

## Autoreferat

### 1. Katarzyna Szajko

**ORCID:** 0000-0001-5490-8960

2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe lub artystyczne – z podaniem podmiotu nadającego stopień, roku ich uzyskania oraz tytułu rozprawy doktorskiej.
  - **Magister inżynier** od 2 września 2005 r., Politechnika Łódzka, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności, kierunek Biotechnologia, specjalność Biotechnologia molekularna i Biochemia techniczna,
  - **Doktor** od 23 października 2012 r., Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie, dyscyplina Agronomia, pt: „Identyfikacja i mapowanie genów *Ny-1* i *Ny-2* warunkujących reakcję nadwrażliwości *Solanum tuberosum* L. na infekcję wirusem Y ziemniaka (*Potato virus Y*)”.
3. Informacja o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych lub artystycznych.
  - **Luty – wrzesień 2005 – student, magistrant** biotechnologii na Wydziale Biotechnologii i Nauk o Żywności Politechniki Łódzkiej. Synteza chemiczna pod kierunkiem prof. dr. hab. inż. Andrzeja Okruszka w Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych Polskiej Akademii Nauk w Łodzi,
  - **Styczeń – czerwiec 2006 – stażysta** w Pracowni Biotechnologii Zakładu Genetyki i Materiałów Ziemniaka w Młochowie, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie,
  - **Lipiec 2006 – marzec 2007 – inżynier** w Pracowni Biotechnologii Zakładu Genetyki i Materiałów Ziemniaka w Młochowie, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie,
  - **Kwiecień 2007 – grudzień 2012 – asystent** w Pracowni Biotechnologii Zakładu Genetyki i Materiałów Ziemniaka w Młochowie, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie,
  - **Styczeń 2013 – obecnie – adiunkt** w Zespole Genetyki i Fizjologii Zakładu Genetyki i Materiałów Ziemniaka w Młochowie, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie.
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 2021 r. poz. 478 z późn. zm.). Omówienie to winno dotyczyć merytorycznego ujęcia przedmiotowych osiągnięć, jak i w sposób precyzyjny określać indywidualny wkład w ich powstanie w przypadku, gdy dane osiągnięcie jest dziełem współautorskim, z uwzględnieniem możliwości wskazywania dorobku z okresu całej kariery zawodowej.

Zgodnie z treścią w/w ustawy, osiągnięciem naukowym dołączonym do wniosku o wszczęcie postępowania habilitacyjnego, jest cykl powiązanych tematycznie prac objętych wspólnym tytułem:

## **Badanie roślin ziemniaka w kontekście stresów biotycznych i abiotycznych w świetle badań proteomicznych.**

W skład osiągnięcia wchodzi cykl pięciu publikacji  
(dane naukometryczne wg Web of Science na 31.12.2022):

- I. **Katarzyna Szajko**, Danuta Strzelczyk-Żyta, Waldemar Marczewski (2018) Comparison of leaf proteomes of potato (*Solanum tuberosum* L.) genotypes with ER- and HR- mediated resistance to PVY infection, European Journal of Plant Pathology 150: 375–385, IF<sub>2018</sub>= 1.744, Liczba cytowań: 7

Główna wykonawczyni doświadczeń, udział w analizie i interpretacji wyników oraz przygotowaniu manuskryptu.

- II. **Katarzyna Szajko**, Dorota Sołtys-Kalina, Bogna Szarzyńska, Danuta Strzelczyk-Żyta, Zofia Szweykowska-Kulińska, Waldemar Marczewski (2019) A comparative proteomic analysis of the PVY-induced hypersensitive response in leaves of potato (*Solanum tuberosum* L.) plants that differ in *Ny-1* gene dosage, European Journal of Plant Pathology 153: 385–396, IF<sub>2019</sub>= 1.582, Liczba cytowań: 2

Główna wykonawczyni doświadczeń, udział w analizie i interpretacji wyników oraz przygotowaniu manuskryptu.

- III. **Katarzyna Szajko**, Jarosław Plich, Jarosław Przetakiewicz, Dorota Sołtys-Kalina, Waldemar Marczewski (2020) Comparative proteomic analysis of resistant and susceptible potato cultivars during *Synchytrium endobioticum* infestation, Planta 251: 4, IF<sub>2020</sub>= 4.116, Liczba cytowań: 5

Wykonawczyni badań proteomicznych na żelach 2D-SDS-PAGE. Analiza obrazu i interpretacji wyników identyfikacji białek. Współudział w przygotowaniu manuskryptu.

- IV. Renata Lebecka, Michał Kistowski, Janusz Dębski, **Katarzyna Szajko**, Zofia Murawska, Waldemar Marczewski (2019) Quantitative proteomic analysis of differentially expressed proteins in tubers of potato plants differing in resistance to *Dickeya solani*, Plant and Soil 441: 317–329, IF<sub>2019</sub>= 3.299, Liczba cytowań: 8

Optymalizacja ekstrakcji białek z bulw ziemniaka i przygotowanie prób do badań metodą spektrometrii mas.

- V. **Katarzyna Szajko**, Dorota Sołtys-Kalina, Małgorzata Heidorn-Czarna, Paulina Smyda-Dajmund, Iwona Wasilewicz-Flis, Hanna Jańska, Waldemar Marczewski (2022) Transcriptomic and proteomic data provide new insights into cold-treated potato tubers with T- and D- type cytoplasm, Planta 255: 97, IF<sub>2021/2022</sub>= 4.116, Liczba cytowań: 0

Autorka korespondująca. Udział w przygotowaniu badań, wykonanie doświadczeń proteomicznych. Udział w analizie i interpretacji wyników identyfikacji białek oraz przygotowaniu manuskryptu.

Artykuły zostały uszeregowane według tematyki badań i rodzaju zastosowanych analiz proteomicznych. Wyniki identyfikacji białek różnicowych w ziemniaku, w warunkach stresu biotycznego lub abiotycznego uzyskano: techniką żelową 2D-SDS-PAGE (2-dimensional – sodium dodecyl sulfate – polyacrylamide gel electrophoresis, w skrócie 2DE) [publikacje I, II i III] oraz *label free* LC-MS/MS (liquid chromatography coupled to tandem mass spectrometry) [publikacje IV i V].

W publikacjach I – IV prowadzono badania odpowiedzi ziemniaka na stresi biotyczne wywoływane przez różne patogeny ziemniaka (wirus Y ziemniaka, bakteria *Dickeya solani* i grzyb *Synchytrium endobioticum*). W publikacji V przedstawiono wyniki badań proteomicznych w bulwach wybranych form ziemniaka diploidalnego, z typem cytoplazmy T i D, przechowywanych przez trzy miesiące w temperaturze 4°C.

## WSTĘP

Ziemniak jest jedną z najważniejszych roślin rolniczych na świecie (Devaux i wsp. 2014). Jego znaczenie stale rośnie, szczególnie w Azji i w Afryce, gdzie w ostatniej dekadzie powierzchnia uprawy ziemniaka zwiększyła się dwukrotnie. Pierwsze dwa miejsca wśród producentów zajmują Chiny i Indie, w których znajduje się 51 % całkowitej światowej produkcji ziemniaka (FAO. 2021). Wzrost popularności ziemniaka w wielu rejonach świata wiąże się z jego najwyższą wśród wszystkich roślin wartością energetyczną w stosunku do powierzchni uprawy oraz wysoką wartością odżywczą. Polska jest jednym z największych producentów ziemniaków w Europie i zajmuje dziewiąte miejsce w świecie (FAOSTAT. 2021). Polska jest też ważnym eksporterem produktów ziemniaka przetworzonego. Stresi biotyczne i abiotyczne znacząco wpływają na obniżenie wielkości i jakości plonu bulw ziemniaka. Produkcja nasienna, mająca kluczowe znaczenie w produkcji ziemniaka, w Polsce zapewnia tylko 10 % krajowego zapotrzebowania na sadzeniaki. Rozmnażanie wegetatywne ziemniaka i stosowanie w produkcji niekwalifikowanych sadzeniaków prowadzi do występowania różnych chorób. Choroby te obniżają wielkość plonu, jego jakość i przyczyniają się do strat plonu bulw w czasie przechowywania. Porażone przez patogeny bulwy stanowią źródło infekcji w kolejnych sezonach wegetacyjnych. Wirus Y ziemniaka (*Potato Virus Y*, PVY), bakteria *Dickeya solani* powodująca mokrą zgniliznę bulw i czarną nóżkę ziemniaka oraz grzyb *Synchytrium endobioticum* – sprawca raka ziemniaka (choroba kwarantanna) należą do grupy najważniejszych ekonomicznie patogenów ziemniaka. Z kolei kumulacja cukrów redukujących w bulwach ziemniaka, które są przechowywane w niskiej temperaturze (cold sweetening) to przykład stresu abiotycznego, niekorzystnego dla przetwórstwa spożywczego.

W Zakładzie Genetyki i Materiałów Wyjściowych Ziemniaka IHAR-PIB w Młochowie od wielu lat prowadzi się prace nad wzbogacaniem materiałów hodowlanych ziemniaka o nowe źródła pożądanych właściwości. Genetyczne podstawy odporności roślin ziemniaka na stresi biotyczne i abiotyczne badane są w dzikich gatunkach *Solanum*, formach ziemniaka diploidalnego o różnym pochodzeniu, a także tetraploidalnych odmianach ziemniaka uprawnego. W pracy Flis i wsp. (2005) zidentyfikowano i zmapowano gen krańcowej odporności *Ry-fsto* z dzikiego gatunku *Solanum stoloniferum*, który w odróżnieniu od form z kolekcji europejskich z genem *Ry* wytwarza w pylnikach płodny pyłek. W dalszych wspólnych badaniach gen *Ry-fsto* sklonowano (Grech-Baran i wsp. 2020) a jego sekwencję opatentowano (nr patentu US WO2019023587A1). W ramach mojej pracy doktorskiej zidentyfikowałam i zmapowałam geny odporności na wirus Y ziemniaka typu nadwrażliwość (HR, hypersensitive resistance). Należą do nich geny z grupy *Ny-1* (Szajko i wsp. 2008, Szajko i wsp. 2014), gen *Ny-2* (Szajko i wsp. 2014) oraz gen *Ny-DG* (Szajko i wsp. 2019). W latach 2007 – 2009 w wyniku krzyżowania tetraploidalnego klonu PW363 z genem *Ry-fsto* z odmianą Rywal z genem *Ny-1* uzyskałam formy z połączonymi genami *Ry-fsto* i *Ny-1*.

Natomiast formy z dwoma allelami genu *Ny-1* otrzymałam w wyniku krzyżowania odmiany Rywal z odporną formą potomną z populacji mapującej gen *Ny-1*.

Badania proteomiczne są cennym źródłem wiedzy o funkcjonowaniu organizmów. Proteom jest funkcjonalną reprezentacją genomu. Zmienność liczby i rodzaju białek, ich ekspresji, konformacji i modyfikacji oraz wzajemnych oddziaływań w zależności od fazy rozwoju i warunków środowiskowych, warunkuje zdecydowanie wyższą złożoność proteomu, niż sama struktura genomu (Berg i wsp. 2021). Dodatkowo, sekwencja aminokwasowa białek jest uzależniona od sekwencji DNA w genomie jądrowym i/lub organellowym (plastydy i mitochondria), gdzie po procesie transkrypcji i dojrzewania mRNA ma miejsce synteza białka o konkretnej konformacji i komórkowej lokalizacji. Modyfikacje posttranslacyjne białek (fosforylacja i ubikwitynacja) są uzależnione od czynników stresowych oraz stanu fizjologicznego rośliny. W badaniach proteomów różnicowych można obserwować białka zdefiniowane poprzez ilość unikatowych peptydów w badanych grupach badawczych (Baloff i wsp. 2022). Kluczowe znaczenie dla obrazu zidentyfikowanych białek ma także zastosowana procedura izolacji i metoda detekcji. W elektroforezie dwuwymiarowej (2DE) analizuje się całkowite mieszaniny białkowe uzyskane z lizatów komórkowych. 2DE umożliwia rozdzielanie złożonych mieszanin białek na bazie różnic punktu izoelektrycznego (pI), masy cząsteczkowej ( $M_r$ ), rozpuszczalności i ich względnej ilości. Ponadto dostarcza również informacje o zmianach w poziomie ekspresji białek, o ich różnych izoformach oraz modyfikacjach posttranslacyjnych. W technice 2DE w rozwinięciu pierwszego wymiaru wykorzystuje się gradient pH (IPG, immobilized pH gradients). Utrwalone żele 2D-SDS-PAGE z wyraźnie zaznaczonymi plamami białkowymi poddaje się analizie bioinformatycznej, aby wyselekcjonować pojedyncze i charakterystyczne plamy różnicujące między sobą badane próby. W przypadku 2DE można jednoznacznie określić różnice jakościowe pomiędzy badanymi próbami (Gorg i wsp. 2004). W przypadku analizy *label free* LC-MS/MS wynikiem są zidentyfikowane białka. Każde białko opisane jest przez unikatowe peptydy, które w wyniku wcześniejszych prac proteomicznych zostały umieszczone w bazie danych sekwencji białkowych jak np. Uniprot. Na podstawie zmierzonych stężeń poszczególnych peptydów można określić ilościowe różnice pomiędzy mieszaninami białkowymi. Dodatkowo technika *label free* LC-MS/MS pozwala na oznaczenie peptydów, które uległy fosforylacji i/lub ubikwitynacji.

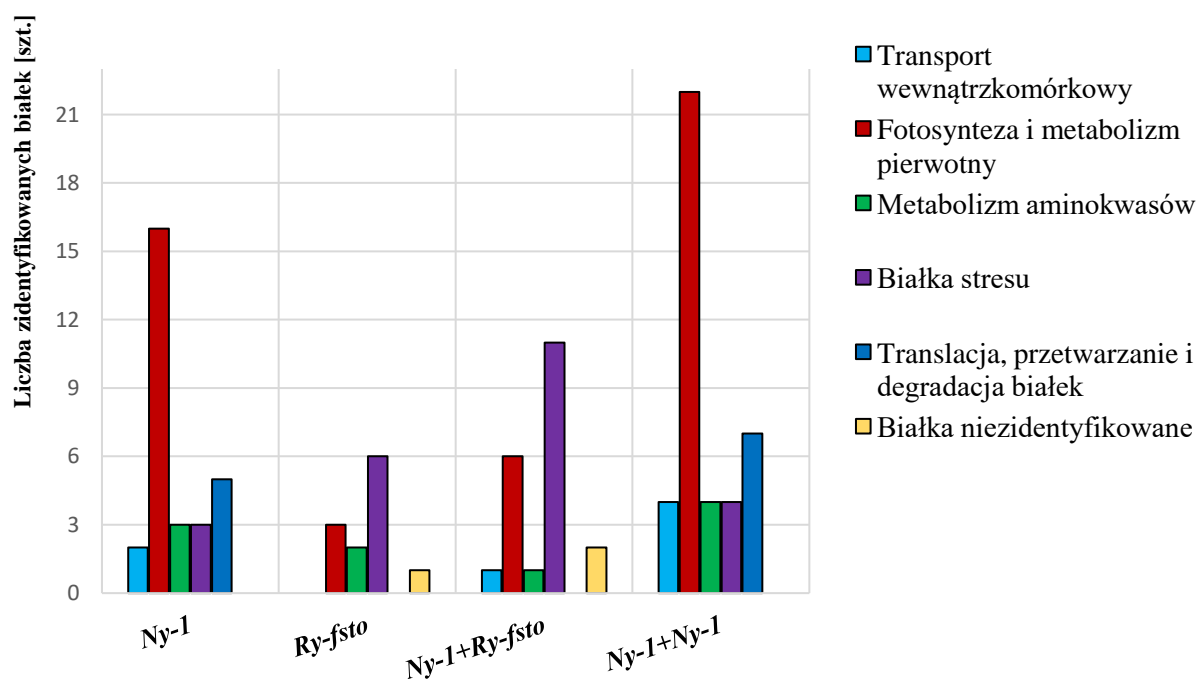
## WYNIKI

Metodę elektroforezy dwuwymiarowej wykorzystałam w badaniach opisanych w publikacjach **I - III**.

W publikacji **I** porównałam profile białkowe w liściach inokulowanych PVY w 6 dniu po inokulacji tetraploidalnych form ziemniaka o krańcowej odporności (ER, rośliny z genem *Ry-fsto*) i wykazujących reakcję typu HR (rośliny z genem *Ny-1*), a także w roślinach z połączonymi genami *Ry-fsto* i *Ny-1* (rośliny o krańcowej odporności). Zadaniem badawczym było znalezienie markerów białkowych związanych z odpornością typu ER i HR. Dla formy z genem *Ny-1* rozpoznano 465 plam białkowych, w roślinach z genem *Ry-fsto* wykryto 533 plam, a w roślinach z połączonymi genami *Ry-fsto* i *Ny-1* zidentyfikowano 560 plam. Zaobserwowałam dwa wspólne białka: aminotransferazę 2-glutaminiano-glioksyłanu (GGAT2) i reduktazę 5-monodehydroaskorbinianu (MDHAR5) dla wszystkich trzech badanych form w szóstym dniu infekcji PVY. Dodatkowo 56 białek wyróżniono w badaniach metodą 2DE. Zidentyfikowałam po raz pierwszy białka różnicowe związane z odpornością ziemniaka na PVY warunkowaną genami *Ny-1*, *Ry-fsto* oraz w formie z posiadającymi genami *Ny-1* z *Ry-fsto* (Rys. 1). Zidentyfikowane białka zakwalifikowano do sześciu grup funkcyjnych. W formach z pojedynczym genem *Ny-1* przeważała grupa białek związanych z fotosyntezą i metabolizmem pierwotnym. Natomiast w roślinach z genem *Ry-fsto* i w formach

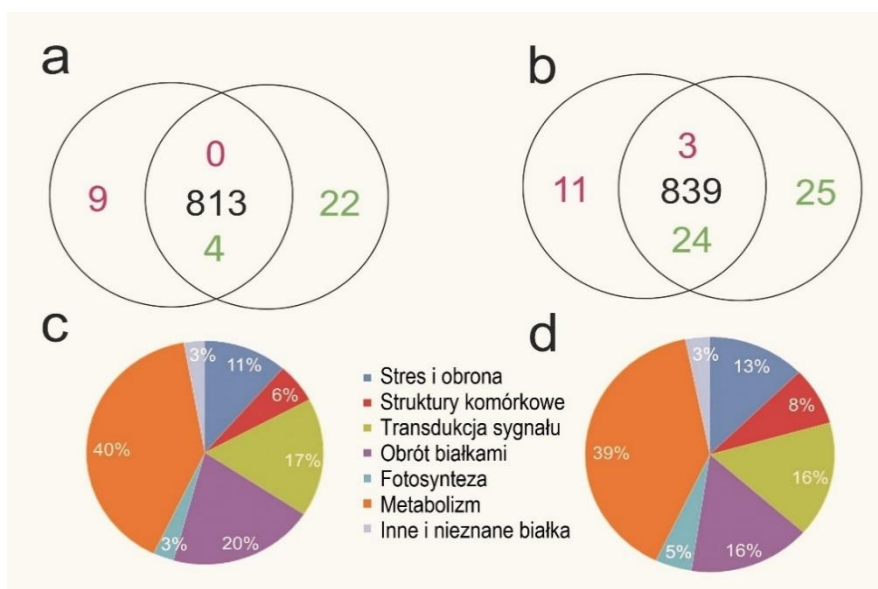
*Ny-1* + *Ry-fsto* największy udział miały białka stresu. Ten wynik może wskazywać na epistatyczne interakcje między tymi genami.

Publikacja II to oryginalna praca, w której porównałam profile białkowe w próbach z liści tetraploidalnych form ziemniaka 6 dni po inokulacji PVY. Były to rośliny z pojedynczym allelem genu *Ny-1* (odmiany Rywal, simpleks) oraz rośliny z dwoma allelami *Ny-1* (klon PB07-037, dupleks). Zaobserwowałam, że badane formy różniły się wielkością nekroz na liściach inokulowanych w 6 dniu po inokulacji. Nekrozy na liściach inokulowanych PVY formy PB07-037 były znacznie mniejsze, niż na liściach inokulowanych odmiany Rywal. Zadaniem badawczym było znalezienie ilościowych i jakościowych różnic w profilach białkowych związanych z odpornością typu HR. Dodatkowo wykonałam badania metodą półilościowego RT-PCR ekspresji genów białka płaszczka PVY (CP-PVY) w liściach formy simpleks i dupleks w stosunku do prób z form podatnych (nullipleks). Dla formy simpleks genu *Ny-1* rozpoznałam 465 plam białkowych. Natomiast w roślinach formy dupleks wykryłam 760 plam. Ostatecznie zidentyfikowano 30 białek o różnicowej ekspresji w odmianie Rywal i 60 białek w klonie PB07-37. Wyróżniono 8 białek wspólnych: chloroplastowa syntaza ATP CF1 o łańcuchu alfa lub podjednostce beta, mitochondrialna syntaza ATP beta, aminopeptydaza leucyny, transketolaza, 13S-lipoksygenaza linoleinian 2-1, MDHAR5 i niescharakteryzowane białko ycf29, które zaobserwowano w liściach obu form w szóstym dniu infekcji PVY. Nie stwierdzono, aby obecność tych białek korespondowała z dawką genu *Ny-1* w badanych formach simpleks i dupleks. Dla samej formy dupleks zidentyfikowałam dodatkowo 41 białek w próbach z liści infekowanych PVY. Rysunek 1 obrazuje liczbę zidentyfikowanych białek w genotypach opisanych w publikacjach I i II, z podziałem na funkcjonalne klasy. Dla formy simpleks i dupleks względem genu *Ny-1* największą ekspresję wykazywały białka z klasy fotosynteza i metabolizm pierwotny. Dodatkowo zaobserwowałam, że we wszystkich badanych formach z genem *Ny-1* ujawniła się klasa białek związanych z transportem wewnątrzkomórkowym. Otrzymane wyniki mogą być wykorzystane w pogłębionych badaniach nad współistnieniem genów warunkujących odporność typu ER i HR na PVY.



Rysunek 1. Zestawienie liczby białek o określonej funkcji w komórce, zidentyfikowanych w liściach inokulowanych odmiany Rywal (gen *Ny-1*) oraz form: PW363 (gen *Ry-fsto*), PB08-137 (geny *Ry-fsto* i *Ny-1*) i PB07-037 (dwa allele genu *Ny-1*) w 6 dniu po infekcji PVY.

Publikacja **III** to kolejny przykład wykorzystania metody 2DE do identyfikacji białek związanych z odpowiedzią roślin na stres biotyczny. Podobnie jak w przypadku badań opisanych publikacjach **I** i **II**, badałam profile białkowe związane z odpornością warunkowaną przez pojedynczy gen główny. W tym przypadku była to reakcja na infekcję powodowaną przez grzyb *Synchytrium endobioticum*, który jest patogenem kwarantannowym, wywołującym chorobę rak ziemniaka. Materiałem badawczym było pięć odmian ziemniaka. Badana odporność warunkowana była genem *Sen1*. Odporne na grzyba odmiany Carlose i Humalda posiadały obecność markera molekularnego genu *Sen1*, a podatne odmiany Sebago, Seneca i Wauseon nie posiadały tego markera. Wszystkie badane odmiany pochodzą z krzyżowań z odmianą Katahdin i stanowią tzw. rodzinę półrodzeństw. W 15 dniu po infekcji bulw zostały pobrane kielki badanych odmian. Analizy proteomiczne wykonałam w celu znalezienia wyznaczników białkowych związanych z odpornością i/lub podatnością odmian na *S. endobioticum*. Roztwory białkowe poddano analizie 2DE podobnie jak w publikacjach **I** i **II**. Całkowita ilość plam białkowych w odmianach odpornych wynosiła 848, a w odmianach podatnych – 902. Na rysunku nr 2 przedstawiono białka indukowane przez *S. endobioticum* w odmianach odpornych i podatnych, z podziałem na białka, dla których stwierdzono różnice ilościowe i jakościowe.



Rysunek 2. Liczba plam białkowych zidentyfikowanych w próbach z genem *Sen1* (a) oraz w odmianach podatnych (b) po zakażeniu *S. endobioticum*. Fioletowa czcionka – białka specyficzne dla prób traktowanych *S. endobioticum*; czarna czcionka – plamy wspólne; zielona czcionka – liczba białek specyficznych dla kontroli. Wykres kołowy procentowego udziału zidentyfikowanych białek wg funkcji charakterystycznych dla form odpornych (c) i podatnych (d).

Wykonałam badania densytometrycznie żeli 2DE dla prób z odmian odpornych i podatnych w 15 dniu po infekcji. Zaobserwowałam 12 wspólnych białek, które wykazywały różnice ilościowe pomiędzy próbami z odmian podatnych i odpornych oraz 12 białek, które były obecne tylko w formach odpornych. Największą grupę funkcyjną zidentyfikowanych białek stanowiły białka utożsamiane ze stresem i reakcją obronną. W tej grupie zidentyfikowano 13 białek, w tym 7 z nich to białka opiekuńcze (chaperony, HSP). Ośiem białek z tej grupy były tylko w odmianach odpornych, trzy były ilościowo różnie reprezentowane w odmianach odpornych (fold change >1,5), a dwa (fold change <0,5) w porównaniu z odmianami podatnymi. Otrzymane wyniki wskazują, że w przestrzeniach

międzykomórkowych, a w szczególności w apoplacie, może dochodzić do uwolnienia reaktywnych form tlenu (ROS, reactive oxygen species) we wczesnej fazie infekcji. W wyniku reakcji obronnej rośliny odpornej doszło do neutralizacji ROS przez hydrolazopodobny enzym S-adenozyl-L-homocysteinę oraz dysmutazę ponadtlenową (Podgórska i wsp. 2017). Natomiast tak licznie występujące białka szoku cieplnego (HSP)/białka opiekuńcze są kluczowymi składnikami wielu reakcji na stres. Są one zaangażowane w utrzymanie funkcjonalnej konformacji białek w stanie natywnym oraz zapobieganie agregacji białek w wielu normalnych procesach komórkowych oraz w warunkach stresów biotycznych i abiotycznych. Uzyskane wyniki mogą być pomocne poznaniu specyfiki reakcji ziemniaka na infekcję *S. endobioticum*, zwłaszcza w odpowiedzi na zakażenie różnymi patotypami *S. endobioticum*, w szczególności w przypadku odporności warunkowanej przez inne geny *Sen2 – Sen5* (Plich i wsp. 2018, Prodhomme i wsp. 2020).

Reakcja roślin/bulw ziemniaka na powyższe stresy biotyczne była warunkowana przez pojedynczy gen, co znacznie ułatwiało wykonanie analiz 2DE. Sytuacja jest bardziej złożona, jeżeli reakcja roślin na stres jest warunkowana przez wiele genów oraz jest znacząco uzależniona od czynników środowiskowych. Złożoność reakcji powoduje, że zastosowanie w badaniach proteomicznych metody spektrometrii mas może być bardziej skuteczne. Metoda LC-MS/MS umożliwia ilościową i jakościową identyfikację białek oraz pozwala na wyłonienie białek różnicowych dla porównywanych grup. Metoda ta została zastosowana w publikacjach **IV** i **V**. W pracach tych opisano wyniki badań proteomicznych dla bulw ziemniaka poddanych stresowi biotycznemu – zakażenie bulw przez bakterie *Dickeya solani* (publikacja **IV**) oraz bulw wystawionych na działanie stresu niskiej temperatury podczas przechowywania (publikacja **V**).

Bulwy narażone są na działanie różnych patogenów i szkodników podczas wegetacji oraz w czasie przechowywania. Jednym z takich patogenów są bakterie pektynolityczne. W publikacji **IV** badano białka związane z odpowiedzią ziemniaka na infekcję *Dickeya solani*. Bakterie te mogą dostać się do bulwy poprzez mechaniczne uszkodzenia, naturalnie otwarte przetchniki lub kształtujące się stolony. Gnijące bulwy w ziemi lub w przechowalni stanowią źródło infekcji dla otaczających je innych bulw. Bakteria *D. solani* powoduje mokrą zgniliznę bulw oraz „czarną nóżkę”, która występuje w roślinach w czasie wegetacji. W publikacji **IV** bulwy form tetraploidalnych i diploidalnych ziemniaka były kaleczone, a następnie inokulowane wystandaryzowaną zawiesiną bakterii. W doświadczeniu porównywano bulwy badanej formy traktowane po skaleczeniu inokulum bakteryjnym lub samą wodą. Dodatkową kontrolą wpływu uszkodzenia na poziom odporności były bulwy nietraktowane, ale umieszczone w komorze inkubacyjnej z resztą doświadczenia. W ósmej godzinie po inokulacji, bulwy krojono wzdłuż miejsca inokulacji i pobierano fragmenty bulw korkoborem wzdłuż granicy uszkodzenia. Następnie pobraną tkankę zliofilizowano, aby wyizolować białka oraz wykonać analizę różnicową typu *label free* z wykorzystaniem techniki chromatografii cieczowej powiązanej ze spektrometrią mas (LC-MS/MS). Zaobserwowano, że już 8 h po inokulacji dochodzi do wczesnej reakcji bulw na infekcję *D. solani*. Materiałem doświadczalnym były bulwy odmian stanowiących rodzinę półrodzeństw (pochodzących od odmiany Katahdin) oraz diploidalnych mieszańców międzygatunkowych ziemniaka, różniących się między sobą poziomem odporności na bakterie *D. solani*. Formy o wyższej odporności charakteryzowały się słabszym gniciem lub na tyle szybkim zagojeniem rany, że do objawów gnicia nie dochodziło. Objawy porażenia oceniano po trzech dniach inkubacji w 26°C. Wyniki identyfikacji białek różnicujących dla form tetraploidalnych dotyczyły dziesięciu grup badawczych. Te grupy to pięć odmian w dwóch sposobach traktowania po zranieniu (bakterie, woda). Średnia ilość zidentyfikowanych białek w badanej próbie to 1450 (w zakresie 1200 – 1733 odczytów/próbę). Mój udział w badaniach dotyczył przygotowania ekstraktów białkowych do analiz LC-MS/MS. Z uwagi

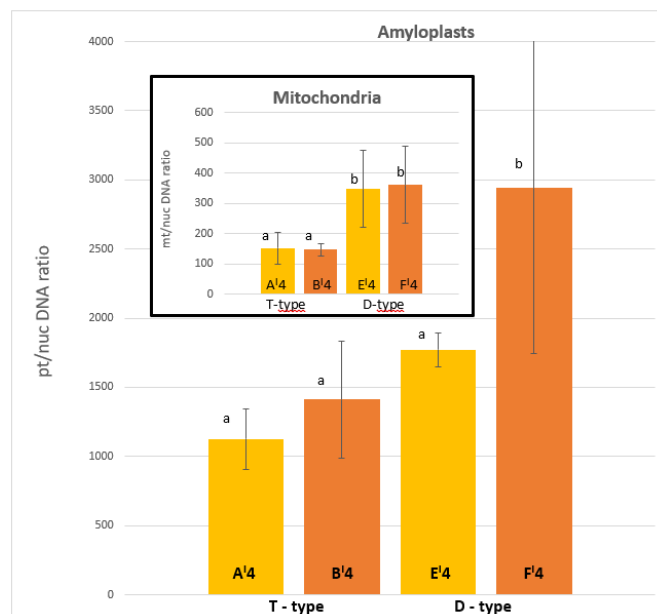
na fizjologiczną specyfikę bulw uzyskanie właściwych ekstraktów białkowych wymagało wykonania szeregu wstępnych działań eksperymentalnych. Zdobyte doświadczenie wykorzystałam w badaniach opisanych w publikacji V.

Bulwy ziemniaka stanowią materiał do rozmnożenia i uprawy w kolejnym sezonie wegetacyjnym. Aby było to możliwe, trzeba przechować ten materiał od zbioru do posadzenia na polu. W przechowalniach trzeba zapewnić odpowiednie warunki wilgotności i temperatury. Najczęściej bulwy ziemniaka przechowuje się w temperaturze 4°C. Takie warunki spowolniają proces utraty wody, opóźniają kiełkowanie oraz ograniczają rozwój chorób przechowalniczych. Jednak niska temperatura przechowywania może prowadzić do „cold-induced sweetening” (CIS). Zjawisko „cold-induced sweetening” polega na rozkładzie skrobi na cukry redukujące, czyli fruktozę i glukozę (Isherwood, 1973). Obecność cukrów prostych w bulwach przeznaczonych na chipsy jest niepożądana. W wyniku smażenia powstają ciemne chipsy pełne akrylamidu i innych związków Maillarda. Dlatego zostały określone przez EFSA (European Food Safety Authority) normy obecności i genotoksyczności akrylamidu w celu kontrolowania bezpieczeństwa żywności poddanej obróbce termicznej, w szczególności z samych ziemniaków lub ich dodatkami (Benford i wsp. 2022).

W publikacji V postawiono hipotezę, że stres chłodu odmiennie wpływa na profil ekspresji genów i białek w bulwach o różnym typie cytoplazmy (T lub D). Za typ cytoplazmy w populacji odpowiedzialna jest forma mateczna. Dlatego w zaplanowanym doświadczeniu brały udział dwie populacje, w których rodzice byli wspólni. W diploidalnych formach rodzicielskich klon DG12-3/54 miał cytoplazmę typu T, a klon DG11-313 cytoplazmę typu D. Obie formy rodzicielskie nie kumulowały cukrów redukujących w bulwach po przechowywaniu w 4°C. W wyniku skrzyżowania DG12-3/54 × DG11-313 otrzymano populację o cytoplazmie typu T, a DG11-313 × DG12-3/54 to była populacja o cytoplazmie typu D. Mitochondria i plastydy odpowiedzialne są za wewnętrzną homeostazę komórki podczas rozwoju, wzrostu i reakcji na stres. W badaniach nad wpływem typu cytoplazmy skupiłam się na różnicowej analizie proteomicznej białek wyizolowanych z frakcji plastydowej i mitochondrialnej. Na początku określiłam względną zawartość plastydów i mitochondriów w stosunku do jądrowego DNA. Ilość frakcji plastydowej w badanych próbach była dziesięciokrotnie większa niż ilość frakcji mitochondrialnej (rysunek 3). Frakcję plastydową z bulw o jasnym i ciemnym kolorze chipsów wykonałam według procedury opisanej w Stensballe i wsp. 2008. We współpracy z zespołem profesor Hanny Jańskiej z Wydziału Biotechnologii Uniwersytetu Wrocławskiego dostosowałam procedurę izolacji frakcji mitochondrialnej z bulw przechowywanych w 4°C, które wykazywały jasny i ciemny kolor chipsów. Z otrzymanych frakcji organelli wyizolowałam białka, które oznaczyłam ilościowo i oddałam do analizy *label free* LC-MS/MS. We frakcji plastydowej oznaczono 2597 białek, a dla frakcji mitochondrialnej – 3485. Jeżeli w wyniku identyfikacji białek różnicowych nie było informacji czy jest pochodzenia plastydowego, czy mitochondrialnego, to w bazie danych UniProt przeszukiwałam poszczególne białka w celu określenia lokalizacji komórkowej. Dwa białka dla prób o cytoplazmie typu T związane były z frakcją amyloplastową, dla których różnica między białkami z prób o ciemnym kolorze chipsów do prób z bulw o jasnym kolorze chipsów wynosiła 2 przy współczynniku istotności  $q < 0,05$ . W próbach z frakcji mitochondrialnej dla cytoplazmy T zidentyfikowano pięć białek różnicowych, z czego cztery oznaczono w bulwach, które dały chipsy o ciemnym kolorze. Były to: białko SAM50 (M1CZK6), dehydrogenaza jabłczanu (M1BPZ5), peroksydaza askorbinianowa (M1A6L9) i homolog endoplazminy (M1ALZ6). Natomiast małe mitochondrialne białko szoku cieplnego (M1A0Z7) było charakterystyczne dla prób z bulw o niskiej zawartości cukrów redukujących. W próbach z form o cytoplazmie typu D zidentyfikowano 37 białek różnicujących charakterystycznych dla frakcji mitochondrialnych, z czego 36 było ponad 2-krotnie więcej w próbach o niskiej zawartości



cukrów redukujących. W niniejszej pracy opisano po raz pierwszy analizę różnicową ekspresji genów i białek, uwzględniając typ cytoplazmy i kolor chipsów z bulw po stresie chłodu. Nasze badania sugerują, że typy T i D cytoplazmy mogą w odmienny sposób wpływać na kumulację cukrów w przechowywanych bulwach ziemniaka. Dodatkowo była inicjatorką i wykonawczynią badań względnej ilości plastydów i mitochondriów w stosunku do genomowego DNA techniką qPCR. Badania te przeprowadzono w pierwszym roku badań bulw obu populacji przechowywanych w 4°C, których plastry po smażeniu miały jasny lub ciemny kolor chipsów. Z zebranych plasterków bulw wyizolowano DNA, w którym określono stosunek (ratio) mitochondrialnego DNA (mt) i amyloplastowego DNA (pt) do jądrowego DNA (nuc) (rys. 3). W analizie tej zaobserwowano istotnie mniej mitochondrialnego DNA (mtDNA) w próbach dla form o typie T cytoplazmy w stosunku do form o cytoplazmie typu D. Natomiast ilość plastydów (ptDNA) w formach o ciemnym kolorze chipsów i cytoplazmie typu D była istotnie większa niż w pozostałych próbach. Względna ilość mitochondriów nie ma wpływu na poziom kumulacji cukrów redukujących w badanych typach cytoplazmy. Natomiast ilość amyloplastów w bulwach form o wysokiej zawartości cukrów redukujących i o cytoplazmie typu D wskazuje, że ta frakcja organelli może mieć wpływ na metabolizm skrobi w bulwach.



Rysunek 3. Względna zawartość frakcji amyloplastowych i mitochondrialnych w formach potomnych populacji o różnym typie cytoplazmy T lub D po trzecim miesiącu przechowywanie w 4°C. Jasne słupki to formy z niską zawartością cukrów redukujących (o jasnym kolorze chipsów), pomarańczowe z wysokim stężeniem cukrów redukujących (o ciemnym kolorze chipsów).

#### SZCZEGÓLNE OSIĄGNIĘCIA NAUKOWE ZAWARTE W CYKLU PRAC:

- Wyselekcjonowanie białek różnicowych związanych z odpornością ziemniaka na PVY warunkowanych genami głównym *Ny-1*, *Ry-fsto* oraz w formach z połączonymi genami *Ny-1* z *Ry-fsto* i *Ny-1* z *Ny-1*,
- Wyselekcjonowanie białek różnicowych związanych z odpornością ziemniaka na *S. endobioticum* warunkowaną genem głównym *Sen1*,

- Optymalizacja procedury przygotowania ekstraktów białkowych do identyfikacji białek różnicowych związanych z poligeniczną odpornością ziemniaka na bakterie *D. solani* w ziemniaku tetraploidalnym oraz w diploidalnych mieszańcach międzygatunkowych różniących się między sobą poziomem odporności na te bakterie,
- Optymalizacja oznaczenia względnej zawartości plastydów i mitochondriów w stosunku do genomowego DNA,
- Opracowanie protokołów przygotowania frakcji plastydowych i mitochondrialnych z diploidalnych bulw ziemniaka po okresie przechowywania,
- Wyselekcjonowanie białek różnicowych we frakcjach plastydowych i mitochondrialnych, związanych z kumulacją cukrów redukujących w bulwach diploidalnych form o różnym typie cytoplazmy poddanym stresowi chłodu.

Rezultaty badań przedstawione w opisanych pracach mają znaczenie poznawcze i praktyczne. Opracowane metody mogą być przydatne w wyselekcjonowaniu charakterystycznych dla danego stresu pojedynczych białek lub grup białek, które mogą być podstawą do dalszych pytań badawczych.

## LITERATURA

- Balotf S, Wilson R, Tegg RS, Nichols DS, Wilson CR (2022) Shotgun Proteomics as a Powerful Tool for the Study of the Proteomes of Plants, Their Pathogens, and Plant–Pathogen Interactions, *Proteomes* 10(1): 5,
- Benford D, Bignami M, Chipman JK, Ramos Bordajandi L (2022) Scientific Report, Assessment of the genotoxicity of acrylamide, European Food Safety Authority (EFSA) <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2022.7293>,
- Berg JM, Stryer L, Tymoczko JL, Gatto GJ (2021) „Biochemia” [tłumaczenie Szweykowska-Kulińska Z i Jarmołowski A], Wydawnictwa Naukowego PWN, Warszawa: 67-107,
- Devaux A, Kromann P, Ortiz O (2014) Potatoes for sustainable global food security, *Potato Research* 57: 185– 199,
- FAO (2021) World Food and Agriculture – Statistical Yearbook 2021, Rzym, <https://doi.org/10.4060/cb4477en>,
- FAOSTAT (2021) FAOSTAT,
- Flis B, Hennig J, Strzelczyk-Żyta D, Gebhardt C, Marczewski W (2005) The *Ry-fsto* gene from *Solanum stoloniferum* for extreme resistant to Potato virus Y maps to potato chromosome XII and is diagnosed by PCR marker GP122718 in PVY resistant potato cultivars, *Molecular Breeding* 15: 95–101,
- Gorg A, Weiss W, Dunn MJ (2004) Current two-dimensional electrophoresis technology for proteomics, *Proteomics* 4: 3665-3685,
- Grech-Baran M, Witek K, Szajko K, Witek AI, Morgiewicz K, Wasilewicz-Flis I, Jakuczun H, Marczewski W, Jones JDG, Hennig J (2020) Extreme resistance to *Potato Virus Y* in potato carrying the *Rysto* gene is mediated by a TIR-NLR immune receptor, *Plant Biotechnology Journal* 18(3): 655-667,
- Isherwood FA (1973) Starch-sugar interconversion in *Solanum tuberosum*, *Phytochemistry* 12: 2579-259,
- Plich J, Przetakiewicz J, Śliwka J, Flis B, Wasilewicz-Flis I, Zimnoch-Guzowska E (2018) Novel gene *Sen2* conferring broad-spectrum resistance to *Synchytrium endobioticum* mapped to potato chromosome XI, *Theor Appl Genet* 131: 2321–2331,

- Podgórska A, Burian M, Szal B (2017) Extra-cellular but extra-ordinarily important for cells: apoplastic reactive oxygen species metabolism, *Front Plant Sci* 8: 1353,
- Prodhomme C, van Arkel G, Plich J, Tammes JE, Rijk J, van Eck HJ, Visser RGF, Vossen JH (2020) A Hitchhiker's guide to the potato wart disease resistance galaxy, *Theor Appl Genet* 133: 3419–3439,
- Stensballe A, Hald S, Bauw G, Blennow A, Welinder KG (2008) The amyloplast proteome of potato tuber, *FEBS J* 275: 1723–1741,
- Szajko K, Chrzanowska M, Witek K, Strzelczyk- Żyta D, Zagórska H, Gebhardt C, Hennig J, Marczewski W (2008) The novel gene *Ny-1* on potato chromosome IX confers hypersensitive resistance to Potato virus Y and is an alternative to *Ry* genes in potato breeding for PVY resistance, *Theor Appl Genet* 116: 297-303,
- Szajko K, Strzelczyk-Żyta D, Marczewski W (2014) *Ny-1* and *Ny-2* genes conferring hypersensitive response to potato virus Y (PVY) in cultivated potatoes: mapping and marker-assisted selection validation for PVY resistance in potato breeding, *Molecular Breeding* 34(1): 267-271,
- Szajko K, Yin Z, Marczewski W (2019) Accumulation of miRNA and mRNA Targets in Potato Leaves Displaying Temperature-Dependent Responses to Potato Virus Y, *Potato Research* 62(4): 379-392.

5. Informacja o wykazywaniu się istotną aktywnością naukową albo artystyczną realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej.

W 2000 roku podjęłam jednolite studia magisterskie na Wydziale Chemii Spożywczej i Biotechnologii (obecnie: Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności) Politechniki Łódzkiej. Tytuł inżyniera został mi przyznany wraz z ocenami prac projektowych oraz przedmiotów związanych z inżynierią i produkcją spożywczą w całym toku studiów magisterskich. Od pierwszego roku studiów udzielałam się w kołach naukowych na wydziale. Dzięki temu brałam udział w organizowaniu licznych spotkań studentów biotechnologii i prac badawczych w laboratoriach Instytutu Biochemii Technicznej pod kierunkiem prof. dr hab. Marianny Turkiewicz. W 2004 roku prace nad bakteriami psychrofilnymi zamieniłam na syntezę fosfoorganiczną w laboratorium prof. dr. hab. inż. Andrzeja Okruszka w Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych Polskiej Akademii Nauk w Łodzi. Praca ta pozwoliła mi na przygotowanie pracy magisterskiej oraz usługowe wykonanie syntez chemicznych dla firmy Sigma-Aldrich, Niemcy. Pozyskane doświadczenia pozwoliły mi utrwalić i uaktualnić wiedzę o wykorzystywanych przeze mnie analizach instrumentalnych tj NMR dla  $^2\text{H}$ ,  $^{13}\text{C}$ ,  $^{31}\text{P}$  (ang. Nuclear Magnetic Resonance), MALDI-TOF (ang. Matrix Assisted Laser Desorption Ionization - Time of Flight), HPLC (ang. High-Performance Liquid Chromatography), TLC (ang. Thin Layer-Chromatography) czy LC-MS (ang. Liquid Chromatography tandem with Mass Spectrometry). Pracę magisterską pt.: „Synteza 3'-O-koniugatu 2'-deoksyguanozyny z D-mannozą za pośrednictwem wiązania tiofosforanowego” obroniłam 2 września 2005 roku.

Od 2006 roku do 2012 roku podjęłam pracę w Pracowni Biotechnologii Zakładu Genetyki i Materiałów Wyjściowych Ziemniaka w Młochowie, IHAR-PIB, pod kierunkiem prof. dr. hab. Waldemara Marczewskiego. W tym czasie współpracowaliśmy z Pracownią Genetyki i Hodowli Roślin Warzywnych w Zakładzie Hodowli Roślin Ogrodniczych w Instytucie Ogrodnictwa PIB w Skierniewicach, pod przewodnictwem prof. dr hab. Elżbiety Kozik.

W ramach tej współpracy powstały dwie publikacje. Pierwsza z nich związana była z zieloną pleśnią w uprawach pieczarki (*Agaricus bisporus*), która wywoływana jest przez grzyb *Trichoderma* spp. W ramach współpracy Cropnet zostały wykonane badania fenotypowe

i genetyczne w celu odróżnienia *Trichoderma aggressivum* f. *aggressivum* od *T. aggressivum* f. *europeanum*. Druga praca dotyczyła funkcjonalnej męskiej sterylności warunkowanej przez geny *ps-2* i *ps*. Prace badawcze realizowane były w ramach projektu badawczo-rozwojowego, PBR-MNiSW R12 020 03. W obu pracach odpowiedzialna byłam za przygotowanie markerów molekularnych rozróżniające formę f. *aggressivum* od f. *europeanum* gatunku *Trichoderma aggressivum* oraz zmapowanie genów *ps* i *ps-2* w genomie pomidora.

#### PUBLIKACJE:

Staniaszek M, **Szajko K**, Uliński Z, Szczech M, Marczewski W (2010) *BseGI* Restriction of the Polymerase Chain Reaction Amplicon Th444 Is Required to Distinguish Biotypes of *Trichoderma aggressivum* Causing Serious Losses in Mushroom (*Agaricus bisporus*) Production, *Hortscience* 45(12):1910–1911,

Staniaszek M, **Szajko K**, Kozik EU, Nowakowska M, Marczewski W (2012) The novel *ps* and *ps-2* specific markers for selection of functional male sterile tomato lines in breeding programs and hybrids seed production, *Journal of Agricultural Science* 4(10):61-67.

W 2008 roku podjęłam się optymalizacji i oznaczenia ilości alleli z genem *Ny-1* w tetraploidalnych formach metodą qPCR w Zakładzie Ekspresji Genów Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu. Z tej współpracy powstała publikacja:

**Szajko K**, Sołtys-Kalina D, Szarzyńska B, Strzelczyk-Żyta D, Szweykowska-Kulińska Z, Marczewski W (2019) A comparative proteomic analysis of the PVY-induced hypersensitive response in leaves of potato (*Solanum tuberosum* L.) plants that differ in *Ny-1* gene dosage, *European Journal of Plant Pathology* 153:385–396, która wchodzi w skład mojego osiągnięcia jako publikacja **II**.

Wieloletnią współpracę z Pracownią Patogenezy Roślin w Instytucie Biochemii i Biofizyki PAN w Warszawie wieńczą dwie publikacje i jeden patent. Badania prowadzone były przez cztery zespoły: prof. Johnatana Jonesa (The Sainsbury Laboratory, Wielka Brytania), prof. Kristiny Gruden (National Institute of Biology, Słowenia), prof. Jacka Henniga (IBB PAN, Polska) i prof. Waldemara Marczewskiego (IHAR PIB, Polska). Niniejsze badania dotyczyły molekularnych podstaw reakcji nadwrażliwości na wirus Y ziemniaka warunkowanej genem *Ny-1* oraz krańcowej odporności roślin ziemniaka z genem *Rysto*, który jest związany z receptorami typu TIR-NLR. Receptory te rozpoznają wirusy z rodziny *Potyviridae* i prowadzą do całkowitej odporności roślin ziemniaka na infekcję m.in. PVY. Te prace to:

Baebler S, Witek K, Petek M, Stare K, Tušek Žnidarič M, Pompe Novak M, Renaut J, **Szajko K.**, Strzelczyk-Zyta D, Marczewski W, Morgiewicz K, Gruden K, Hennig J (2014) Salicylic acid is an indispensable component of *Ny-1* resistance gene-mediated response against *Potato virus Y* infection in potato, *Journal of Experimental Botany* 65(4):1095-1109,

Grech-Baran M, Witek K, **Szajko K**, Witek AI, Morgiewicz K, Wasilewicz-Flis I, Jakuczun H, Marczewski W, Jones JDG, Hennig J (2020) Extreme resistance to *Potato Virus Y* in potato carrying the *Rysto* gene is mediated by a TIR-NLR immune receptor, *Plant Biotechnology Journal* 18(3):655-667,

Witek K, Baran-Grech M, Hennig J, Jones JDG, Marczewski WM, **Szajko K** (2019) US patent No WO2019023587A1, Potyvirus resistance genes and methods of use.

Krótkim, ale dość znaczącym epizodem aktywności naukowej w 2018 roku, była współpraca z Laboratorium Chemii Biomedycznej w Instytucie Immunologii i Terapii

Doświadczalnej im. Ludwika Hirszfelda Polskiej Akademii Nauk we Wrocławiu. W trakcie realizacji projektu dr hab. Doroty Sołtys-Kaliny, została nawiązana współpraca z dr. Jarosławem Ciekotem, dzięki któremu możliwe było oznaczenie metabolitów wtórnych w ekstraktach z liści ziemniaka. Zoptymalizowałam sposób izolacji mieszanin glikoalkaloidów z ekstraktów grup badawczych populacji PB15-1 różniących się potencjałem fitotoksycznym w stosunku do kiełków gorczycy (roślina testowa). Związki bioaktywne oznaczone zostały metodą spektrometrii mas z wykorzystaniem procedury MRM (multiple reaction monitoring). Przygotowałam również mieszaniny białkowe do analizy proteomicznej typu *label free* LC-MS/MS z liści tych samych form, w których były badane mieszaniny glikoalkaloidów. Otrzymane wyniki opisano w publikacji:

**Szajko K**, Ciekot J, Wasilewicz-Flis I, Marczewski W, Sołtys-Kalina D (2021) Transcriptional and proteomic insights into phytotoxic activity of interspecific potato hybrids with low glycoalkaloid contents, *BMC Plant Biology* 21: 60.

Oznaczenia LC-MS/MS białek zostały wykonane w wyniku umów o współpracę Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin Państwowy Instytut Badawczy z Instytutem Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk. Wykonawcą usług badawczych było Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas.

6. Informacja o osiągnięciach dydaktycznych, organizacyjnych oraz popularyzujących naukę lub sztukę.

#### **Działalność dydaktyczna/popularyzacja nauki**

- od 2012 do dziś – juror naukowego konkursu E(x)plory dla młodzieży szkolnej organizowanego przez Fundację Zaawansowanych Technologii,
- 2016 – 2018 – prowadzenie corocznych szkoleń organizowanych w IHAR-PIB Radzików, Oddział Młochów dla Wojewódzkiej i Państwowej Inspekcji Ochrony Roślin i Nasiennictwa pt.: Geny odporności na wirus Y ziemniaka (PVY), Szajko K, Grupa-Urbańska A, Michalak K,
- 27 listopada 2018 – wystąpienie na zaproszenie Boost Biotech Polska, Meet Biotech Warszawa #30: Ziemniak idealny. Warszawa, Polska,

#### **Działalność organizacyjna**

- Pomoc w organizacji corocznych zjazdów Akademickiego Stowarzyszenia Studentów Biotechnologii (ASSB), 2004 – 2006,
- Organizacja warsztatów naukowych w ramach Studenckiego Koła Naukowego Biotechnologów „Ferment”, 2004 – 2005,
- Pomoc w Konferencji Inaugurującej 7. Program Ramowy Badań i Rozwoju Technicznego Unii Europejskiej w Polsce, listopad 2006,
- Organizacja Dni Młodego Naukowca IHAR-PIB w latach 2018, 2019 i 2022.

7. Oprócz kwestii wymienionych w pkt. 1-6, wnioskodawca może podać inne informacje, ważne z jego punktu widzenia, dotyczące jego kariery zawodowej.

#### **Odbyte kursy i szkolenia**

- 11 – 18 lipca 2004, X Letnia Szkoła Biotechnologii, Gdańsk-Sobieszewo, Polska,
- 10 – 15 lipca 2006, IV Poznańska Letnia Szkoła Bioinformatyki na Uniwersytecie im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Polska,
- 16 – 20 kwietnia 2007, Wiosenna Szkoła: "Od genu do białka, od struktury do funkcji i dysfunkcji", Akademia Medyczna w Warszawie, Polska,

- 9 – 12 lipca 2007, warsztaty „Microarray Workshop” na Uniwersytecie im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Polska,
- 20 – 22 listopada 2007, szkolenie pt.: „Planowanie i wnioskowanie statystyczne w badaniach rolniczych” w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie, Polska,
- 23 – 24 września 2008, szkolenie pt.: „System SAS® w badaniach rolniczych” w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie, Polska,
- 14 – 15 września 2010, I Warsztaty Biometryczne Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie, Polska,
- Listopad 2012, cykl czterech szkoleń realizowanych przez INVESTIN Sp. z o.o. w partnerstwie z Fundacją Zaawansowanych Technologii w ramach projektu „Mazowiecki Świat Innowacji – program stażu pracowników naukowych w przedsiębiorstwach”, Warszawa, Polska,
- Styczeń – marzec 2013, cykl szkoleń pt. „Ekspert ds. projektów badawczo-rozwojowych” w ramach projektu „Kreatorzy Innowacji”, organizowany przez Instytut Organizacji Przedsiębiorstw i Technik Informacyjnych InBIT Sp. z o.o., Warszawa, Polska,
- 4 czerwca 2013, szkolenie pt.: „Ochrona wynalazków i wyników prac badawczych w praktyce” organizowane przez Fundację JWP „Masz Pomysł? Masz Patent. Masz Zysk!”, Warszawa, Polska,
- 7 września 2013 – 15 czerwca 2014, studia podyplomowe w Instytucie Żywności i Żywnienia w Warszawie o kierunku Jakość i bezpieczeństwo żywności i żywienia,
- 21 – 23 listopada 2016, kurs pt.: „Podstawy technik (LC-MS/MS) w oznaczeniach ilościowych, Masdiag Sp. z o.o.”, Warszawa, Polska,
- 12 – 14 grudnia 2016, kurs pt.: „Rozwiązywanie problemów podczas ilościowych oraz jakościowych analiz LC-MS/MS”, Masdiag Sp. z o.o., Warszawa, Polska,
- 28 kwietnia 2020, szkolenie z obsługi aparatu Veri-Q PCR i Veri-Q PREP oraz metody izolacji i amplifikacji kwasów nukleinowych organizowanych przez Imogena dla Powiatowej Stacji Sanitarno-Epidemiologicznej w Radomiu, Polska,
- Styczeń 2019 – sierpień 2020, Szkoła Zaoczna dla dorosłych w Grójcu Stanisława Bęczkowskiego, Technik BHP kwalifikacje zawodowe 325509 do 2025 r.
- 23 – 25 października 2020, kurs pt.: „Projektowanie innowacji w branży spożywczej z wykorzystaniem Design Thinking” EIT Food RIS Challenge Labs 2020 i Generator Pomysłów Sp. z o.o., on-line, Polska,
- 15 listopada 2022, szkolenie dla ekspertów projektu Innovation Coach „Metodyka Design Thinking jako narzędzie wspierające rozwój innowacji” realizowane przez Ministerstwo Funduszy i Polityki Regionalnej w partnerstwie z IPPT PAN, Warszawa, Polska.

#### **Działalność w towarzystwach naukowych i zespołach eksperckich oraz konsorcjach i sieciach badawczych, recenzje grantów**

- 2018 i 2019 – ocena wniosków „I Polsko-chińskiego konkursu bilateralnego”, Narodowe Centrum Badań i Rozwoju.

#### **Otrzymane nagrody i wyróżnienia**

- 2007, Nagroda Dyrektora Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin prof. dr. hab. Edwarda Arseniuka,
- 2011, Stypendium Marszałka Województwa Mazowieckiego pt. „Potencjał naukowy wsparciem dla gospodarki Mazowska – stypendia dla doktorantów”,

- 2019, Nagroda III stopnia Dyrektora Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy prof. dr. hab. Henryka Bujaka,
- 2019, Nagroda PTBiEr za plakat na 9th PSEPB conference, Toruń, Polska,
- 2020, Nagroda I stopnia Dyrektora Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy prof. dr. hab. Henryka Bujaka,
- 2021, Nagroda Jubileuszowa, 15 lat pracy w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy,
- 2021, Nagroda I stopnia Dyrektora Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy dr. inż. Michała Rokickiego.

### **Recenzje publikacji**

- Progress in Plant Protection, 2018 (1), 2019 (1)
- Czech Journal of Genetics and Plant Breeding, 2019 (1)
- Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, 2020 (1)

### **Konferencje**

- 3 – 6 lutego 2008, Molecular Mapping & Marker Assisted Selection in Plants, Wiedeń, Austria,
- 12 – 16 października 2008, SOL 2008, The 5th Solanaceae Genome Workshop, Kolonia, Niemcy,
- 24 – 26 listopada 2008, II Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany”, Poznań, Polska,
- 4 – 9 lipca 2010, EAPR 2010, 14th Triennial meeting of the Virology Section of the European Association for Potato Research, Hamar, Norwegia;
- 7 – 11 lutego 2011, Konferencja Naukowa pt: „Nauka dla hodowli i nasiennictwa roślin uprawnych”, Zakopane, Polska,
- 24 – 30 lipca 2011, EAPR 2011, 18th Triennial Conference of the European Association for Potato Research, Oulu, Finlandia,
- 26 – 31 sierpnia 2012, SOL 2012, 9th Solanaceae Conference: From the Bench to Innovative Applications, Neuchâtel, Szwajcaria,
- 2 – 6 lutego 2015, XII Ogólnopolska Konferencja Naukowa „Nauka dla hodowli i nasiennictwa roślin uprawnych”, Zakopane, Polska,
- 30 stycznia – 3 lutego 2017, XIII Ogólnopolska Konferencja Naukowa pt.: „Nauka dla hodowli i nasiennictwa roślin uprawnych”, Zakopane, Polska,
- 9 – 14 lipca 2017, EAPR 2017, 20th Triennial Conference of the European Association for Potato Research, Versailles, Francja,
- 9 – 12 września 2019, PTBiER 2019, 9th PSEPB conference, Toruń, Polska,
- 26 – 30 października 2019, Integrative Plant Physiology, Sitges, Hiszpania,
- 4 – 8 lipca 2022, EAPR 2022, 21st Triennial Conference of the European Association for Potato Research, Kraków, Polska.

### **Współpraca z przemysłem**

- maj 2005, synteza chemiczna fosfitylantów dla Sigma Aldrich w CBMiM PAN w Łodzi,
- grudzień 2012 – maj 2013, staż naukowca w przedsiębiorstwie organizowany przez INVESTIN Sp. z o.o. w ramach projektu „Mazowiecki Świat Innowacji”,

- listopad 2014 – styczeń 2015, ekspertyza dla Europroject Management Consulting Sp. z o.o.,
- styczeń – luty 2016, usługa doradczo-ekspercka „Bezpieczna Żywność” dla INVESTIN Sp. z o.o.,
- czerwiec – sierpień 2017, współpraca z Masdiag Sp. z o.o.,
- maj – lipiec 2018, współpraca z Masdiag Sp. z o.o.,
- kwiecień – maj 2020, pomoc w organizacji laboratorium i nadzór nad wdrożeniem procedur izolacji oraz oznaczenia genetycznego obecności wirusa SARS-COV-2 w materiale badanym przez Powiatową Stację Sanitarno-Epidemiologiczną w Radomiu,
- październik 2019 – obecnie, ekspert w ramach drugiej ścieżki Innovation Coach w instrumencie STEP, organizowanej przez Krajowy Punkt Kontaktowy w partnerstwie z Ministerstwem Inwestycji i Rozwoju. Praca nad pięcioma projektami zakończonymi rekomendacją dla przedsiębiorstw.

.....  
(podpis wnioskodawcy)