

Olsztyn, 22.11.2021 r.

dr hab. inż. Elżbieta Suchowilska, prof. UWM
Nauki rolnicze: Rolnictwo i Ogrodnictwo
Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Inżynierii Biosurowców
Wydział Rolnictwa i Leśnictwa
Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

Recenzja osiągnięcia naukowego pt.:

**„Badania czynników genetycznych warunkujących gromadzenie się węglowodanów
w bulwach i liściach ziemniaka”.**

- cykl 4 publikacji

oraz dorobku naukowego

dr Doroty Sołtys-Kalina

*z Zakładu Genetyki i Materiałów Wyjściowych Ziemniaka,
Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy*

**ubiegającej się o nadanie stopnia doktora habilitowanego
w dziedzinie nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo**

wykonana na zlecenie Dyrektora

Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin,
Państwowego Instytutu Badawczego w Radzikowie

1. Najważniejsze fakty z życiorysu zawodowego Kandydatki

Dr Dorota Sołtys-Kalina ukończyła studia licencjackie w 2006 roku w Szkole Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, na Wydziale Rolnictwa i Biologii, na kierunku-Biologia. Pracę licencjacką pt.: „Mechanizmy odporności roślin na patogeny i szkodniki” wykonała pod kierunkiem dr Małgorzaty Rochalskiej. W latach 2006-2008 kontynuowała naukę na studiach magisterskich na tym samym kierunku i ukończyła je z wyróżnieniem. Temat pracy magisterskiej realizowanej w Katedrze Fizjologii Roślin SGGW pod kierunkiem promotora prof. dr hab. Renaty Bogatek-Leszczyńskiej, brzmiał.: „Allelopatyczny wpływ cyjanamidu na kiełkowanie i wzrost pomidora (*Lycopersicon esculentum* Mill.) i gorczyca białej (*Sinapis alba* L.)”. W roku 2008 uzyskała tytuł magistra biologii w specjalności biologia roślin. W latach 2008-2011 uczęszczała na studia doktoranckie na Wydziale Rolnictwa i Biologii SGGW w Warszawie, jednocześnie będąc zatrudniona na etacie asystenta w Katedrze Fizjologii Roślin tejże uczelni. W roku 2009 wzięła udział w szkole letniej dla doktorantów w Danii, organizowanej przez

Uniwersytet Kopenhaski i Uniwersytet w Aarhus, z zakresu analizy związków bioaktywnych produkowanych przez rośliny i mikroorganizmy. W roku 2010 Habilitantka ukończyła Podyplomowe Studia Przygotowania Pedagogicznego Nauczycieli. W roku 2011 uzyskała stopień doktora nauk rolniczych w zakresie agronomii na podstawie rozprawy doktorskiej pt. "Mechanizm fitotoksycznego oddziaływania cyjanamidu na wzrost korzeni siewek pomidora (*Lycopersicon esculentum* L.) i kukurydzy (*Zea mays* L.)." W roku 2012 została zatrudniona początkowo jako stażysta w Pracowni Biotechnologii, następnie jako inżynier i adiunkt a od roku 2020 pełni funkcję Kierownika Pracowni Biotechnologii, Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin-PIB, Oddział w Młochowie.

Przedłożona przez Habilitantkę do oceny dokumentacja jest bardzo starannie i poprawnie przygotowana. Zawiera wszystkie niezbędne załączniki, co umożliwia dokonanie rzetelnej i wnikliwej oceny wszystkich dotychczasowych Jej osiągnięć.

2. Ocena osiągnięcia naukowego wymienionego w ustawie z 20 lipca 2018 r. w art. 219 ust. 1 pkt 2 i 3, Dz.U. 2018, poz. 1668 ze zm.

Jako osiągnięcie naukowe w świetle Ustawy, Habilitantka przedkłada cykl czterech oryginalnych prac twórczych zatytułowany „**Badania czynników genetycznych warunkujących gromadzenie się węglowodanów w bulwach i liściach ziemniaka**”.

1. Śliwka J^{1.}, **Sołtys-Kalina D^{1.}**, Szajko K., Wasilewicz-Flis I., Strzelczyk-Żyła D., Zimnoch-Guzowska E., Jakuczun H., Marczewski W. 2016. Mapping of quantitative trait loci for tuber starch and leaf sucrose contents in diploid potato. *Theoretical and Applied Genetics*. 129:131–140. IF_{2016-4,132}; punkty MNiSW-45.
2. **Sołtys-Kalina D.***, Szajko K., Stefańczyk E., Smyda-Dajmund P., Śliwka J., Marczewski W. 2020. eQTL mapping of the 12S globulin cruciferin gene PGCRURSE5 as a novel candidate associated with starch content in potato tubers. *Scientific Reports*. 10:17168. IF_{2019-3,998}; punkty MNiSW-140.
3. **Sołtys-Kalina D.***, Szajko K., Wasilewicz-Flis I., Mańkowski D., Marczewski W., Śliwka J. 2020. Quantitative trait loci for starch-corrected chip color after harvest, cold storage and after reconditioning mapped in diploid potato. *Molecular Genetics and Genomics*. 295:209–219. IF_{2019-2,797}; punkty MNiSW-100.
4. **Sołtys-Kalina D.***, Szajko K., Sierocka I., Śliwka J., Strzelczyk-Żyła D., Wasilewicz-Flis I., Jakuczun H., Szweykowska-Kulińska Z., Marczewski W. 2015. Novel candidate genes *AuxRP* and *Hsp90* influence the chip color of potato tubers. *Molecular Breeding*. 35:224. IF_{2015-2,108}; punkty MNiSW-35.

* autor korespondujący, ¹ D. Sołtys-Kalina oraz J. Śliwka miały równy udział w powstaniu publikacji

Po drobnej korekcie, wynikającej z podania przez Habilitantkę wartości współczynnika *impact factor* z roku 2019 a nie z roku 2020 (czyli z roku opublikowania) **sumaryczny IF dla czterech prac wynosi 13,911** a nie 13,040 a ich łączna **wartość punktowa wg MNiSW z roku opublikowania (z adekwatnej listy) jest równa 320**.

Udział własny Habilitantki w poszczególnych publikacjach wskazanych jako osiągnięcie naukowe polegał głównie na:

- ✓ zaprojektowaniu doświadczeń
- ✓ ocenie fenotypowej populacji
- ✓ analizie segregacji i wzbogaceniu mapy genetycznej w markery genów kandydujących wyłonionych na podstawie analiz transkryptomicznych
- ✓ analizie statystycznej danych
- ✓ napisaniu manuskryptu

Wszystkie prace zostały opublikowane w czasopiśmie posiadającym *impact factor* (IF od 2,108 do 4,380). Profil czasopism, w których opublikowane zostały prace składające się na osiągnięcie naukowe w świetle Ustawy, odpowiada problematyce zawartej w publikacjach Habilitantki.

Problematyka badawcza, którą prezentuje cykl publikacji wskazanych przez Habilitantkę jako osiągnięcie naukowe w świetle Ustawy, dotyczyła zbadania genetycznych uwarunkowań gromadzenia się węglowodanów w liściach i bulwach ziemniaka diploidalnego w aspekcie cech użytkowych- barwy chipsów i zawartości skrobi.

Przystępując do badań sformułowano następujące hipotezy badawcze:

- ✓ Za zawartość skrobi w bulwach odpowiedzialne są czynniki genetyczne regulujące metabolizm skrobi oraz wpływające na zawartość sacharozy i jej przepływ pomiędzy tkankami donora (liście) i akceptora fotoasymilatów (bulwy) a ich wpływ na te cechy, w poszczególnych fazach rozwoju wegetatywnego podlega zmianom [P1].
- ✓ Analiza prób zbiorczych genotypów o skrajnej ekspresji cechy i analiza genomowa stanowią kompleksowe podejście, służące do głębszej analizy funkcjonalnej genów istotnych dla zawartości skrobi w bulwach [P2].
- ✓ Czynniki genetyczne odpowiedzialne za gromadzenie się skrobi w bulwach mają również wpływ na poziom cukrów redukujących (CR) warunkujących kolor chipsów. W celu lokalizacji czynników QTL odpowiedzialnych za ten kolor konieczne jest zminimalizowanie efektu wywołanego przez czynniki genetyczne odpowiedzialne za zawartość skrobi w bulwach [P3].
- ✓ Gromadzenie się CR oraz związana z tym barwa chipsów, warunkowane są przez geny odpowiedzialne za syntezę i rozkład skrobi, ale mogą być regulowane przez geny pochodzące spoza metabolizmu głównego węglowodanów [P4].

W celu realizacji postawionych tez badawczych, Habilitantka skupiła się na:

- ✓ opracowaniu map genetycznych i QTL związanych z zawartością skrobi i cukrów redukujących w bulwach i sacharozy w liściach ziemniaka diploidalnego oraz porównaniu otrzymanych map;
- ✓ opracowaniu map ekspresyjnych QTL (eQTL) dla genów związanych z zawartością skrobi w bulwach ziemniaka diploidalnego;
- ✓ selekcji i weryfikacji istotności genów kandydujących w zmienności badanych cech.

W publikacji [P1] celem badań było opracowanie mapy genetycznej, analiza QTL zawartości: skrobi w bulwach i sacharozy w liściach oraz porównanie uzyskanych map. Na podstawie genotypowania osobników populacji techniką DArT (Diversity Arrays Technology) i przy pomocy mapowania interwałowego, Habilitantka skonstruowała pierwszą mapę DArT ziemniaka diploidalnego, którą wzbogaciła o markery genów metabolizmu i transportu węglowodanów. Docelowo mapa składała się z dwunastu grup sprzężeń o długości 1117 cM. Zawartość skrobi w bulwach badanej populacji miała rozkład normalny i cechowała się dużą zmiennością (od 11,6% do 22,2% św.m.). Zidentyfikowano osiem QTL zlokalizowanych na siedmiu chromosomach: I, II, III, VIII, X, XI i XII ziemniaka. Najistotniejszy z nich obejmował region od 42,0 do 104,6 cM chromosomu I i osiągał najwyższą wartość współczynnika determinacji cechy na 84,0 cM ($R^2 = 19,2\%$). Lokalizacja w genomie większości QTL powtarzała się w kolejnych sezonach wegetacyjnych, co wskazywało na stabilny charakter cechy.

Habilitantka jako pierwsza, wraz z zespołem, podjęła się sporządzenia mapy QTL zawartości sacharozy w liściach ziemniaka. Ze względu na zależność syntezy sacharozy od fotoperiodu, a jej dystrybucji od fazy rozwoju, zaprojektowała i przeprowadziła eksperyment polegający na ocenie fenotypowej roślin po ośmiu godzinach ciemności i ośmiu godzinach naświetlania w dwóch fazach rozwoju: przed formowaniem stolonów (W) i we wczesnych etapach tuberyzacji (T). Wykazała, że cecha ma charakter ciągły i duży zakres zmienności, w szczególności we wczesnej fazie tuberyzacji i po fazie świetlnej. Czternaście zidentyfikowanych QTL zawartości sacharozy zlokalizowano na ośmiu chromosomach: I, II, III, V, VIII, IX, X i XII, a ich liczba i położenie w genomie były różne w zależności od wieku rośliny i fazy fotoperiodu. Na chromosomie I zidentyfikowano QTL wszystkich badanych cech zawartości sacharozy, a wykryte na nim QTL były najistotniejsze dla zawartości sacharozy w fazie W po nocy ($R^2=14,3\%$) i naświetlaniu ($R^2=22,3\%$) oraz w fazie T po naświetlaniu ($R^2=15,5\%$). Dla zawartości sacharozy w fazie T po nocy najistotniejszy QTL zlokalizowano na chromosomie V ($R^2=15,8\%$). Uzyskane w [P1] wyniki pozwoliły na sformułowanie wniosków, iż istotność czynników genetycznych odpowiedzialnych za zawartość sacharozy w liściach zmienia się w zależności od fazy fotoperiodu i fazy rozwoju ziemniaka, co ma odzwierciedlenie w identyfikowanych QTL. Chromosom I jest istotny dla wszystkich cech zawartości sacharozy. W fazie W obserwuje się więcej QTL o silniejszym efekcie po naświetlaniu roślin, natomiast w fazie T, kiedy eksport sacharozy do bulw jest najwyższy, proporcje te ulegają odwróceniu. Podobna lokalizacja QTL na chromosomie I dla zawartości sacharozy i skrobi, może świadczyć o obecności loci wspólnych dla badanych cech oraz o bezpośrednim powiązaniu szlaków

metabolicznych węglowodanów w tkankach donora i akceptora.

Celem badań w publikacji **[P2]** było wykonanie analizy transkryptomowej prób zbiorczych genotypów o skrajnej zawartości skrobi w bulwach populacji mapującej opisanej w publikacji [P1], selekcja genów kandydujących na podstawie analiz poziomu transkryptu, uzyskanie map eQTL ekspresji wybranych genów oraz porównanie map QTL zawartości skrobi z [P1] i eQTL wybranych genów. W pierwszym etapie badań transkryptomu osobników populacji opisanej w [P1 i P2] wyselekcjonowano osobniki o skrajnych wartościach cechy i stworzono próby zbiorcze, analizowane w badaniach różnicowej ekspresji genów (RNA-seq). Pozwoliło to na wytypowanie jedenastu genów, dla których zbadano ekspresję we wszystkich osobnikach populacji mapującej. Uzyskane na podstawie danych poziomu transkryptu, mapy eQTL [P2] porównano następnie z mapą genetyczną zawartości skrobi, która została opisana w publikacji [P1]. Zidentyfikowano trzydzieści sześć eQTL na wszystkich dwunastu chromosomach ziemniaka. Dziewięć eQTL zmapowano w regionach istotnych dla zawartości skrobi. Dla czterech genów kandydujących eQTL obejmował locus markera genu (cis-eQTL). Pozostałe eQTL były o układzie trans-eQTL. Kolokalizacja QTL-eQTL może wskazywać na silny związek między zmiennością fenotypową a zmiennością ekspresji genu. Zidentyfikowano gen 12S globuliny krucyferyny (*PGCRURSE5*) którego marker lokował się w obrębie eQTL (LOD=12,48; R²=28,3%) i QTL zawartości skrobi (LOD=8,30; R²=18,4%) oraz stwierdzono korelację pomiędzy poziomem transkryptu *PGCRURSE5* a cechą zawartość skrobi ($r=0,238$). W ziemniaku, zarówno gen jak i białko 12S globuliny krucyferyny nie było wcześniej wskazywane jako czynnik odgrywający istotną rolę w determinacji zawartości skrobi w ziemniaku. Uzyskane wyniki mogą być podstawą do badań nad udziałem białek zapasowych kodowanych przez te geny, w determinacji zawartości skrobi. Habilitantka jako pierwsza zastosowała podejście z zakresu genomiki funkcjonalnej do badań tak genetycznie złożonej cechy jak zawartość skrobi. Uzyskane eQTL dla wyselekcjonowanych genów kandydujących cechowały się silniejszym wpływem na zawartość skrobi (maksymalna wartość LOD=34,16; R²=59,7%) niż QTL tej cechy (maksymalna wartość LOD=9,35; R²=21,2%). Ważnym wnioskiem, wynikającym z powyższych badań jest to, że zastosowanie mapowania eQTL w połączeniu z analizą prób zbiorczych zwiększa prawdopodobieństwo znalezienia alleli rzadkich oraz genów mogących pełnić raczej funkcje regulatorowe, niż genów głównego szlaku biosyntezy skrobi. Na podstawie wyników uzyskanych w [P1, P2] wykazano obecność czynników genetycznych, wspólnych dla badanych cech zawartości skrobi i sacharozy, których wpływ na daną cechę różni się w zależności od rozpatrywanego poziomu genetycznego: marker genu lub transkrypt genu. W związku z tym postawiono pytanie, czy te same czynniki genetyczne warunkujące zawartość skrobi i sacharozy, będą wpływały na zawartość glukozy i fruktozy w bulwach, odpowiedzialnych za ciemne zabarwienie chipsów otrzymanych z bulw ziemniaka?

Celem badań przedstawionych w publikacji **[P3]** było mapowanie QTL warunkujących kolor chipsów z bulw po zbiorze, chłodzeniu (przechowywaniu bulw w 8°C) i rekondycjonowaniu (przeniesieniu bulw z temperatury 8°C do 20°C) oraz mapowanie QTL warunkujących kolor chipsów, skorygowanych o efekt skrobi. Przeprowadzona analiza statystyczna fenotypów populacji, wykazała istotną korelację pomiędzy zawartością skrobi a

kolorem chipsów z bulw przechowywanych w różnych warunkach wysoki stopień odziedziczalności cech (H^2 wynosił od 67% do 82%) oraz wysoki stopień determinacji cech warunkowanych przez genotyp (R^2 wynosił od 50% do 58%). W celu zminimalizowania efektu wywołanego przez geny związane z zawartością skrobi i korelacji pomiędzy zawartością skrobi a kolorem chipsów, na lokalizację QTL barwy chipsów, dane fenotypowe zostały skorygowane o efekt zawartości skrobi na podstawie wyznaczonych współczynników regresji. Wykryte QTL zlokalizowano na dziesięciu chromosomach ziemniaka z wyłączeniem chromosomu V i VII. Chromosomy I i IV były istotne dla wszystkich badanych cech koloru chipsów, przed i po korekcji. Zastosowanie korekcji wpływu zawartości skrobi na kolor chipsów, zmieniło lokalizację QTL koloru chipsów w genomie. Niektóre QTL zostały przesunięte lub stały się nieistotne statystycznie. Pojawiły się również nowe QTL, np. QTL, który był istotny tylko dla skorygowanego koloru chipsów po zbiorze, na chromosomie XII. Porównanie QTL zawartości skrobi na chromosomie I z QTL koloru chipsów przed i po korekcji wykazało, że QTL dla koloru chipsów przed korekcją mapowały się w podobnych regionach chromosomu I co QTL zawartości skrobi. Po korekcji, większość loci stała się nieistotna statystycznie. Porównanie map przed i po korekcji jednoznacznie wskazały na silny efekt loci odpowiedzialnych za zawartość skrobi na determinację koloru chipsów. Przedstawione w [P3] badania potwierdziły poligeniczne uwarunkowanie koloru chipsów oraz zweryfikowały istotność chromosomu I w determinacji ich zmienności. Stwierdzono obecność wspólnych czynników genetycznych związanych z zawartością skrobi i CR oraz ich wzajemny wpływ na zmienność danych cech. Zastosowane podejście pozwoliło na zminimalizowanie wpływu loci odpowiedzialnych za zawartość skrobi na kolor chipsów oraz oddzielenie czynników genetycznych charakterystycznych dla tych cech.

Celem badań przedstawionych w publikacji [P4] było opracowanie mapy genetycznej i mapy QTL koloru chipsów, które wraz z analizą ekspresji genów posłużyły do selekcji i weryfikacji istotności genów kandydujących ważnych dla koloru chipsów po przechowywaniu bulw w niskiej temperaturze (cold sweetening). W publikacji [P4] przedstawiono mapę genetyczną w oparciu o markery DArT składającą się z dwunastu grup sprzężeń o łącznej długości 1000,2 cM. Opracowano również mapę QTL koloru chipsów i potwierdzono obecność QTL dla tych cech na chromosomie I i VI. QTL na chromosomie I były sprzężone z kolorem chipsów po zbiorze i rekondycjonowaniu, a na chromosomie VI ze wszystkimi badanymi cechami. Dla koloru chipsów po chłodzeniu wykryto QTL tylko na chromosomie VI ($R^2=23,5\%$). W celu selekcji genów kandydujących ważnych dla zjawiska cold sweetening, zastosowano różnicową analizę ekspresji pul cDNA (RDA-cDNA) z klonów o skrajnych fenotypach, charakteryzujących się ciemnym i jasnym zabarwieniem chipsów po chłodzeniu. W tej samej publikacji wykazano, że cecha koloru chipsów w różnych warunkach przechowywania bulw była mniej złożona genetycznie niż w populacji opisanej w [P1-P3]. Wskazano, że chromosom VI jako istotny i specyficzny dla koloru chipsów po chłodzeniu oraz wyłoniono geny kandydujące związane z kolorem chipsów, nienależące do genów metabolizmu głównego węglowodanów, które mogą pełnić funkcje regulatorowe: AuxRP i Hsp90.

Podsumowując, prezentowana analiza genetycznych uwarunkowań gromadzenia węglowodanów w ziemniaku przyczyniła się do poszerzenia wiedzy podstawowej w tym zakresie oraz dostarczyła informacji o metodyce tego typu badań. Opracowane mapy genetyczne i genomowe wnoszą istotny wkład w lepsze poznanie relacji pomiędzy donorami i akceptorami fotoasymilatów oraz poszerzają wiedzę o metabolizmie skrobi i cukrów redukujących w bulwach ziemniaka. Są również podstawą do dalszych analiz i weryfikacji istotności czynników genetycznych związanych z kolorem chipsów i zawartością skrobi na poziomie produktu genu, jakim jest białko. Istotnym osiągnięciem Autorów jest wyselekcjonowanie genów kandydujących, które mogą pełnić funkcje regulatorowe lub pośrednio uczestniczyć w metabolizmie węglowodanów. Dotyczy to w szczególności genu *PGCRURSE5*, kodującego białko zapasowe 12S globuliny krucyferyny, którego rola w bulwach ziemniaka do tej pory nie została poznana.

Najważniejsze osiągnięcia naukowe zawarte w cyklu prac Habilitantki:

- ✓ opracowanie pierwszej mapy QTL zawartości sacharozy w liściach ziemniaka poddanych naświetlaniu i po okresie ciemności w różnych fazach rozwoju roślin oraz potwierdzenie istotnego udziału chromosomu I w determinacji badanych cech;
- ✓ opracowanie pierwszej mapy DArT dla QTL zawartości skrobi w bulwach i potwierdzenie istotności QTL zlokalizowanych na chromosomie I, jako głównych w determinacji danej cechy;
- ✓ porównanie map QTL zawartości skrobi w bulwach z QTL zawartości sacharozy w liściach i bulwach oraz wyodrębnienie specyficznych QTL dla danych cech;
- ✓ opracowanie pierwszej mapy eQTL dla genów wyselekcjonowanych w badaniach transkryptomicznych, jako genów kandydujących dla zawartości skrobi w bulwach. Zweryfikowanie na poziomie genetycznym i genomicznym (poziom ekspresji genu w populacji) potencjalnej roli genu *PGCRURSE5* w gromadzeniu się skrobi w bulwach ziemniaka. Stwierdzenie istotnego związku pomiędzy, markerem DNA genu *PGCRURSE5* a QTL zawartości skrobi i poziomem jego ekspresji (eQTL); wykazaniu istotnej korelacji pomiędzy poziomem ekspresji *PGCRURSE5* a zawartością skrobi; - opracowanie markerów specyficznych dla allelu genu dużej podjednostki AGPazy (AGPaseS-a1334) oraz weryfikacja istotności genu w determinacji zawartości skrobi w populacji i rodzicach na poziomie genetycznym i genomicznym.
- ✓ opracowanie mapy QTL barwy chipsów po zbiorze, przechowywaniu i rekondycjonowaniu oraz po raz pierwszy wskazanie, że główny QTL barwy chipsów po przechowywaniu bulw w temp. 8°C zlokalizowany jest na chromosomie VI ziemniaka oraz potwierdzenie istotnej roli genów *AuxRP* i *Hsp90* w zjawisku cold sweetening;
- ✓ opracowanie pierwszej mapy QTL barwy chipsów skorygowanej o efekt skrobi, co umożliwiło dokonanie korekty lokalizacji i istotności poszczególnych QTL;
- ✓ wytypowanie grupy genów kandydujących, które mogą pełnić rolę regulatorową w metabolizmie węglowodanów.

W swoim autoreferacie Habilitantka bardzo szczegółowo przedstawiła zarówno problematykę każdego z artykułów wchodzących w skład osiągnięcia naukowego jak i uzyskane wyniki. Biorąc pod uwagę powyższe uważam, że problematyka poruszana w pracach naukowych Kandydatki jest ważna a jej podjęcie uzasadnione. Moja ocena osiągnięcia naukowego jest wysoce pozytywna, a na szczególną uwagę zasługuje fakt, iż w przypadku trzech publikacji dr Dorota Sołtys-Kalina jest pierwszym autorem jak też w jednej drugim, ale zgodnie z zapisem ma równy z pierwszym autorem udział w powstaniu publikacji. Udział własny Habilitantki w pracach jest więc znaczący i nie podlega dyskusji. Przedstawione publikacje spełniają również wymóg spójności tematycznej badań. Ocena tej części dorobku Kandydatki daje mi wszelkie podstawy do sformułowania opinii, iż przedstawiony w formie cyklu czterech publikacji dorobek, wskazany jako osiągnięcie naukowe w świetle Ustawy, jest w pełni oryginalny i wartościowy. Poziom prac naukowych Dr Doroty Sołtys-Kalina jest wysoki. Stanowi niewątpliwie novum naukowe świadczące o znacznym wkładzie Autorki w rozwój dyscypliny rolnictwo i ogrodnictwo, a szczególnie dla rozwoju genetyki, genomiki funkcjonalnej i hodowli ziemniaka. Osiągnięcie naukowe Habilitantki wprowadza ponadto wiele elementów nowatorskich do nauki. Tematyka badań jest niewątpliwie trudna i wymagająca opanowania warsztatu badawczego, z którym Habilitantka znakomicie sobie poradziła.

3. Dorobek i czasopisma, w których publikowane były pozostałe prace

Z wyłączeniem cyklu czterech publikacji naukowych wskazanych jako osiągnięcie naukowe w pkt. 2, Habilitantka jest współautorką łącznie **15 oryginalnych** prac twórczych z czego 13 jest indeksowanych w bazie Web of Science Core Collection. **Indeks Hirsha** jest równy **7** a liczba cytowań wynosi **184**. Ponadto Habilitantka jest współautorką **dwóch rozdziałów w monografii, jednej publikacji popularnonaukowej oraz 19 doniesień konferencyjnych. Łącznie kandydatka jest współautorką 22 publikacji. Sumaryczny IF publikacji Kandydatki wyszczególnionych w liście A MNiSW wynosi 36,265** zaś ich wartość punktowa z roku opublikowania jest równa **945 pkt**. W 14 publikacjach jest Ona pierwszym autorem a w 10 autorem korespondującym.

Praktycznie wszystkie (poza jedną) prace dr Doroty Sołtys-Kalina to publikacje wieloautorskie, co przy charakterze wykonywanych przez Nią badań eksperymentalnych jest obecnie standardem. Tematyka publikacji (niestanowiących osiągnięcia naukowego Habilitantki w świetle Ustawy [...]) znajduje się w obszarze trudnych badań z zakresu genetyki, genomiki i hodowli ziemniaka o dużych wartościach zarówno poznawczych jak i aplikacyjnych. Obecnie poza głównym nurtem badawczym stanowiącym dorobek habilitacyjny, dr Sołtys-Kalina zajmują się allelopatią i fitotoksycznością ziemniaka w aspekcie związków bioaktywnych zawartych w liściach, w szczególności glikoalkaloidów (GA), fenoli (FO) i flawonoidów (FL), tolerancją ziemniaka na stres suszy, patogenezą chorób ziemniaka oraz genetycznym podłożu dziedziczenia koloru kwiatów w ziemniaku.

Tematyka prowadzonych badań naukowych wymagała od Habilitantki zdobycia gruntownej wiedzy oraz opracowania i wdrożenia różnych obecnie stosowanych metod

służących badaniom genomu roślinnego. Po zapoznaniu się z pracami Pani dr Doroty Sołtys-Kalina mogę z przekonaniem stwierdzić, że jest Ona bezspornie specjalistą w swojej dziedzinie. Podsumowując tę część dorobku Kandydatki konstatuję, że jest on zauważalnie sprofilowany. Uważam, że całkowity dorobek naukowy Kandydatki jest wartościowy naukowo o dużym znaczeniu dla rozwoju dyscypliny rolnictwo i ogrodnictwo. Spełnia on zarówno pod względem ilościowym jak i jakościowym wymagania ustawowe stawiane przed kandydatami do stopnia doktora habilitowanego.

4. Ocena istotnej aktywności badawczej, współpracy międzynarodowej, dorobku dydaktycznego i popularyzatorskiego habilitanta

4.1 Pozostała działalność naukowo-badawcza

Dr Dorota Sołtys-Kalina po uzyskaniu stopnia doktora uczestniczyła 15- krotnie w międzynarodowych konferencjach naukowych i 4- krotnie w krajowych. Wygłosiła 8 referatów konferencyjnych co wskazuje na znaczną aktywność Habilitantki w upowszechnianiu wyników badań. Kandydatka znacząco zwiększyła tę aktywność po uzyskaniu stopnia doktora.

Habilitantka odbyła dwa krótkoterminowe staże. Pierwszy miał miejsce w roku 2011 w Samodzielnej Pracowni Kultur Tkanek Instytutu Ogrodnictwa w Skierniewicach u Pani prof. dr hab. Krystyny Góreckiej. W ramach stażu uczestniczyła w badaniach w projekcie Funduszu Europejskiego Innowacyjna Gospodarka: „Nowa technologia wyprowadzania materiałów wyjściowych do hodowli mieszańców F₁ marchwi”. Podczas stażu zdobyła niezbędną wiedzę merytoryczną i praktyczną, dotyczącą wyprowadzania linii podwojonych haploidów marchwi z kultur pylnikowych i izolowanych mikrospor. Drugi staż Kandydatka odbyła w roku 2013 a jego zakres obejmował analizy materiału roślinnego techniką RDA-cDNA. Staż ten odbyła w Zakładzie Ekspresji Genów, Instytutu Biologii Molekularnej i Biotechnologii UAM u Pani prof. dr hab. Zofii Szweykowskiej- Kulińskiej. Celem stażu było poznanie techniki różnicowej analizy sekwencji cDNA. W trakcie realizacji stażu, Habilitantka nawiązała również współpracę z dr Jarosławem Ciekotem z Laboratorium Chemii Biomedycznej, Instytutu Immunologii i Terapii Eksperymentalnej im. Ludwika Hirszfelda we Wrocławiu. Wymiernym efektem tej współpracy było oznaczenie związków bioaktywnych w liściach ziemniaka metodą spektrometrii mas. W latach 2009-2017 Habilitantka podnosiła swoje kompetencje naukowe biorąc czynny udział w sześciu szkoleniach i kursach. W latach 2012-2020 Habilitantka była recenzentem 22 prac naukowych dla czasopism o międzynarodowym zasięgu i jednego rozdziału w monografii.

W roku 2017 Pani dr Dorota Sołtys-Kalina została kierownikiem projektu „Identyfikacja związków allelopatycznych w międzygatunkowych mieszańcach ziemniaka” w ramach programu Sonata 12 finansowanego przez NCN. Ponadto była trzykrotnie kierownikiem projektów finansowanych w ramach tematu statutowego Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin. Pełniła również rolę wykonawcy w sześciu projektach finansowanych przez NCN (Opus) oraz MRiRW.

Po zapoznaniu się z informacjami dotyczącymi aktywności naukowo-badawczej dr Doroty Sołtys-Kalina zawartymi w przedłożonej mi do oceny dokumentacji stanowiącej podstawę do wykonania recenzji stwierdzam, że dane te wskazują na dużą aktywność naukową Habilitantki.

4.2. Działalność dydaktyczna i organizacyjna

Dr Dorota Sołtys-Kalina z racji zatrudnienia w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin-Państwowym Instytucie Badawczym, miała siłą rzeczy zdecydowanie mniejsze możliwości prowadzenia działalności dydaktycznej aniżeli habilitanci wywodzący się z uczelni wyższych. Jej aktywność na niwie dydaktycznej przejawiała się jedynie w trakcie studiów doktoranckich w latach 2008-2011, kiedy prowadziła zajęcia dydaktyczne z przedmiotu Fizjologia Roślin dla kierunków studiów: Biologia, Rolnictwo, Ogrodnictwo i Biotechnologia. Była również wówczas opiekunem naukowym dwóch studentów wykonujących pracę licencjacką w Katedrze Fizjologii Roślin SGGW. W IHAR-PIB opiekowała się studentami, którzy odbywali praktyki letnie. Była promotorem pracy magisterskiej pt.: „Potencjał fitotoksyczny ziemniaka (*Solanum* sp.)”. Prowadziła wykłady dla nauczycieli szkół rolniczych z zakresu allelopatii dla Krajowego Centrum Edukacji Rolniczej w Brwinowie. Habilitantka jest autorką artykułu popularno-naukowego z zakresu fitoremediacji.

Za swoją działalność naukową została trzykrotnie wyróżniona nagrodą indywidualną Dyrektora IHAR-PIB. W roku 2015 otrzymała Krajową Nagrodę Naukową z zakresu Genetyki Roślin im. Stefana Barbackiego przyznaną przez Instytut Genetyki Roślin PAN. Była również 2-krotnie wyróżniana za najlepszy plakat na konferencjach naukowych oraz otrzymała Nagrodę III stopnia za najlepszą prezentację wyników na międzynarodowej konferencji pt: „Eco Physiological Aspects of Plant Responses to Stress Factors” w Krakowie w 2009 roku. Była beneficjentką Mazowieckiego Stypendium Doktoranckiego Marszałka Województwa Mazowieckiego dla doktorantów, których prace badawcze wpisywały się w Strategię Rozwoju Województwa Mazowieckiego do 2020 r. Jej praca doktorska pt.: „Mechanizm fitotoksycznego oddziaływania cyjanamidu na wzrost korzeni siewek pomidora (*Lycopersicon esculentum* L.) i kukurydzy (*Zea mays* L.)” otrzymała wyróżnienie Dziekana Wydziału Rolnictwa i Biologii SGGW. Pełniła również rolę eksperta FNP na potrzeby oceny wniosków o dofinansowanie w Działaniu 4.4 Programu Operacyjnego Inteligentny Rozwój.

Mimo niewątpliwie skromnych osiągnięć w działalności dydaktycznej i organizacyjnej konstatuję, że całościowo dorobek dr Doroty Sołtys-Kalina jest wartościowy i znaczący. Daje mi to podstawy do stwierdzenia, że Habilitantka spełnia wymagania stawiane obecnie kandydatom ubiegającym się o stopień doktora habilitowanego.

5. Wniosek końcowy

Analiza całokształtu dorobku naukowego dr Doroty Sołtys-Kalina oraz Jej osiągnięć w zakresie działalności dydaktycznej i organizacyjnej, przedstawionych mi do oceny w związku z wszczęciem przez Radę Naukową Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB postępowania o nadanie stopnia doktora habilitowanego, skłania mnie do przedłożenia Komisji habilitacyjnej wniosku w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo. Kandydatka wykazuje się istotną aktywnością naukową, przejawiającą się znacznym wzrostem w ostatnich latach liczby publikacji oryginalnych znajdujących się w bazie JCR, ponadto aktywnym uczestnictwem w konferencjach krajowych i międzynarodowych, licznym udziałem w projektach badawczych. Osiągnięcia Habilitantki posiadają istotny element poznawczy i wnoszą duży wkład w poszerzenie wiedzy w ramach dyscypliny rolnictwo i ogrodnictwo. Jej aktywność publikacyjna znacząco wzrosła po uzyskaniu stopnia doktora, co świadczy o dużym zaangażowaniu i bardzo dobrym przygotowaniu do samodzielnej pracy naukowej.

W moim przekonaniu Habilitantka spełnia wszystkie wymagania stawiane osobom ubiegającym się o nadanie stopnia doktora habilitowanego zgodnie z ustawą z dn. z 20 lipca 2018 r. w art. 219 ust. 1 pkt 2 i 3, Dz.U. 2018, poz. 1668 ze zm.

