roślinnych rzepaku ozimego na obecność sterylnej cytoplazmy typu *ogura* przy pomocy markera PCR-SCAR” (lata 2003 - 2007); „Opracowanie markerów molekularnych sprzężonych z ważnymi cechami użytkowymi roślin oleistych oraz badanie zmienności genetycznej różnych populacji za pomocą markerów molekularnych” (lata 2008 - 2013) i obecnie realizowanym zadaniu nr 48 „Badanie genomu rzepaku ozimego przy wykorzystaniu markerów molekularnych” (zaplanowane na lata 2014 - 2020) w ramach badań podstawowych na rzecz „Postępu Biologicznego w Produkcji Roślinnej” w latach 2014 - 2020. Wyniki badań są systematycznie przekazywane hodowcom, znajdują praktyczne zastosowanie do tworzenia odrębnych pul genetycznych i ułatwiają dobór komponentów do tworzenia odmian populacyjnych i mieszańcowych rzepaku. Zespół, którego jestem członkiem, realizujący te prace został wyróżniony nagrodą zespołową – Nagroda Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi - DONon.wrk-079-39/12 (2827) z dnia 9 listopada 2012 za osiągnięcia w zakresie postępu w rolnictwie, rozwoju wsi, rynkach rolnych i rybołówstwie za „Opracowanie metody hodowli odmian mieszańcowych zrestorowanych rzepaku ozimego wspomaganej markerami molekularnymi i wdrożenie do praktycznej hodowli”.

Innym nurtem realizowanych przeze mnie badań jest problem koegzystencji odmian rzepaku GM i nie GM oraz różniących się cechami jakościowymi. W latach 2004 - 2007 brałam udział w badaniach realizowanych w ramach 6 Programu ramowego UE SSPE-CT-2004-501986 „Sustainable introduction of GM crops into European Agriculture”, zadanie WP2 „Gen flow and ecological field studies”, którego celem było opracowanie metod monitorowania przepływu genów w czasie i przestrzeni poprzez pyłek i nasiona: kukurydzy, rzepaku, buraków oraz w mniejszym stopniu pszenicy i ryżu w różnych warunkach rolnictwa europejskiego, przewidywanie efektów tego zjawiska w gospodarstwie i regionie. W ramach realizacji projektu współuczestniczyłam w doświadczeniach mających na celu oszacowanie przepływu genów między różnymi formami uprawnymi rzepaku poprzez pyłek i nasiona, badanie obecności samosiewów oraz „dzikich” form rzepaku i ich pochodzenia na plantacjach rzepaku położonych w województwach pomorskim, zachodniopomorskim i warmińsko - mazurskim oraz badaniu potomstwa „zdziczałych” form rzepaku. Otrzymane w ramach projektu SIGMEA wyniki skłoniły do pogłębienia problematyki poprzez uczestnictwo w projekcie badawczym zamawianym PBZ-MNiSW-06/1/2007 „Środowiskowe i ekonomiczne aspekty

dopuszczenia upraw roślin genetycznie zmodyfikowanych w Polsce” realizowanym w latach 2008 - 2011, a obecnie w ramach zadania Programu Wieloletniego IHAR-PIB „Tworzenie naukowych podstaw postępu biologicznego i ochrona roślinnych zasobów genowych źródłem innowacji i wsparcia zrównoważonego rolnictwa oraz bezpieczeństwa żywnościowego kraju” – MF/FGI/0002940/2015, Dec. Min. Fin. z dnia 31.08.2015 r. finansowanego przez MRiRW w dwóch zadaniach: 4.2 „Wypracowanie zasad ustanawiania progów (thresholds) w produkcji materiału siewnego”; 4.3 „Oszacowanie możliwości koegzystencji upraw różnych typów odmian rzepaku ozimego w warunkach agroklimatycznych Polski”. Badania te mają znaczenie nie tylko dla określenia zasad koegzystencji odmian GM (gdyby takie zostały wprowadzone do uprawy) i nie GM ale także dla koegzystencji odmian o różnych cechach jakościowych. Ponadto badania te umożliwiają selekcję odmian wykazujących krótki okres wtórnego stanu spoczynku nasion. Dotąd w prowadzonych badaniach stwierdzono, że największe zagrożenie dla koegzystencji różnego typu odmian jest glebowy bank nasion, do którego dostają się osypujące nasiona rzepaku, charakteryzujące się długim, wieloletnim okresem wtórnego stanu spoczynku i są źródłem samosiewów. W Pracowni Heterozji IHAR-PIB wdrożyłam laboratoryjną metodę oceny wtórnego stanu spoczynku nasion rzepaku w celu selekcji genotypów charakteryzujących się niską zdolnością do przechodzenia we wtórny stan spoczynku. Rezultaty dotychczasowych badań o możliwości koegzystencji upraw rzepaku GM i nie GM przedstawiłam w publikacjach Bartkowiak - Broda i in. 2008; Liersch i in. 2008 oraz Liersch i in. 2013 (Załącznik 4, II D: 4.2; 4.4; 6.3).

Współpracuję z Katedrą Metod Matematycznych i Statystycznych Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu oraz Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu, gdzie pracujemy nad zastosowaniem metod matematycznych i statystycznych w hodowli zwłaszcza odmian mieszańcowych, ocenie plonu, składników plonu i cech fenotypowych w wielopowtórzeniowych doświadczeniach polowych. Metody te umożliwiają interpretację wyników po przeprowadzonej wielozmiennej analizie wariancji, ocenę zależności plonowania od wybranych cech fenotypowych przy zastosowaniu regresji wielokrotnej, jak również wizualizację wyników eksperymentalnych jako metody interpretacji zależności pomiędzy badanymi cechami i obiektami (Bocianowski i in. 2009; Bocianowski i in. 2013; Nowosad i in. 2016, Załącznik 4, II D: 4.5; 4.10; II A: 2). Opracowanie optymalnej metodyki selekcji komponentów do tworzenia odmian populacyjnych i mieszańcowych

oraz tworzenie pul genetycznych na potrzeby hodowli są głównymi zagadnieniami tematu badawczego, którego jestem kierownikiem od 2007 roku.

Kolejnym istotnym zagadnieniem są analizy asocjacyjne „marker – cecha ilościowa”, które zostały przeprowadzone dla takich cech jak zawartość glukozyolanów, tłuszczu i składu kwasów tłuszczowych oraz terminu kwitnienia rzepaku ozimego w oparciu o markery izoenzymatyczne, RAPD i AFLP (Liersch i in. 2009; Liersch i in. 2012; Bocianowski i in. 2014, Załącznik 4, II D: 6.1; 4.9; I B: H5). Badania te są kontynuowane obecnie w ramach zadania nr 48 w „Postępie Biologicznym w Produkcji Roślinnej” - „Badanie genomu rzepaku ozimego przy wykorzystaniu markerów molekularnych”.

Współpracuję także z Pracownią Kultur Tkankowych IHAR-PIB nad poszerzeniem zmienności w obrębie *Brassica napus*. Wykonuję za pomocą markerów molekularnych badania nad odrębnością resyntetycznych i semi-resyntetycznych form rzepaku od uprawianych odmian podwójnie ulepszonych (typ canola). Dotychczasowe wyniki wykazały znaczną odrębność genetyczną tych genotypów, co wskazuje na możliwość ich wykorzystania w przyszłości w hodowli odmian mieszańcowych F1 rzepaku (Szała i in. 2016, Załącznik 4, II A: 3). Zagadnienia obejmujące prace nad poszerzeniem zmienności w obrębie *Brassica* mieszczą się w głównym nurcie badań realizowanych w wielu ośrodkach badawczych w Europie i na świecie.

Mój dorobek publikacyjny obejmuje 37 oryginalnych prac twórczych, 5 rozdziałów w monografiach (w tym w 16 jestem pierwszym autorem), 1 pracy popularnonaukowej, 12 publikacji w materiałach konferencyjnych i 77 streszczeń. Byłam wykonawcą i współwykonawcą w 5 projektach badawczych, wykonawcą tematu w Postępie Biologicznym w Produkcji Roślinnej. Wykonałam 6 recenzji dla czasopism naukowych.

6. Zestawienie najważniejszych osiągnięć naukowych

6.1. Zestawienie dorobku publikacyjnego przed i po uzyskaniu stopnia doktora

Rodzaj publikacji	Przed uzyskaniem stopnia doktora	Po uzyskaniu stopnia doktora	Ogółem
Oryginalne prace twórcze			
Czasopisma z impact factor (IF)	-	6	6
Czasopisma w języku angielskim	3	2	5
Czasopisma w języku polskim	14	12	26
Monografie/rozdział w monografii			
Opublikowane w języku angielskim	-	4	4
Opublikowane w języku polskim	1	-	1
Pozostałe publikacje naukowe			
Prace popularnonaukowe w języku polskim	-	1	1
Prace konferencyjne opublikowane w języku angielskim	5	3	8
Prace konferencyjne opublikowane w języku polskim	4	-	4
Doniesienia konferencyjne			
Streszczenia opublikowane w języku angielskim	5	21	26
Streszczenia opublikowane w języku polskim	29	22	51
Prezentowane plakaty w języku angielskim	9	18	27
Prezentowane plakaty w języku polskim	32	14	46

6.2. Zestawienie publikacji oryginalnych z podziałem ze względu na miejsce habilitanta wśród współautorów (łącznie z artykułami zaprezentowanymi w osiągnięciu)

Rodzaj publikacji	Pierwszy autor	Drugi autor	Trzeci lub dalszy autor	Łącznie
Oryginalne prace twórcze	13	14	10	37
Prace badawcze w wydawnictwach konferencyjnych.	2	3	7	12
Rozdziały w monografiach	3	1	1	5

Streszczenia w materiałach konferencyjnych	22	26	29	77
Łącznie	40	44	47	131

6.3. Zestawienie czasopism, w których opublikowano oryginalne prace twórcze przed i po uzyskaniu stopnia doktora (pkt. wg listy MNiSW z dnia 23.12.2015) (łącznie z artykułami zaprezentowanymi w osiągnięciu)

Czasopismo (układ alfabetyczny)	Przed uzyskaniem stopnia doktora			Po uzyskaniu stopnia doktora			Łączna suma pkt. MNiSW ²
	N	Suma IF ₂₀₁₅	MNiSW ² pkt.	N	Suma IF ¹	MNiSW ² pkt.	
ACTA BIOLOGICA CRACOVIENSIA <i>Series Botanica</i>	-	-	-	1	0,662	20	20
Biotechnologia	1	-	13	-	-	-	13
Biuletyn IHAR	2	-	12	3	-	18	30
Breeding Science	-	-	-	1	2,125	30	30
Bulgarian Journal of Agricultural Science ³	-	-	-	1	-	10	10
Bulletin GCIRC	3	-	-	-	-	-	-
Crop Science	-	-	-	1	1,575	30	30
Communications in Biometry and Crop Science	-	-	-	1	-	13	13
Euphytica	-	-	-	2	3,172	60	60
Molecular Breeding	-	-	-	1	2,852	35	35
Monografie IGR PAN	1	-	-	1	-	-	-
Postępy Nauk Rolniczych	1	-	13	-	-	-	13
Rośliny Oleiste (RO)- Oilseed Crops	9	-	63	9	-	63	126

Theorie in der Ökologie	-	-	-	3	-	-	-
Zeszyty Problemowe IHAR (RO)	1	-	7	-	-	-	7
Łącznie	18	-	108	24	10,386	279	387

N liczba prac w danym czasopiśmie

¹ IF zgodnie z rokiem publikacji. W przypadku publikacji z roku 2016, dla których IF nie został obliczony podano ostatni aktualny IF_{2014/2015}

² Zgodnie z punktacją MNiSW z 23.12.2015 roku

³ W punktacji uwzględniono 1 artykuł zgodnie z punktacją MNiSW z 2014 roku.

6.4. Podsumowanie najważniejszych osiągnięć naukowych:

- Sumaryczny wskaźnik Impact Factor (IF) zgodnie z rokiem publikacji: 10,386
- Sumaryczna liczba punktów wg MNiSW: 387^{2,3} (108 +279)
- Sumaryczna liczba cytowań wg Web of Science (stan na dzień 02.11.2016) : 18 (bez samocytowań: 12)
- Indeks Hirscha (h-indeks) wg Web of Science: 3
- Sumaryczna liczba cytowań wg Google Scholar po uzyskaniu stopnia doktora (na dzień 02.11.2016): 77
- Indeks Hirscha (h-indeks) wg Google Scholar: 4

6.5. Pozostałe osiągnięcia naukowe:

- **Prace przygotowywane do druku:**
 - Nowosad, K., Liersch, A., Popławska, W., Bocianowski, J. Genotype by environment interaction for oil content in winter oilseed rape (*Brassica napus* L.) using additive main effects and multiplicative interaction model. Złożona 08.2016, Crop Breeding and Applied Biotechnology.
 - Liersch, A., Bocianowski, J., Popławska, W., Bartkowiak Broda, I. Chemical and molecular characteristics of winter oilseed rape (*Brassica napus* L.) volunteers from the soil seeds bank. Złożona w listopadzie 2016 roku, Rośliny Oleiste
 - Bocianowski, J., Liersch, A., Nowosad, K., Bartkowiak-Broda, I. Variability of the agronomic characters in different types of cultivars winter oilseed rape (*Brassica napus* L.). Złożona 30.06.2016, Euphytica

- **Uczestnictwo w konferencjach naukowych [Załącznik 4]**
 - uczestnik 47 konferencji naukowych, seminariów w tym 14 międzynarodowych,
 - liczba wygłoszonych referatów: 18; współautorstwo w 15,
 - liczba pozostałych komunikatów prezentowanych na międzynarodowych i krajowych konferencjach naukowych i seminariach: 73,
 - całkowita liczba doniesień konferencyjnych (streszczenia) w latach 1993 – październik 2016 – 77 (w tym 27 w języku angielskim).
- **Recenzje [Załącznik 4]**
 - 6 recenzji artykułów w czasopismach naukowych - (2014 - 2015): Communications in Biometry and Crop Science (3), Euphytica; (2016): Sugar Tech, Plant Genetic Resources.
- **Informacje o uczestnictwie w projektach badawczych [Załącznik 4]**
 - uczestnik 4 krajowych, 1 międzynarodowego projektu badawczego, 3 projektów finansowanych przez MRiRW (Materiały Wyjściowe 2003 - 2007; Postęp Biologiczny w Produkcji Roślinnej 2008-2013, zadanie nr 57 i 2014 - 2020 zadanie nr 48), Program Wieloletni na lata 2015-2020 finansowany przez MRiRW, PW3-4-00-0-03 IHAR-PIB, oraz umowy dotyczące badań z ZT „Kruszwica”/2007 i HR Strzelce nr 1/2014 „Określenie dystansu genetycznego linii rzepaku” i 1/2015 „Określenie dystansu genetycznego 50 linii rzepaku ozimego”, kierownik tematu w ramach DS IHAR-PIB (1-2-01-1-01).
- **Informacje o współpracy z instytucjami, organizacjami i towarzystwami naukowymi [Załącznik 4]**
 - odbyłam 2 staże za granicą (INRA Le Rheu, Francja, 9 miesięcy i 1,5 miesiąca), staż w latach 1985-1986 w Pracowni Odporności (IGR PAN Poznań),
 - uczestniczyłam w kursach i warsztatach (6),
 - współpracuję z ośrodkami naukowymi i Spółkami Hodowli Roślin : PHR, HR Strzelce, HR Smolice, Uniwersytet Przyrodniczy Poznań, Wrocław.
- **Informacje o działalności popularyzującej naukę [Załącznik 4]**
 - artykuł popularnonaukowy (1),

- spotkanie dzieci przedszkolnych z roślinami oleistymi.
- **Informacje o działalności organizatorskiej [Załącznik 4]**
 - współorganizator konferencji (1), 18.11.2000, I Krajowa Konferencja Naukowa „Heterozja i jej wykorzystanie w hodowli roślin uprawnych”,
 - szkolenia (1), 23-24.04.2007, „Podwojone haploidy oraz selekcja molekularna wsparciem konwencjonalnej hodowli na przykładzie rzepaku”.
- **Informacja o działalności dydaktycznej [Załącznik 4]**
 - prowadziłam wykłady i ćwiczenia w ramach studenckich praktyk w latach 2007-2014 ćwiczenia dla pracowników spółek hodowlanych
 - opieka naukowa nad magistrantami 1997, 1998 (opieka merytoryczna analizy izoenzymatyczne):
 - a. 1997 r., Edyta Adamczewska, opieka merytoryczna (analizy izoenzymatyczne) nad magistrantem 8/9 semestr AR w Poznaniu realizującym w IHAR Poznań część badawczą pracy „Wykorzystanie markerów izoenzymatycznych w badaniach nad genowo-cytoplazmatyczną męską niepłodnością u rzepaku ozimego (*Brassica napus* L. var. *oleifera*)”,
 - b. 1998 r., Arkadiusz Polus, opieka merytoryczna (analizy izoenzymatyczne) nad magistrantem 8/9 semestr AR w Poznaniu realizującym w IHAR Poznań część badawczą pracy „Analiza izoenzymatyczna polimorfizmu polskich odmian rzepaku ozimego (*Brassica napus* L. var. *oleifera*)”.
- **Nagrody i wyróżnienia [Załącznik 4]**
 - Nagroda zespołowa MRiRW, DONon.wrk-079-39/12 (2827) z dnia 9 listopada 2012 za osiągnięcia w zakresie postępu w rolnictwie, rozwoju wsi, rynkach rolnych i rybołówstwie za „Opracowanie metody hodowli odmian mieszańcowych zrestorowanych rzepaku ozimego wspomaganą markerami molekularnymi i wdrożenie do praktycznej hodowli”,
 - „Zasłużony dla rolnictwa” – 01.02.2010 r., legitymacja nr 38950.
- **Inne [Załącznik 4]**
 - współtwórca trzech odmian mieszańcowych złożonych, zgłoszonych do badań COBORU (POH 495, POH 595, POH 695)