

**Autoreferat przedstawiający opis kariery zawodowej
oraz istotnej aktywności naukowej**

dr Dorota Sołtys-Kalina

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy
Zakład Genetyki i Materiałów Wyjściowych Ziemiaka
Ul. Platanowa 19
05-831 Młochów

Autoreferat

1. *Imię i nazwisko*

Dorota Sołtys-Kalina

2. *Posiadane dyplomy, stopnie naukowe lub artystyczne – z podaniem podmiotu nadającego stopień, roku ich uzyskania oraz tytułu rozprawy doktorskiej.*

Doktor nauk rolniczych w zakresie agronomii, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Wydział Rolnictwa i Biologii, 1 grudnia 2011.

Tytuł rozprawy doktorskiej: Mechanizm fitotoksycznego oddziaływania cyjanamidu na wzrost korzeni siewek pomidora (*Lycopersicon esculentum* L.) i kukurydzy (*Zea mays* L.).

Dyplom ukończenia Podyplomowych Studiów Przygotowania Pedagogicznego Nauczycieli, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Wydział Nauk Humanistycznych, 23 października 2010.

Magister biologii w specjalności biologia roślin, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Wydział Rolnictwa i Biologii, 15 maja 2008.

Dyplom ukończenia studiów licencjackich, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Wydział Rolnictwa i Biologii, kierunek Biologia, 4 lipca 2006.

3. *Informacje o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych.*

06.2020-obecnie	Kierownik Pracowni Biotechnologii , Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin-PIB, Oddział w Młochowie
01.2013 – 07.2020	Adiunkt w Pracowni Biotechnologii , Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin-PIB, Oddział w Młochowie
07.2012 – 12.2012	Inżynier w Pracowni Biotechnologii , Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin-PIB, Oddział w Młochowie
01.2012 – 06.2012	Stażysta w Pracowni Biotechnologii , Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin-PIB, Oddział w Młochowie
03.2008 – 10.2011	Asystent w Katedrze Fizjologii Roślin , Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Wydział Rolnictwa i Biologii

-
4. *Omówienie osiągnięć, o których mowa w art. 219 ust. 1 pkt. 2 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2020 r. poz. 85 z późn. zm.).*
-

a) *Tytuł osiągnięcia*

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

b) *Spis publikacji wchodzących w skład osiągnięcia naukowego:*

Moim osiągnięciem naukowym jest cykl czterech prac oryginalnych w czasopismach znajdujących się w *Journal Citation Reports* (JCR), wydanych w latach 2015-2020:

1. Śliwka J¹., **Sołtys-Kalina D¹**., Szajko K., Wasilewicz-Flis I., Strzelczyk-Żyta 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. IF₂₀₁₆-4,132; 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. IF₂₀₁₉-3,998; 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. IF₂₀₁₉-2,797; punkty MNiSW-100.
4. **Sołtys-Kalina D.***, Szajko K., Sierocka I., Śliwka J., Strzelczyk-Żyta 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. IF₂₀₁₅-2,108; punkty MNiSW-35.

* *autor korespondujący*

¹ D. Sołtys-Kalina oraz J. Śliwka miały równy udział w powstaniu publikacji

Ogólna liczba punktów MNiSW – 953, IF-36,265, H-index- 7; w tym liczba punktów za publikacje stanowiące osiągnięcie naukowe – 320, IF-13,035.

Wykaz punktacji MNiSW oraz IF jest zgodny z rokiem ukazania się publikacji, wartość IF określana na podstawie bazy InCites Journal Citation Reports (Web of Science). W przypadku publikacji, które ukazały się w czasopismach *Molecular Breeding* i *Theoretical and Applied Genetics*, wartość punktów MNiSW naliczana była na zasadach sprzed 31 lipca 2018 r. Obecna wartość punktowa w/w czasopism wynosi dla *Molecular Breeding* – 70 pkt., a dla *Theoretical and Applied Genetics* – 100 pkt.

W dalszej części referatu, prace wchodzące w skład przedstawionego do oceny cyklu, są cytowane jako P1-P4.

c) *Omówienie celu naukowego ww. prac i osiągniętych wyników wraz z omówieniem ich ewentualnego wykorzystania.*

Zawartość skrobi w bulwach jest ważną cechą ziemniaka, decyduje o jego przydatności do konsumpcji, przemysłu przetwórczego i innych gałęzi przemysłu spożywczego. Od zawartości skrobi zależą również inne, ważne cechy użytkowe, jak poziom cukrów redukujących (glukozy i fruktozy). Metabolizm skrobi jest szlakiem dominującym w bulwach ziemniaka i dobrze poznanym pod względem biochemicznym (Geigenberger i inni, 2004). **Jednocześnie, przy dobrej znajomości mechanizmów fizjologicznych leżących u podstaw syntezy i rozkładu skrobi, genetyczne czynniki regulujące metabolizm na poszczególnych etapach ontogenezy są słabo poznane.** Zawartość skrobi jest modelowym przykładem cechy ilościowej, zależnej od czynników genetycznych i środowiska, a jej ekspresja zależy od nakładania się względnie słabych efektów alleli dużej liczby genów (poligenów) (Pomp i inni, 2004). Poligeniczny charakter cechy oraz tetrasomiczny sposób dziedziczenia w ziemniaku uprawnym znacznie utrudniają poszukiwania genów kandydujących. Z tego względu, badania genetyczne ziemniaka prowadzi się na diploidalnych klonach.

Dostępne mapy fizyczne i genetyczne dostarczają cennych informacji odnośnie pozycji czynników genetycznych w genomie ziemniaka, a mapy *loci* cech ilościowych (z ang. *Quantitative Trait Loci*, QTL) opisują związek pomiędzy *locus* a obserwowaną zmiennością fenotypową zawartości skrobi i powiązanych z nią cech jakościowych bulw (Chen i inni, 2001; Bradshaw i inni, 2008; Schönhals i inni, 2017). Dzięki badaniom genetycznym, sklonowano i scharakteryzowano wiele genów metabolizmu głównego skrobi. **Jednak coraz większą uwagę w badaniach genetycznego uwarunkowania metabolizmu skrobi przykładą się do identyfikacji genów kandydujących spoza szlaku metabolizmu głównego, pełniących funkcje regulatorowe oraz identyfikacji specyficznych alleli genów już poznanych, w celu opracowania markerów przeznaczonych do masowej selekcji genotypów (MAS)** (Ahmed i inni, 2018).

Celem prac przedstawionych w ramach osiągnięcia naukowego, było zbadanie genetycznych uwarunkowań gromadzenia się węglowodanów w liściach i bulwach ziemniaka diploidalnego w aspekcie cech użytkowych - barwy chipsów i zawartości skrobi.

Podczas badań sformułowano następujące hipotezy badawcze:

- Za zawartość skrobi w bulwach odpowiedzialne są czynniki genetyczne regulujące metabolizm skrobi, jak i wpływające na zawartość sacharozy i jej przepływ pomiędzy tkankami donora (liście) i akceptora fotoasymilatów (bulwy), których wpływ na cechy, w poszczególnych fazach rozwoju wegetatywnego podlega zmianom [P1].

- Analiza prób zbiorczych genotypów o skrajnej ekspresji cechy i analiza genomyczna 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) odpowiedzialnych za kolor chipsów. W celu lokalizacji czynników genetycznych (QTL), specyficznych dla koloru chipsów, 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, skupiłam się na:

- opracowaniu map genetycznych i QTL zawartości skrobi i cukrów redukujących w bulwach oraz 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.

Zawartość skrobi w bulwach ziemniaka waha się od 10 % do 25 % i jest wypadkową procesów metabolicznych zachodzących w organach donora (z ang. *source*), jakim są liście i akceptorów fotoasymilatów (z ang. *sink*), jakimi są korzenie, stolony, bulwy. Bulwy są silnymi organami akceptorowymi produktów fotosyntezy, co czyni ziemniaka rośliną modelową w analizach interakcji donor-akceptor i dystrybucji fotoasymilatów (Jonik i inni, 2012). Elementem łączącym donora, eksportującego energię netto i uzależnionego od niego akceptora, jest wytwarzana w procesie fotosyntezy sacharoza, główny związek transportowy cukrów w roślinach i podstawowe źródło energii tkanek roślinnych. O plonie skrobi decyduje zarówno zdolność fotoasymilacji donora, jak i pojemność akceptora. Zwiększając syntezę i eksport sacharozy w ciągu dnia z tkanek donora, jak i pojemność akceptora, można uzyskać wyższą zawartość skrobi w bulwach (Jonik i inni, 2012).

Zmienność fenotypowa zawartości skrobi w bulwach w populacji jest wynikiem polimorfizmu genów oraz ilościowych i jakościowych różnic w ich ekspresji, co w konsekwencji prowadzi do zmian profilu białek w komórce lub tkance (Druka i inni, 2010). Mapowanie QTL jest podejściem standardowym, pozwalającym na lokalizację w genomie czynników genetycznych, odpowiedzialnych za obserwowaną cechę. Pierwsze mapy QTL zawartości skrobi w bulwach powstały w ziemniaku diploidalnym i

wskazywały na ilościowy charakter cechy, co potwierdzono w ziemniaku uprawnym i badaniach asocjacyjnych tetraploidalnych klonów (Schafer-Pregl i inni, 1998; Chen i inni, 2001; McCord i inni, 2011). Zarówno liczba, istotność, jak i lokalizacja QTL w genomie była zmienna i wynosiła od 4 do 18 QTL w analizowanych populacjach.

Badania opisane w publikacjach [P1-P3] prowadzone były na populacji, w której osobnikach zawartość skrobi w bulwach oraz kolor chipsów z bulw przechowywanych w różnych warunkach temperatury, były zróżnicowane.

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, skonstruowaliśmy pierwszą mapę DArT ziemniaka diploidalnego, którą wzbogaciłam o markery genów metabolizmu i transportu węglowodanów. Finalnie 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.

Zapoczątkowanie tuberyzacji w ziemniaku wymaga zaangażowania wielu procesów metabolicznych, szlaków sygnałnych, czynników genetycznych i jest zależne od fotoperiodu (Hannapel 2007). Jednym z niezbędnych elementów prawidłowego rozwoju bulw i gromadzenia skrobi zapasowej jest odpowiednia dystrybucja zasymilowanego przez liście węgla. Transport sacharozy z liści do bulw przebiega w sposób ciągły, natomiast synteza i rozkład skrobi przejściowej w chloroplastach podlegają cyklowi dobowemu (Feugier i Satake 2013). W ciągu dnia sacharoza transportowana jest do różnych części rośliny, a nadwyżka zasymilowanego węgla gromadzi się w postaci skrobi. W nocy skrobia podlega rozkładowi do sacharozy, co zaspakaja zapotrzebowanie energetyczne względem procesów metabolicznych rośliny. Do tej pory skonstruowano mapę zawartości sacharozy w soku floemowym po naświetlaniu roślin, w kontekście eksportu cukrów z liści i wczesności tuberyzacji (Šimko i inni 1999). Zmapowano wówczas trzy QTL tej cechy, z których najistotniejszy zidentyfikowano na chromosomie VIII.

Jako pierwsi podjęliśmy się sporządzenia mapy QTL zawartości sacharozy w liściach ziemniaka. Ze względu na zależność syntezy sacharozy od fotoperiodu, a jej dystrybucji od fazy rozwoju, zaprojektowałam i przeprowadziłam 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). Wykazałam, 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 ($R^2=15,8\%$).

Ze względu na powiązanie szlaków metabolicznych syntezy węglowodanów w liściach ich dystrybucji i gromadzenia w bulwach, porównaliśmy mapy QTL dla skrobi i sacharozy. Na czternaście zidentyfikowanych QTL zawartości sacharozy w liściach, jedenaście mapowało się w podobnych pozycjach co QTL zawartości skrobi w bulwach, z czego pięć na chromosomie I. Zmapowane geny kandydujące miały istotny wpływ na zawartość sacharozy, jak gen α -amylazy ($R^2=15,9\%$) oraz na zawartość skrobi, jak gen: β -amylazy (β -amyl), dwóch alleli *alternatywnej oksydazy* (AOX) oraz *ADP-glukozy pirofosforylasy* (AGPaza).

Uzyskane wyniki w [P1] 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.

W publikacji [P1] mój udział polegał na: zaprojektowaniu doświadczenia i przeprowadzeniu analiz zawartości sacharozy w liściach, zaprojektowaniu markerów genów kandydujących, wzbogaceniu mapy genetycznej o te markery, przygotowaniu populacji do genotypowania, analizie fenotypu oraz analizie statystycznej danych.

Badania opisane w [P1] opierały się o analizy sprzężeń markerów genów z cechą. Kolokalizacja QTL z *loci* genów nie dowodzi w pełni, że obserwowana zmienność genetyczna leży u podstaw zmienności cechy (Gebhardt i inni, 2005). W związku z tym, w celu szerszej analizy genetycznej zjawiska gromadzenia się skrobi w bulwach ziemniaka, zastosowaliśmy podejście opierające się na analizie funkcjonalnej genów, polegającej na badaniach ich ekspresji.

Celem badań w publikacji [P2] było: wykonanie analizy transkryptomnicznej prób zbiorczych genotypów o skrajnej zawartości skrobi w bulwach populacji mapującej z 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.

Jednym z zastosowanych podejść z zakresu genomiki funkcjonalnej jest badanie ekspresji genów w populacji (fenotyp) i mapowanie eQTL, pozwalające na oszacowanie istotności poszczególnych alleli w determinacji badanej cechy. Co pośrednio pozwala również określić sposób regulacji ekspresji genu, ponieważ lokalizuje czynniki genetyczne, które mogą być w konfiguracji *cis* lub *trans* względem genu kandydującego (Druka i inni, 2010).

W pierwszym etapie badań transkryptomu osobników populacji opisanej w [P1 i P2] wyselekcjonowałam osobniki o skrajnych wartościach cechy i stworzyłam próby zbiorcze, analizowane w badaniach różnicowej ekspresji genów (RNA-seq). Pozwoliło to na wytypowanie jedenastu genów, dla których zbadałam 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; $R^2=28,3$ %) i QTL zawartości skrobi (LOD=8,30; $R^2=18,4$ %) oraz stwierdzono korelację pomiędzy poziomem transkryptu *PGCRURSE5* a cechą zawartość skrobi ($r=0,238$). Gen *PGCRURSE5* koduje białko zapasowe w roślinach z rodziny kapustnych (*Brassicaceae*) (Wan i inni, 2007). Ekspresja białek zapasowych w ziemniaku jest związana z metabolizmem skrobi (Müller-Röber i inni 1992), jednak zjawisko to nie zostało do tej pory poznane. Nie można wykluczyć, że białka nieenzymatyczne mogą brać bezpośredni udział w syntezie łańcucha amylozy (Seung i inni 2015). 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.

Podsumowując, jako piersi zastosowaliśmy 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; $R^2=59,7$ %) niż QTL tej cechy (maksymalna wartość LOD=9,35; $R^2=21,2$ %). Ważnym wnioskiem, wynikającym z naszych badań jest również fakt, 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.

W publikacji [P2] mój udział polegał na: selekcji i przygotowaniu materiału badawczego do analiz RNA-seq, selekcji, analizie segregacji i wzbogaceniu mapy genetycznej w markery genów kandydujących wyłonionych na podstawie analiz transkryptomicznych, analizie ekspresji genów kandydujących w populacji oraz analizie statystycznej danych.

Ważnym osiągnięciem obejmującym zagadnienia zawarte w obu pracach [P1, P2] są badania nad mapowaniem genu dużej podjednostki AGPazy (AGPazaS) oraz jego ekspresji w bulwach ziemniaka. AGPaza jest kluczowym enzymem w syntezie skrobi w bulwach i liściach. Zbudowana jest z czterech podjednostek: dwóch dużych (S) i dwóch małych (B) (Batra inni 2017). W ziemniaku zmapowano pięć *loci* dla obu podjednostek enzymu na chromosomie I, IV i VIII, o zróżnicowanym wpływie zarówno na zawartość skrobi, jak i cukrów redukujących (Chen i inni 2001). Mapowanie specyficznego allelu *AGPaseS-a₁₃₃₄* potwierdziło jego lokalizację na 102,3 cM chromosomu I i istotny wpływ na cechę zawartości skrobi w bulwach ($R^2=15,2\%$). Analiza ekspresji *AGPaseS-a* w formach rodzicielskich i osobnikach potomnych o skrajnej zawartości skrobi w bulwach, w poszczególnych fazach rozwoju wegetatywnego, wykazała jej wyższy poziom w wysokoskrobiowej formie rodzicielskiej na wczesnym i późnym etapie tworzenia bulw oraz w osobnikach wysokoskrobiowych z markerem *AGPaseS-a₁₃₃₄*, a wysoki poziom jej ekspresji utrzymywał się nawet po zbiorze bulw i w trakcie ich przechowywania. Po raz pierwszy wykazaliśmy, że obecności allelu *AGPazyS-a*, towarzyszy zmienność w poziomie ekspresji, co sugerowało możliwość regulacji aktywności enzymu podczas transkrypcji i bezpośredniego powiązania poziomu transkryptu z zawartością skrobi. Mapowanie eQTL wykazało jeden eQTL dla *AGPazyS-a* w regionie 70,8-105,9 cM chromosomu I, osiągający maksymalne LOD=19,61 w pozycji 99,3 cM i tłumaczący aż 41,0 % zmienności cechy. eQTL obejmował swoim zasięgiem *locus* genu *AGPaseS-a₁₃₃₄* (99,6 cM; $R^2=40,8\%$), co wskazuje na obecność w genomie *cis*-elementów regulujących jego ekspresję. Nie zaobserwowano natomiast korelacji pomiędzy poziomem transkryptu a zawartością skrobi w bulwach, co może wynikać z udziału i silnego wpływu innych podjednostek AGPazy w zmienności cechy.

Na podstawie wyników uzyskanych w [P1, P2] wykazaliśmy 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 zadaliśmy 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 w publikacji [P3] było mapowanie QTL koloru 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 koloru chipsów, skorygowanych o efekt skrobi.

Kolor chipsów uzyskanych z bulw ziemniaka zależy od zawartości cukrów redukujących (CR): glukozy i fruktozy. Podczas przechowywania bulw w niskiej temperaturze, następuje proces rozkładu skrobi do CR, a zjawisko to nazwano z ang. *cold sweetening*. Cukry redukujące podczas obróbki termicznej wchodzi w reakcję z aminokwasami (reakcja Maillarda) nadając im ciemne zabarwienie, którego intensywność jest skorelowana z zawartością CR (Kumar i inni, 2004). Zawartość cukrów redukujących jest cechą ilościową skorelowaną z zawartością skrobi (Menéndez i inni, 2002; Li i inni, 2013; Sołtys-Kalina i inni 2020), a geny odpowiedzialne za syntezę i degradację skrobi wpływają również na zawartość CR w bulwach (Werij i inni, 2012; Van Harsselaar i inni, 2017). Geny metabolizmu skrobi zorganizowane są w rodziny i leżą na wszystkich 12 chromosomach genomu ziemniaka. Ich podobna lokalizacja w genomie nie świadczy jednak o podobnej funkcji pełnionej w metabolizmie. Dotyczy to w szczególności genów w obrębie jednego *locus* kodujących izoenzymy, które pełnią odmienne funkcje podczas syntezy skrobi zapasowej i przejściowej (Van Harsselaar i inni, 2017). Obserwowany fenotyp może być wypadkową wielokierunkowych efektów jednego genu, lub nakładania się efektów alleli genów sprzężonych w obrębie danego *locus* (Schönhals i inni, 2017), co zaobserwowano dla QTL zawartości skrobi i koloru chipsów (Gebhardt i inni, 2005).

W publikacji [P3] przeprowadzona analiza statystyczna fenotypów populacji, wykazała istotną korelację pomiędzy zawartością skrobi a kolorem chipsów z bulw przechowywanych w różnych warunkach (r wynosił od 60 % do 63 %), 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, jak 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. Chromosom I i IV był istotny 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 wskazuje na silny efekt *loci* odpowiedzialnych za zawartość skrobi na determinację koloru chipsów.

Analizowałam również sprzężenie markerów genów metabolizmu węglowodanów z cechami koloru chipsów. Na sześć badanych genów, w tym α - i β -amylazy, kinazy

pirogronianowej, kinazy karboksylazy fosfoenolpirogronianowej (PPCK1a), dwóch alleli alternatywnej oksydazy (AOX), wszystkie były istotne dla koloru chipsów w różnych warunkach przechowywania bulw, a dla skorygowanych cech istotny był tylko PPCK1a.

Realizowane przeze mnie badania w [P3] potwierdziły poligeniczny charakter cech koloru chipsów oraz zweryfikowały istotność chromosomu I w determinacji ich zmienności. Stwierdziliśmy obecność wspólnych czynników genetycznych związanych z zawartością skrobi i CR, oraz ich wzajemny wpływ na zmienność danych cech. Zastosowane przez nas podejście pozwoliło na zminimalizowanie wpływu *loci* odpowiedzialnych za zawartość skrobi na kolor chipsów oraz oddzielenie czynników genetycznych charakterystycznych dla tych cech.

W publikacji [P3] mój udział polegał na: ocenie fenotypowej populacji, selekcji, analizie segregacji i wzbogaceniu mapy genetycznej w markery genów kandydujących, analizie statystycznej wyników, napisaniu manuskryptu .

Materiałem badawczym w [P4] była populacja, której rodzice nie różnili się istotnie zawartością skrobi w bulwach, natomiast różnili się kolorem chipsów po chłodzeniu. Ponadto charakteryzowali się brakiem markerów alleli genów AOX1a₄₅₀ oraz β -Amyl₋₃₁₆, ważnych dla gromadzenia się cukrów redukujących w bulwach (Krusiewicz i inni, 2011). W osobnikach populacji obserwowano segregację koloru chipsów, a dobór takich komponentów rodzicielskich umożliwił poszukiwania dodatkowych czynników genetycznych, niezależnych od obu wskazanych genów metabolizmu węglowodanów.

Celem badań w publikacji [P4] było opracowanie mapy genetycznej i mapy QTL koloru chipsów, które wraz z analizą ekspresji genów/białek posłużyły do selekcji i weryfikacji istotności genów kandydujących ważnych dla koloru chipsów po przechowywaniu bulw w niskiej temperaturze (*cold sweetening*).

Tematyka genetycznych uwarunkowań cech koloru chipsów była wielokrotnie podejmowana w badaniach populacyjnych i asocjacyjnych (Menéndez i inni, 2002; Blenkinsop i inni, 2004; Bhaskar i inni, 2010; Baldwin i inni, 2011), i dotyczyła zarówno analiz QTL, jak i poszukiwań genów kandydujących. Podobnie jak w przypadku zawartości skrobi w bulwach, potwierdzono ilościowy charakter cech koloru chipsów/zawartości cukrów redukujących, a QTL zlokalizowano na wszystkich dwunastu chromosomach ziemniaka (Douches i Freyre, 1994; Menéndez i inni, 2002, Schreiber i inni, 2014). W publikacji [P4] opracowaliśmy mapę genetyczną w oparciu o markery DArT, która składała się z dwunastu grup sprzężeń o łącznej długości 1000,2 cM. Opracowaliśmy również mapę QTL koloru chipsów i potwierdziliśmy 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* zastosowałam różnicową analizę ekspresji pul cDNA (RDA-cDNA) z klonów o skrajnych fenotypach, charakteryzujących się ciemnym i jasnym zabarwieniem chipsów po chłodzeniu. Na dwadzieścia pięć otrzymanych genów różnicujących, jednaście *loci* znajdowało się na chromosomie VI genomu ziemniaka. Wśród dziesięciu, wyselekcjonowanych i zmapowanych genów kandydujących, osiem sprzężonych było z kolorem chipsów po chłodzeniu, a najsilniejszy efekt odnotowano dla *Nodulin 26* (LOD=4,64; $R^2=20,7$ %). Kolejnym etapem selekcji była analiza ekspresji genów kandydujących w rodzicach populacji oraz w genotypach o skrajnych wartościach cechy barwy chipsów po chłodzeniu. Na tej podstawie wyłoniłam dwa geny kandydujące: *Heat-shock protein (Hsp90)* oraz *Auxin-regulated protein (AuxRP)*, o zróżnicowanej ekspresji w badanym materiale. Marker genu *AuxRP* tłumaczył 15,2 % (LOD=3,29) zmienności cechy barwy chipsów po chłodzeniu, a sam gen ulegał specyficznej ekspresji tylko w rodzicu i genotypach o jasnym zabarwieniu chipsów. Pomimo braku sprzężenia pomiędzy markerem genu *Hsp90* a cechą barwy chipsów, zaobserwowałam ilościowe różnice w ekspresji genu oraz białka izoformy Hsp90-1 w genotypach o ciemnym zabarwieniu chipsów.

W publikacji [P4] pokazaliśmy, że cecha koloru chipsów w różnych warunkach przechowywania bulw była mniej złożona genetycznie niż w populacji opisanej w [P1-P3]. Wskazaliśmy chromosom VI, jako istotny i specyficzny dla koloru chipsów po chłodzeniu oraz wyłoniliśmy geny kandydujące związane z kolorem chipsów, nienależące do genów metabolizmu głównego węglowodanów, które mogą pełnić funkcje regulatorowe: *AuxRP* i *Hsp90*.

W publikacji [P4] mój udział polegał na: ocenie fenotypowej populacji, przeprowadzeniu eksperymentu RDA-cDNA, ocenie poziomu białka Hsp90, analizie segregacji i wzbogaceniu mapy genetycznej w markery genów kandydujących, analizie statystycznej wyników oraz napisaniu manuskryptu.

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 genomiczne 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 - białka. Istotnym osiągnięciem przytoczonych badań są wyselekcjonowane geny kandydujące, 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. Im lepiej poznamy genetyczne podstawy metabolizmu węglowodanów, tym bardziej świadomie będziemy w stanie analizować relacje pomiędzy zawartością skrobi i cukrów

redukujących oraz aktywnością ich szlaków metabolicznych na różnych etapach ontogenezy i w zmiennych warunkach środowiska. Jest to aspekt o tyle ważny, że pozwala na interpretacje roli nie tylko poszczególnych tkanek i organów, ale w szczególności relacji pomiędzy donorem i akceptorem fotoasymilatów.

Za szczególne osiągnięcia naukowe zawarte w cyklu prac, uważam:

- 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 genomycznym (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 genomycznym.
- opracowanie mapy QTL barwy chipsów po zbiorze, przechowywaniu i rekondycjonowaniu oraz po raz pierwszy wskazanie, że główny QTL barwy chipsów po przechowywaniu bulw w 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.

Bibliografia

1. Ahmed S., Zhou X., Pang Y., i inni. 2018. Improving starch-related traits in potato crops: achievements and future challenges. *Starch*. 70:e1700113.
2. Baldwin S.J., Dodds K.G., Auvray B., i inni. 2011. Association mapping of cold-induced sweetening in potato using historical phenotypic data. *Annals of Applied Biology*. 158:3, 248-256.

3. Batra R., Saripalli G., Mohan A., i inni. 2017. Comparative Analysis of AGPase genes and encoded proteins in eight monocots and three dicots with emphasis on wheat. *Frontiers in Plant Science*. 8:19.
4. Bhaskar P.B., Wu L., Busse J.S., i inni. 2010. Suppression of the vacuolar invertase gene prevents cold-induced sweetening in potato. *Plant Physiology*. 154, 939–948.
5. Blenkinsop R.W., Yada R.Y., Marangoni A.G. 2004. Metabolic control of low-temperature sweetening in potato tubers during postharvest storage. *Horticultural Reviews*. 30, 317–354.
6. Bradshaw J.E., Hackett C.A., Pande B., i inni. 2008. QTL mapping of yield, agronomic and quality traits in tetraploid potato (*Solanum tuberosum* subsp. *tuberosum*). *Theoretical and Applied Genetics*. 116, 193–211.
7. Chen X., Salamini F., Gebhardt C.A. 2001. Potato molecular-function map for carbohydrate metabolism and transport. *Theoretical and Applied Genetics*. 102, 284–295.
8. Douches D.S., Freyre R. 1994. Identification of genetic factors influencing chip color in diploid potato (*Solanum* spp.). *American Potato Journal*. 71, 581–590.
9. Druka A., Potokina E., Luo Z., i inni 2010. Expression quantitative trait loci analysis in plants. *Plant Biotechnology Journal*. 8(1), 10-27.
10. Feugier F.G., Satake A. 2013. Dynamical feedback between circadian clock and sucrose availability explains adaptive response of starch metabolism to various photoperiods. *Frontiers in Plant Science*. 3:305.
11. Gebhardt C.C., Menéndez X., Chen L., i inni. 2005. Genomic approaches for the improvement of tuber quality traits in potato. *Acta Horticulturae*. 684, 85–91.
12. Geigenberger P., Stitt M., Fernie A.R. 2004. Metabolic control analysis and regulation of the conversion of sucrose to starch in growing potato tubers. *Plant Cell and Environment*. 27:655–673.
13. Hannapel D.J. 2007. Signalling the induction of tuber formation. 237-256. [W]: *Potato Biology and Biotechnology. Advances and Perspectives*. [Ed.] Vreugdenhil D. i inni. Elsevier Science.
14. Jonik C., Sonnewald U., Hajirezaei M.R., i inni 2012. Simultaneous boosting of source and sink capacities doubles tuber starch yield of potato plants. *Plant Biotechnology Journal*. 10(9):1088-98.
15. Krusiewicz D., Jakuczun H., Wasilewicz-Flis I., Strzelczyk-żyta D., Marczewski W. 2011. Molecular mapping of the AOX1a and β -Amyl genes in potato. *Plant Breeding*. 130(4):500.
16. Kumar D., Singh B.P., Kumar P. 2004. An overview of the factors affecting sugar content of potatoes. *Annals of Applied Biology*. 145:247-256.
17. Li L., Tacke E., Hofferbert H.R., i inni. 2013. Validation of candidate gene markers for marker-assisted selection of potato cultivars with improved tuber quality. *Theoretical and Applied Genetics*. 126(4):1039-52.

18. McCord P.H., Sosinski B.R., Haynes K.G., i inni 2011. Linkage mapping and QTL analysis of agronomic traits in tetraploid potato (*Solanum tuberosum* subsp. *tuberosum*) Crop Science. 51:771–785.
19. Menéndez C.M., Ritter E., Schäfer-Pregl R., i inni 2002. Cold sweetening in diploid potato: mapping quantitative trait loci and candidate genes. Genetics. 162:1423–1434.
20. Müller-Röber B., Sonnewald U., Willmitzer L. 1992. Inhibition of the ADP-glucose pyrophosphorylase in transgenic potatoes leads to sugar-storing tubers and influences tuber formation and expression of tuber storage protein genes. The EMBO Journal. 11:1229–1238.
21. Pomp D., Allan M. F., Wesolowski S. R. 2004. Quantitative genomics: Exploring the genetic architecture of complex trait predisposition. Journal of Animal Science. 82(13), 300–312.
22. Schäfer-Pregl R., Ritter E., Concilio L., i inni. 1998. Analysis of quantitative trait loci (QTLs) and quantitative trait alleles (QTAs) for potato tuber yield and starch content. Theoretical and Applied Genetics. 97:834–846.
23. Schönhals E.M., Ding J., Ritter E., i inni. 2017. Physical mapping of QTL for tuber yield, starch content and starch yield in tetraploid potato (*Solanum tuberosum* L.) by means of genome wide genotyping by sequencing and the 8.3 K SolCAP SNP array. BMC Genomics. 18:642.
24. Schreiber L., Nader-Nieto A.C., Schönhals E.M., i inni. 2014. SNPs in genes functional in starch-sugar interconversion associate with natural variation of tuber starch and sugar content of potato (*Solanum tuberosum* L.). G3 (Bethesda). 4:1797-811.
25. Seung D., Soyk S., Coiro M., i inni. 2015. Protein targeting to starch is required for localising granule-bound starch synthase to starch granules and for normal amylose synthesis in Arabidopsis. PLoS Biology. 13:e1002080.
26. Šimko I., Vreugdenhil D., Jung C.S., i inni 1999. Similarity of QTLs detected for in vitro and greenhouse development of potato plants. Molecular Breeding. 5:417–428.
27. Sołtys-Kalina D., Szajko K., Stefańczyk E., i inni 2020. eQTL mapping of the 12S globulin cruciferin gene PGCRURSE5 as a novel candidate associated with starch content in potato tubers. Scientific Reports. 10(1):17168.
28. Van Harsseelaar J.K., Lorenz J., Senning M., i inni 2017. Genome-wide analysis of starch metabolism genes in potato (*Solanum tuberosum* L.). BMC Genomics. 18:37.
29. Wan L., Ross A.R., Yang J., i inni 2007. Phosphorylation of the 12 S globulin cruciferin in wild-type and *abi1-1* mutant *Arabidopsis thaliana* (thale cress) seeds. Biochemical Journal. 404(2):247-256.
30. Werij J.S., Furrer H., van Eck H.J., i inni. 2012. A limited set of starch related genes explain several interrelated traits in potato. Euphytica. 186:501–516.

5. Aktywność naukowa realizowana w więcej niż jednej uczelni lub instytucji naukowej.

Studia licencjackie na Wydziale Rolnictwa i Biologii Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie na kierunku Biologia, rozpoczęłam w 2003 roku. W tym czasie skupiałam się na tematyce dotyczącej biologii roślin. Pracę licencjacką pod kierunkiem dr Małgorzaty Rochalskiej pt.: „Mechanizmy odporności roślin na patogeny i szkodniki”, obroniłam w 2006 roku. Studia magisterskie w latach 2006-2008, które kontynuowałam na tym samym kierunku, ukończyłam z wyróżnieniem. Tematyka pracy magisterskiej realizowanej w Katedrze Fizjologii Roślin SGGW pod kierunkiem promotor prof. dr hab. Renaty Bogatek-Leszczyńskiej, dotyczyła oddziaływań allelopatycznych, pt.: „Allelopatyczny wpływ cyjanamidu na kiełkowanie i wzrost pomidora (*Lycopersicon esculentum* Mill.) i gorzycy białej (*Sinapis alba* L.). W latach 2008-2011 uczęszczałam na studia doktoranckie na Wydziale Rolnictwa i Biologii SGGW. Prowadziłam tam badania z zakresu allelopatii/fitotoksyczności roślin. Pierwsze prace związane z tym zagadnieniem powstały pod kierunkiem prof. dr hab. Renaty Bogatek-Leszczyńskiej. Dotyczyły wpływu cyjanamidu (CA), związku allelopatycznego produkowanego przez niektóre gatunki wyk (*Vicia* sp.), na kiełkowanie i wzrost roślin testowych. Badania prowadzone były na różnych gatunkach roślin uprawnych oraz chwastów.

W roku 2010 otrzymałam grant promotorski finansowany przez MNiSW, pod kierunkiem promotor pracy doktorskiej, prof. dr hab. Renata Bogatek-Leszczyńskiej, który dotyczył wpływu CA na wzrost korzeni pomidora (*S. lycopersicum* L.) i kukurydzy (*Zea mays* L.). Badania obejmowały analizy cytologiczne, molekularne i fizjologiczne. W ramach oceny cytologicznej analizowałam intensywność i przebieg mitoz w wierzchołku wzrostu, wielkość komórek kory pierwotnej, stopnia ich endoploidalności oraz ultrastrukturę korzenia. Obserwacje cytologiczne prowadziłam we współpracy z Katedrą Botaniki SGGW oraz Katedrą Biotechnologii Rolniczej Uniwersytetu Technologiczno-Przyrodniczego w Bydgoszczy (prof. dr hab. Elwira Śliwińska). Analizowałam również ekspresję genów białek uczestniczących w rozluźnianiu ściany komórkowej i biorących udział we wzroście komórek oraz odpowiedzialnych za przebieg cyklu komórkowego. Analizy białek ściany komórkowej realizowałam we współpracy z dr Danutą Solecką z Zakładu Ekofizjologii Molekularnej Roślin Instytutu Biologii Eksperymentalnej i Biologii Roślin Uniwersytetu Warszawskiego. Badałam bilans hormonalny i status oksydo-redukcyjny w korzeniach traktowanych CA. Uzyskane dane pozwoliły na porównanie i interpretację odpowiedzi rośliny jedno- i dwuliściennej na fitotoksyczne działanie CA. Stwierdziłam, że rośliny istotnie różniły się wrażliwością na CA, jednak przyczyny zahamowania wzrostu korzenia u obu gatunków były te same i wynikały ze zmian organizacji wierzchołków wzrostu. Wpływ CA wywoływał zmniejszenie częstotliwości podziałów komórkowych, zahamowanie cyklu komórkowego w fazie G2/M oraz ograniczenie liczebności komórek merystematycznych. Co w konsekwencji

prowadziło do zmniejszenia wierzchołka wzrostu i zaburzeń wielkości kolejnych stref korzenia, w szczególności strefy różnicowania. Fitotoksyczne działanie CA wyrażało się również zahamowaniem wzrostu wydłużeniowego komórek strefy różnicowania, co mogło być następstwem zachwiania bilansu hormonalnego pomiędzy auksyną (IAA) a etylenem oraz statusu oksydo-redukcyjnego lub/i modyfikacją elastyczności ścian komórkowych.

W roku 2009 wzięłam 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. Pozwoliło mi to na zapoznanie się z licznymi technikami rozpoznawania i oceny ilościowej związków aktywnych biologicznie oraz zaznajomiło z dynamiką ich rozkładu w glebie.

W trakcie studiów doktoranckich uczęszczałam na Podyplomowe Studia Przygotowania Pedagogicznego Nauczycieli na Wydziale Nauk Humanistycznych SGGW i kurs „Zastosowania technologii e-learningowych w dydaktyce” na Wydziale Zastosowań Informatyki i Matematyki SGGW.

Po ukończeniu studiów doktoranckich w 2011 roku odbyłam miesięczny staż u prof. dr hab. Krystyny Góreckiej w Samodzielnej Pracowni Kultur Tkanek Instytutu Ogrodnictwa w Skierniewicach, gdzie uczestniczyłam w badaniach w ramach projektu pt.: *Nowa technologia wyprowadzania materiałów wyjściowych hodowli mieszańców FI marchwi*, finansowanego z Funduszy Europejskich w ramach Funduszu Innowacyjna Gospodarka. Podczas stażu zdobyłam wiedzę merytoryczną i praktyczną, dotyczącą wyprowadzania linii podwojonych haploidów marchwi z kultur pylnikowych i izolowanych mikrospor.

Po uzyskaniu stopnia doktora, moje zainteresowanie allelopatią/fitotoksycznością nie osłabło i stało się inspiracją do podjęcia badań z tego zakresu w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Państwowym Instytucie Badawczym. Obecnie poza głównym nurtem badawczym stanowiącym dorobek habilitacyjny, zajmuję się fitotoksycznością ziemniaka w aspekcie związków bioaktywnych zawartych w liściach, w szczególności glikoalkaloidów (GA), fenoli (FO) i flawonoidów (FL). Wyselekcjonowałam materiał badawczy, którym są diploidalne mieszańce ziemniaka, odmiany ziemniaka uprawnego oraz jego dzicy krewniacy. Wykonałam analizy porównawcze kilkudziesięciu klonów ziemniaka i wykazałam duże zróżnicowanie ich potencjału fitotoksycznego. Zaobserwowałam również korelację pomiędzy zawartością GA a potencjałem fitotoksycznym. Ponieważ niektóre klony ziemniaka, mimo wysokiej zawartości GA, cechowały się niskim potencjałem fitotoksycznym, rozpoczęłam badania mające na celu weryfikację udziału GA w oddziaływaniach allelopatycznych ziemniaka. Na podstawie uzyskanych wyników złożyłam projekt [II.3.2. Załącznik 4], który uzyskał finansowanie NCN w ramach konkursu Sonata12. W ramach projektu skupiam się na podejściu „omicznym” analizując różnice w transkryptomie, proteomie i metabolomie klonów o skrajnych wartościach danych cech, co pozwala na nadanie badaniom szerszego

kontekstu fizjologicznego. Efektami badań nad allelopatią ziemniaka są prace [II.2.12, II.2.15 Załącznik 4].

W celu lepszego poznania technik różnicowej analizy ekspresji genów odbyłam kursy z zakresu sekwencjonowania nowej generacji [7a.1, 7a.2 Załącznik 3]. Ponadto podjęłam współpracę z prof. dr hab. Zofią Szweykowską-Kulińską z Zakładu Ekspresji Genów Uniwersytetu im. A. Mickiewicza w Poznaniu, w celu poznania techniki różnicowej analizy sekwencji cDNA (RDA-cDNA, z ang. *Representational Difference Analysis of cDNA*) i odbyłam tam staż szkoleniowy dotyczący analiz materiału roślinnego przy użyciu tej techniki, jak i przeprowadziłam część badań, które zostały opublikowane w pracy [P.1]. W trakcie realizacji projektu, nawiązałam również współpracę z dr Jarosławem Ciekotem z Laboratorium Chemii Biomedycznej, Instytutu Immunologii i Terapii Eksperymentalnej im. Ludwika Hirszfelda we Wrocławiu, w celu oznaczeń związków bioaktywnych w liściach ziemniaka metodą spektrometrii mas.

Kolejną tematyką badawczą, którą się obecnie zajmuję, jest tolerancja ziemniaka na stres suszy. W publikacji [II.2.9 Załącznik 4] materiał doświadczalny stanowiły odmiany ziemniaka, pochodzące od odmiany Katahdin, tworzące populację półrodzeństw, które analizowałam pod kątem względnej zawartości wody i plonu bulw. Uzyskane wyniki stały się podstawą do dalszych badań nad tolerancją ziemniaka na stres suszy oraz uzyskały finansowanie w ramach konkursu OPUS 19 [II.3.7 Załącznik 4], w którym jestem wykonawcą. Uczestniczyłam również w badaniach prowadzonych przez prof. dr hab. Zofię Szweykowską-Kulińską, podczas których analizowałam cechy morfologiczne oraz względną zawartość wody w liniach transgenicznym ziemniaka z nadekspresją czynników transkrypcyjnych MYB.

Brałam również udział w innych niż tu przytoczone doświadczeniach z zakresu patogenezы chorób ziemniaka [II.2.13, II.2.14 Załącznik 4] oraz genetycznego podłoża dziedziczenia koloru kwiatów [II.2.11 Załącznik 4] w ziemniaku.

W latach 2012-2020 byłam recenzentem 22 prac naukowych w czasopiśmie: *Acta Physiologiae Plantarum*, *Allelopathy Journal*, *Ecotoxicology and Environmental Safety*, *The Crop Journal*, *Journal of Plant Physiology*, *Plants*, *Photochemical & Photobiological Sciences*, *Proteins* i rozdziału w monografii. Podczas mojej działalności naukowej, zostałam trzykrotnie wyróżniona nagrodą indywidualną Dyrektora IHAR-PIB. W 2015 zdobyłam również Krajową Nagrodę Naukową z zakresu Genetyki Roślin im. Stefana Barbackiego przyznawaną przez Instytut Genetyki Roślin PAN [7b.5 Załącznik 3]. W 14 publikacjach jestem pierwszym autorem, w 10 autorem korespondującym oraz autorem głównym lub korespondującym w dwóch rozdziałach w monografiach. Jestem autorem głównym lub współautorem 19 doniesień konferencyjnych, w którym brałam czynny udział (poster lub referat), na których mój plakat lub wystąpienie zostało wyróżnione [7b.2, 7b.3, 7b.9 Załącznik 3].

6. *Osiągnięcia dydaktyczne, organizacyjne oraz popularyzujące naukę.*

W trakcie studiów doktoranckich w latach 2008-2011, prowadziłam zajęcia dydaktyczne z przedmiotu Fizjologia Roślin dla kierunków studiów: Biologia, Rolnictwo, Ogrodnictwo i Biotechnologia. Byłam wówczas opiekunem naukowym dwóch studentów wykonujących pracę licencjacką w Katedrze Fizjologii Roślin SGGW. Jestem autorem artykułu popularno-naukowego z zakresu fitoremediacji pt.: Fitoremediacja w usuwaniu zanieczyszczeń organicznych środowiska. *Ekonatura*, 75(2): 20-23.

W IHAR-PIB, opiekowałam się studentami, którzy odbywali praktyki letnie. Byłam również promotorem pracy magisterskiej mgr Zofii Wójcik pt.: „Potencjał fitotoksyczny ziemniaka (*Solanum sp.*)”.

Prowadziłam również wykłady dla nauczycieli szkół rolniczych, z zakresu allelopatii dla Krajowego Centrum Edukacji Rolniczej w Brwinowie, tytuł wykładu: „Wykorzystanie zjawiska allelopatii w praktyce rolniczej”.

7. *Inne informacje dotyczące kariery zawodowej*

a) *Odbyte kursy i szkolenia*

1. Szkolenie pt.: Wprowadzenie do analizy danych RNA-Seq. Ideas4Biology, Poznań, 8-9.04.2017.
2. Szkolenie pt.: Wprowadzenie do obróbki i analizy danych NGS. Ideas4Biology, Poznań, 3.03.2017.
3. Szkolenie pt.: Edycja genów techniką CRISPR-Cas9. DharmaconTM, IBB-PAN Warszawa, 12.10.2016.
4. Kurs Zastosowania Technologii e-learningowych w Dydaktyce. Uzyskane prawa do wdrażania systemów e-learningu na platformie Moodle. Wydział Zastosowań Informatyki i Matematyki SGGW, Warszawa, luty-wrzesień 2010.
5. Kurs biologii molekularnej pt.: Szkoła Ekspresji Genów. Organizator - Applied Biosystems. Warszawa, 2009.
6. Letnia szkoła doktorska pt.: RECETO PhD Summer School: Bioactive Natural Compounds in Soil: Analysis, Fate and Effects. Uniwersytet Kopenhaski i Uniwersytet w Aarhus, Dania, 26-31.07.2009.

b) *Nagrody i wyróżnienia*

1. Nagroda Indywidualna Dyrektora IHAR-PIB za publikację w czasopiśmie ze współzynnikiem IF. *Radzików* 2021.
2. Nagroda I stopnia za najlepszy plakat pt.: Assessment of potato (*Solanum sp.*) phytotoxic potential using metabolomic and transcriptomic approaches, na konferencji organizowanej przez Polskie Towarzystwo Biologii Eksperymentalnej Roślin. pt.: New trends in plant reproduction and growth regulation. Toruń, 9-12.09.2019.

3. Nagroda II stopnia za najlepszy plakat pt.: „Identification of genes regulating starch content in potato tubers by quantitative genomics and bulked segregant analysis”, na konferencji pt.: 19th Joint Meeting of the Section 'Breeding & Varietal Assessment' of the European Association for Potato Research (EAPR) and the EUCARPIA Section 'Potatoes' – EAPR 2018. Rostock, Warnemünde, Niemcy, 3-6.12.2018.
4. Nagroda Indywidualna Dyrektora IHAR-PIB za publikację w czasopiśmie ze współczynnikiem IF. Radzików 2017.
5. Krajowa Nagroda Naukowa z zakresu Genetyki Roślin im. Stefana Barbackiego przyznawana przez Instytut Genetyki Roślin PAN – nagroda II stopnia za „Badania nad *loci* cech ilościowych regulujące występowanie węglowodanów w bulwach ziemniaka”. Poznań, 2015.
6. Nagroda Indywidualna Dyrektora IHAR-PIB za publikację w czasopiśmie ze współczynnikiem IF. Radzików 2014.
7. Wyróżnienie Dziekana Wydziału Rolnictwa i Biologii SGGW za rozprawę doktorską pt.: „Mechanizm fitotoksycznego oddziaływania cyjanamidu na wzrost korzeni siewek pomidora (*Lycopersicon esculentum* L.) i kukurydzy (*Zea mays* L.)”. Warszawa 2012.
8. Mazowieckie Stypendium Doktoranckie Marszałka Województwa Mazowieckiego dla doktorantów, których prace badawcze wpisywały się w Strategię Rozwoju Województwa Mazowieckiego do 2020 r. Warszawa 2010.
9. Nagroda III stopnia za najlepszą prezentację wyników na międzynarodowej konferencji pt.: „Eco Physiological Aspects of Plant Responses to Stress Factors”. Instytut Fizjologii Roślin im. Franciszka Górskiego w Krakowie. Kraków 2009.

c) Zestawienie liczbowe osiągnięć naukowych

Typ publikacji	Przed uzyskaniem stopnia doktora	Po uzyskaniu stopnia doktora	Razem	Liczba cytowań bez autocytowań
W czasopismach posiadających IF	1	13 (w tym 4 stanowiące osiągnięcie habilitacyjne)	14	168*
W czasopismach nieposiadających IF	2	3	5	11**
Autorstwo rozdziału w monografii	0	2	2	184**
Publikacje popularnonaukowe	1	0	1	-
Doniesienia konferencyjne	8	11	19	-

* na podstawie bazy Web of Science na dzień 06.05.2021r.

** na podstawie bazy Google Scholar.

W 14 publikacjach jestem pierwszym autorem, a w 10 autorem korespondującym.

.....*Barbara Soltys-Kolme*.....
Podpis wnioskodawcy