

**Autoreferat**  
**Opis dorobku i osiągnięć**  
**naukowych**

dr inż. Laurencja Szała

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin  
Państwowy Instytut Badawczy  
Zakład Genetyki i Hodowli  
Roślin Oleistych  
w Poznaniu

Poznań 2019 r.

## Spis treści

1. Dane personalne .....	2
2. Posiadane dyplomy i stopnie naukowe .....	2
3. Informacje o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych .....	2
4. Wskazanie osiągnięcia wynikającego z art. 16 ust. 2 ustawy z dnia 14 marca 2003 r. o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. nr 65, poz. 595 ze zm.): .....	2
4.1. Tytuł osiągnięcia naukowego .....	2
4.2. Publikacje wchodzące w skład osiągnięcia naukowego .....	3
4.3. Syntetyczne omówienie celu naukowego ww. prac i osiągniętych wyników wraz z omówieniem ich ewentualnego wykorzystania. ....	4
5. Omówienie pozostałych osiągnięć naukowo-badawczych .....	12
6. Zestawienie dorobku naukowego .....	19
6.1. Kryteria oceny dorobku naukowego .....	19
6.2. Zestawienie czasopism, w których opublikowano oryginalne prace twórcze przed i po uzyskaniu stopnia doktora (łącznie z artykułami zaprezentowanymi w osiągnięciu).....	20

**1. Imię i nazwisko:** Laurencja Szała

**2. Posiadane dyplomy/stopnie naukowe:**

2.1. 18 marca 1983 r. Akademia Rolnicza w Poznaniu (obecnie Uniwersytet Przyrodniczy), Wydział Rolniczy – tytuł magistra inżyniera rolnictwa

praca magisterska pt.: „Przydatność trzech odmian kukurydzy do produkcji niemłóconych kolb w trzech terminach zbioru”, promotor dr T. Michalski

2.2. 4 lipca 2013 r. Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie – stopień naukowy doktora nauk rolniczych w zakresie agronomii

praca doktorska pt.: „Zmienność fenotypowa i genetyczna populacji podwojonych haploidów rzepaku ozimego *Brassica napus* L.”, promotor prof. dr hab. T. Cegielska-Taras

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

Od 1 listopada 1994 r. do chwili obecnej jestem zatrudniona w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB, Oddział w Poznaniu

- od 1 listopada 1994 r. do 31 maja 2005 r. – specjalista
- od 1 czerwca 2005 r. do 30 września 2013 r. – starszy specjalista
- od 1 października 2013 r. do chwili obecnej – adiunkt

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

4.1. Tytuł osiągnięcia naukowego:

Cykl czterech jednotematycznych publikacji naukowych pod wspólnym tytułem:

**„Oszacowanie efektów genetycznych i interakcyjnych linii podwojonych haploidów rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.)”**

#### 4.2. Publikacje wchodzące w skład osiągnięcia naukowego:

*autor/autorzy, tytuł/tytuły publikacji, rok wydania, nazwa wydawnictwa: (Podano IF za rok 2017 i IF za pięć lat oraz punkty MNiSW według listy z roku 2016)*

**H1. Szala L., Cegielska-Taras T., Adamska E., Kaczmarek Z. 2018.** Assessment of genetic effects on important breeding traits in reciprocal DH populations of winter oilseed rape (*Brassica napus* L.). *Journal of Integrative Agriculture* 17 (1): 76-85. [IF<sub>2017</sub>=1,042; IF<sub>5</sub>=1,190; MNiSW<sub>2016</sub>=25 pkt.]

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na opracowaniu koncepcji badań, przygotowaniu materiału roślinnego, zaplanowaniu doświadczeń, interpretacji wyników i napisaniu manuskryptu. Mój udział szacuję na 70%.

**H2. Cegielska-Taras T., Nogala-Kałużka M., Szala L., A. Siger. 2016.** Study of variation of tocochromanol and phytosterol contents in black and yellow seeds of *Brassica napus* L. doubled haploid populations. *Acta Scientiarum Polonorum Alimentaria* 15 (3): 321-332. [IF=0; MNiSW<sub>2016</sub>=15 pkt.]

Mój udział w powstanie tej publikacji polegał na wytworzeniu populacji linii DH i zaplanowaniu doświadczeń polowych, zebraniu i opracowaniu części wyników, ich interpretacji i współuczestniczeniu w przygotowaniu manuskryptu. Mój udział szacuję na 40%.

**H3. Siger A., Michalak M., Cegielska-Taras T., Szala L., Lembicz J., Nogala-Kałużka M. 2015.** Genotype and environment effects on tocopherol and plastochromanol-8 contents of winter oilseed rape doubled haploid lines derived from F1 plants of the cross between yellow and black seeds. *Industrial Crops and Products* 65: 134-141. [IF<sub>2015</sub>=3,449; IF<sub>5</sub>=4,072; MNiSW<sub>2016</sub>=40 pkt.]

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na wytworzeniu materiału roślinnego (populacji linii DH) do badań, zaplanowaniu doświadczeń polowych, przygotowaniu materiału roślinnego do analiz, interpretacji uzyskanych wyników oraz poprawianiu manuskryptu. Mój udział szacuję na 30%.

**H4. Szala L., Sosnowska K., Popławska W., Liersch A., Olejnik A., Kozłowska K., Bocianowski J., Cegielska-Taras T. 2016. Development of new restorer lines for CMS *ogura* system with the use of resynthesized oilseed rape (*Brassica napus* L.). Breeding Science [IF<sub>2016</sub>=1,792; IF<sub>5</sub>=1,952; MNiSW<sub>2016</sub>=30 pkt.]**

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na opracowaniu koncepcji badań, stworzeniu materiału roślinnego od resyntezy rzepaku do zbioru nasion populacji linii semi-RS, wykonaniu obserwacji w trakcie wegetacji roślin i opracowaniu wyników. Mój udział szacuję na 35%.

**Łączny IF/IF<sub>5</sub> w/w prac wynosi 6,283/6,660 oraz 109 pkt. MNiSW. IF podano wg roku opublikowania oraz wg IF podawanego w roku 2017 za rok 2016 w bazie Journal Citation Reports, a punkty MNiSW opublikowane w dniu 9.12.2016 r.**

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

Jako cykl jednolitych tematycznie prac przedstawiam cztery oryginalne artykuły, których tytuły i autorzy są wymienieni w pkt 4.2.

## **Wprowadzenie**

Rośliny oleiste są drugim po zbożach najważniejszym źródłem energii zawartej w pokarmach spożywanych przez człowieka oraz wykorzystywanym jako pasza dla zwierząt hodowlanych. Są również cennym surowcem w wielu gałęziach przemysłu. Szczególnie ważną rośliną strefy klimatu umiarkowanego jest rzepak, którego światowa produkcja sezonie 2016/2017 wyniosła 76,2 mln ton ziarna. W Polsce areał uprawy rzepaku ozimego zajmuje ok. 900 tys. ha, a jego zbiory w 2017 r. wyniosły 2,7 mln ton (FAOSTAT 2018, <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>).

Wytwarzanie nowych źródeł zmienności genetycznej jest podstawowym warunkiem rozwoju hodowli rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.), będącego klasycznym przykładem gatunku o bardzo zawężonej puli genowej. Geograficzne ograniczenie zasięgu uprawy i intensywne prace hodowlane w ostatnich kilku dekadach doprowadziły do zawężenia genetycznej bazy współczesnych materiałów hodowlanych. Wszystkie współcześnie uprawiane podwójnie ulepszone odmiany charakteryzujące się obniżoną zawartością glukozyolanów i bezerukowym olejem wywodzą te cechy

jakości tylko z dwóch źródeł genetycznych. Niska zawartość glukozyolanów pochodzi z polskiej odmiany rzepaku jarego Bronowski, a olej pozbawiony kwasu erukowego - z kanadyjskiej linii wyprowadzonej z odmiany Liho, wyselekcjonowanej z polskich odmian miejscowych rzepaku jarego (Krzymański 2000). Wysokie wymagania stawiane hodowcom, związane ze zróżnicowanym składem kwasów tłuszczowych w oleju i wysoką produktywnością, prowadzą do dalszego ograniczania zmienności genetycznej tego gatunku.

Linie podwojonych haploidów (DH) są jednym z najbardziej cenionych przez hodowców źródeł zmienności genetycznej stanowiąc doskonały materiał wyjściowy w hodowli twórczej odmian liniowych i mieszańcowych. W hodowli odmian liniowych pomagają skrócić okres przeznaczony na uwsobnienie materiału hodowlanego, a w hodowli mieszańcowej homozygotyczność komponentów rodzicielskich pozwala osiągnąć 100% heterozygotyczności w mieszańcu  $F_1$  powodując jednocześnie, że wszystkie osobniki w tym pokoleniu są genetycznie identyczne. Podwojone haploidy wykorzystuje się także w badaniach podstawowych (Cegielska-Taras i in. 2015), zwłaszcza nad determinacją genetyczną cech ilościowych. Homozygotyczny charakter linii DH przyczynia się do rozwoju genomiki i tworzenia markerowych map genomu określających regiony odpowiedzialne za cechy ilościowe (QTL), do których należą tak ważne dla hodowli rzepaku cechy jak plon i jego komponenty, zawartość tłuszczu i skład kwasów tłuszczowych, zawartość białka czy odporność na patogeny. W ostatnich latach wiele badań poświęconych jest zwiększeniu zawartości naturalnych związków biologicznie czynnych w żywności oraz mapowaniu genów i QTL kontrolujących ich syntezę. Do najważniejszych związków bioaktywnych zawartych w oleju rzepakowym należą tokoferole (T) i fitosterole. Tokoferole to lipofilne składniki olejów roślinnych wykazujące aktywność E-witaminową (Mińkowski i in., 2011). Razem z 6 tokotrienolami stanowią grupę 10 natywnych substancji zwanych tokochromanolami. Związkiem podobnym w strukturze do tokotrienoli jest 8-plastochromanol (PC-8), który jest pochodną  $\gamma$ -T3 (Nogala-Kałucka i Siger, 2011). Związki witamino-E aktywne zaliczane są do najważniejszych naturalnych przeciwutleniaczy. Antyoksydacyjna aktywność tokoferoli *in vivo* kształtuje się w następującej kolejności:  $\alpha$ -T >  $\beta$ -T >  $\gamma$ -T >  $\delta$ -T, natomiast PC-8 posiada aktywność około 1,5 razy większą od  $\alpha$ -T (Olejnik i in., 1997). Najczęściej spotykane w roślinach są dwa homologi tokoferolu:  $\alpha$ -T i  $\gamma$ -T. Dominującą formą jest homolog  $\alpha$ -T, który chroni organ fotosyntetyzujący przed reaktywnymi formami tlenu i wolnymi rodnikami. W nasionach natomiast dominuje

$\gamma$ -T, który pełni rolę przeciwutleniacza wielonienasyconych kwasów tłuszczowych (Bramley i in. 2000, Eitenmiller i Lee 2004, Szymańska i Kruk 2007). Rola witaminy E dla organizmu człowieka jest nie do przecenienia. Chroni organizm przed stresem oksydacyjnym i uszkodzeniem błon komórkowych, wywoływanym przez wolne rodniki. Spowalnia procesy utleniania polienowych kwasów tłuszczowych, zarówno w organizmach żywych, jak i w żywności. Witamina E bierze także udział w syntezie substancji przeciwkrzepliwych, utrzymaniu odpowiedniej przepuszczalności błon komórkowych i zmniejszeniu agregacji płytek krwi, a co za tym idzie - przeciwdziała zakrzepom. Poza tym uczestniczy w ochronie krwinek czerwonych, ekspresji genów i przekazywaniu sygnałów nerwowych w całym ciele, a także wspomaga prawidłowe funkcjonowanie wzroku. Z kolei właściwości biologiczne fitosteroli związane są z obniżaniem poziomu cholesterolu we krwi poprzez hamowanie jego absorpcji. Fitosterole odgrywają też coraz większą rolę w profilaktyce i leczeniu niedokrwiennej choroby serca (Rudzińska i in. 2005).

Rozwój i doskonalenie procesu androgenezy *in vitro* rzepaku ozimego, umożliwiły uzyskiwanie populacji podwojonych haploidów na szeroką skalę. Stało się wówczas możliwe wykorzystanie linii DH w analizie genetycznej cech ilościowych i do badań nad wpływem środowiska na cechy jakościowe i plon nasion. Dzięki swojej homozygotyczności, pojedyncza linia DH wytwarza tylko jeden typ gamet i w wyniku kontrolowanego rozmnażania powiela swój genotyp. Oznacza to możliwość prowadzenia doświadczeń wielokrotnych z tymi samymi genotypami, w różnych lokalizacjach i latach, co nie jest możliwe w przypadku mieszańców pokoleń segregujących. Ponadto w przypadku badania dziedziczenia cech warunkowanych poligenicznie technologia DH wymaga znacznie mniej genotypów w porównaniu z mieszańcami wczesnych pokoleń hodowli klasycznej. Nie występują tu bowiem heterozygoty, a więc brak jest efektów dominacji i nieallelicznej interakcji heterozygotycznych *loci*. Stąd też łatwiej w populacjach linii DH znaleźć interesujący genotyp niż w populacjach segregujących, bo częstotliwość jego występowania wśród podwojonych haploidów jest większa. Dotyczy to przede wszystkim cech warunkowanych addytywnie, a zwłaszcza pozostających pod kontrolą genów recesywnych.

Podwojonymi haploidami są również linie rzepaku resyntetyzowanego (RS). W odróżnieniu od tradycyjnych linii DH powstających w wyniku rozszczepienia informacji genetycznej zawartej w heterozygotcie, a następnie podwojenia liczby

chromosomów w otrzymanych haploidach, linie RS powstają na drodze syntezy materiału genetycznego gatunków ancestralnych tj. *B. rapa* i *B. oleracea* i podwojenia liczby chromosomów w uzyskanym mieszańcu międzygatunkowym. W przeciwieństwie do *B. napus*, *B. rapa* i *B. oleracea* są wysoce polimorficzne i oferują znacznie szerszą zmienność genetyczną, którą można wykorzystać do zwiększenia różnorodności genetycznej rzepaku. Resyntetyzowany *B. napus* może być użyty do wzbogacania heterotycznych pul genetycznych dla przyszłych komponentów rodzicielskich, co jest jednym z wymogów udanych programów hodowli mieszańcowej. Ogromna liczba i różnorodność przedstawicieli obu gatunków rodzicielskich zebranych w bankach genów (Boukema i van Hintum 1999) stanowi znaczący potencjał do stworzenia rzepaku o nowych właściwościach. Jednak resyntetyzowane formy otrzymane z krzyżowań *B. rapa* ssp. z *B. oleracea* ssp. posiadają wiele niepożądanych cech agronomicznych takich jak: niski plon i niska zawartość tłuszczu w nasionach i użytkowych takich jak: wysoki poziom kwasu erukowego w oleju i wysoka zawartość glukozyolanów w śrucie (Girke i in., 2012a, 2012b, Jesske i in., 2013). Co więcej, podobnie jak oba gatunki rodzicielskie, rzepak RS jest samoniezdodny (Beschoner i in. 1995). W związku z tym resyntetyzowany rzepak należy poprawić poprzez krzyżowanie z naturalnym rzepakiem podwójnie ulepszonym i selekcję podwójnie ulepszonych linii semi-RS, a dopiero potem wprowadzać go do programów hodowlanych.

Publikacje wchodzące w skład mojego osiągnięcia naukowego dotyczą oceny efektów genetycznych w populacjach linii DH rzepaku ozimego i selekcji genotypów o korzystnych cechach użytkowych przy zastosowaniu jedno- i wielowymiarowych metod genetyki ilościowej oraz metod matematycznych. Prawidłowe zaplanowanie eksperymentów badawczych i dobór odpowiednich metod statystycznych pozwoliły „uchwycić” i ocenić zjawiska genetyczne zachodzące w analizowanych populacjach. W pierwszej z wymienionych publikacji populacje linii DH otrzymane z mieszańców z obukierunkowego krzyżowania pomiędzy odm. Californium i linią DH W-15 pochodzącą z odmiany Wotan stały się materiałem badawczym do określenia wpływu kierunku krzyżowania na cechy struktury plonu i jakości nasion (**H1**). Dwie kolejne prace poświęcono badaniom nad zawartością związków biologicznie czynnych (**H2**) i wpływowi środowiska na ich zawartość (**H3**) w nasionach linii DH pochodzących z mieszańca pomiędzy linią żółto- i czarnonasienną. Cykl publikacji zamyka artykuł o liniach DH powstałych na bazie resyntetyzowanego rzepaku jako źródle zupełnie nowej zmienności, które można wykorzystać w hodowli mieszańcowej. Dotyczy on



powstawania i kilkuetapowej selekcji podwójnie ulepszonych linii semi-RS z genem restorerem *Rfo* dla systemu CMS Ogura (**H4**).

W hodowli nowych odmian szczególną wagę przywiązuje się do doboru komponentów rodzicielskich do krzyżowań. Krzyżując formy rodzicielskie odległe genetycznie, ale posiadające wysoką wartość hodowlaną dla ważnych cech produktywności, można zwiększyć znacząco efektywność otrzymywania wartościowych mieszańców  $F_1$  lub populacji potomstwa (Mądry i in. 2004). W wielu przypadkach nadrzędnym kryterium pomysłnego wyboru rodziców do tworzenia produktywnych populacji potomstwa jest wartość hodowlana odmian rodzicielskich. Również odpowiedni wybór kierunku krzyżowania może pomóc hodowcom stworzyć efektywną strategię hodowlaną rozwoju nowych odmian rzepaku. Określenie wpływu efektów cytoplazmatycznych i genetycznych (jądrowych) matki czy zarodka na daną cechę przy wykorzystaniu jedno- i wielowymiarowych metod statystycznych było głównym celem pierwszej publikacji (**H1**). Materiał badawczy stanowiły dwie populacje podwojonych haploidów oznaczone jako CW i WC wyprowadzone metodą kultur izolowanych mikrospor z obukierunkowych mieszańców pokolenia  $F_1$  z krzyżowania pomiędzy odmianą Californium i linią DH W-15. Warunkiem przeprowadzenia oceny wpływu kierunku krzyżowania na daną cechę było istotne zróżnicowanie form rodzicielskich w tej cesze, a podstawą wnioskowania o wpływie efektów matecznych lub ojcowskich były statystycznie istotne różnice między średnimi wartościami populacji CW i populacji WC, z których każda złożona była z 25 linii DH. W badanej parze rodzicielskiej istotne różnice ujawniły się pod względem plonu, liczby nasion w łuszczyńce i masy tysiąca nasion oraz zawartości tłuszczu i kwasu linolenowego, jednak efekty mateczne stwierdzono tylko dla liczby nasion w łuszczyńce oraz zaobserwowano wyraźny wpływ formy ojcowskiej na zawartość kwasu linolenowego. W celu wyodrębnienia linii transgresyjnych zastosowano kontrasty do testowania porównań średnich dla cech między każdą linią DH a „lepszym” z rodziców. Okazało się, że częstotliwość występowania efektów transgresji w odniesieniu do niektórych cech związana była z kierunkiem krzyżowania. Linie DH o dodatnich efektach transgresji pod względem liczby nasion w łuszczyńce zaobserwowano tylko w populacji, której forma mateczna zawierała więcej nasion w łuszczyńce. Wpływ efektów matecznych ujawnił się również w odniesieniu do masy tysiąca nasion. Spośród siedmiu transgresyjnych linii pod względem tej cechy, aż pięć należało do populacji,

której forma mączna charakteryzowała się większymi nasionami. Do oceny populacji wykorzystano również wielowymiarowe metody statystyczne. Linie DH obu populacji scharakteryzowano pod względem dwóch zespołów cech: plonu i jego struktury oraz zawartości tłuszczu i trzech kwasów tłuszczowych, przyjmując odległości Mahalanobisa jako miarę fenotypowego podobieństwa między liniami DH pod względem badanych cech łącznie. Graficzny obraz rozmieszczenia linii DH w układzie dwóch pierwszych zmiennych kanonicznych wykazał większe zróżnicowanie populacji CW niż populacji WC zarówno pod względem plonu i jego komponentów, jak i zawartości tłuszczu i trzech kwasów tłuszczowych.

Dwie kolejne prace poświęcono badaniom nad zawartością związków biologicznie czynnych w oleju rzepakowym i wpływowi środowiska na zawartość tych związków (**H2** i **H3**). Dzięki wysokiej zawartości m. in. tokoferoli i steroli olej rzepakowy staje się żywnością funkcjonalną (probiotyczną, nutraceutyczną), której efektem jest nie tylko odżywianie, ale też działanie profilaktyczne i terapeutyczne (prozdrowotne). Naturalnych związków bioaktywnych w oleju nasion powinno być dużo, gdyż w kolejnych etapach procesu rafinacji olej zostaje wyjąłowany z wartościowych składników, takich jak tokoferole - do 50%, i fitosterole - do 20%. Pierwsza z prac (**H2**) dotyczyła oszacowania genetycznej zmienności zawartości czterech homologów tokoferoli ( $\alpha$ -T,  $\beta$ -T,  $\gamma$ -T,  $\delta$ -T), plastrochromanolu-8 (PC-8), będącego podobnie jak tokoferole związkiem witaminy E aktywnym i pięciu fitosteroli w unikatowym materiale roślinnym, jakim były dwie populacje linii DH rzepaku. Populacje oznaczone jako HZ i ZH pochodziły z mieszańców  $F_1$  z krzyżowań obukierunkowych pomiędzy czarnonasienną linią DH H<sub>2</sub>26 i żółtonasienną linią DH Z114. Zakres zmienności w obu populacjach linii DH przekraczał wartości komponentów rodzicielskich dla badanych cech z wyjątkiem zawartości  $\alpha$ -T (w populacji HZ) i stosunku  $\alpha$ -T/ $\gamma$ -T (w obu populacjach). Ten stosunek jest bardzo ważny i powinien być zrównoważony z tego względu, że  $\alpha$ -T ma najsilniejsze działanie antyoksydacyjne i podnosi wartość żywieniową oleju, a z kolei  $\gamma$ -T stabilizuje podwójne wiązania w wielonienasyconych kwasach tłuszczowych zapobiegając jęlczeniu oleju. W obu populacjach zakres uzyskanej zmienności był podobny, o czym świadczą podobne współczynniki zmienności. Nie stwierdzono też istotnych różnic pomiędzy obiema populacjami pod względem całkowitej zawartości tokoferoli, co wskazuje na brak efektów genetycznych związanych z kierunkiem krzyżowania w odniesieniu do tej cechy. Jeśli chodzi o zawartość fitosteroli, to zakres zmienności w obu populacjach linii

DH zawartości wszystkich analizowanych fitosteroli i ich sumy przekraczał wartości komponentów rodzicielskich. Pomędzy tymi cechami określono współzależność obliczając współczynniki korelacji. Wykazano istotną dodatnią korelację między żółtą barwą nasion a zawartością  $\alpha$ -T i ujemną między żółtą barwą nasion a zawartością  $\gamma$ -T. Żółtonasienne linie charakteryzowały się również znacznie wyższym stosunkiem  $\alpha$ -T/ $\gamma$ -T, dziedzicząc tę cechę po żółtonasiennej linii rodzicielskiej DH Z114. Natomiast całkowita zawartość tokoferoli, a także całkowita zawartość fitosteroli i indywidualna zawartość pięciu fitosteroli nie były skorelowane z kolorem nasion. Analiza składowych głównych (PCA) potwierdziła wysoką zmienność w analizowanych populacjach linii DH rzepaku ozimego wskazując jednocześnie, że linie DH o wysokiej zawartości tokoferoli i fitosteroli utworzyły oddzielne grupy skupień. Zastosowanie podwojonych haploidów w hodowli może zwiększyć efektywność selekcji materiałów wyjściowych o pożądanym cechach jakościowych. W obu populacjach linii DH uzyskano większą niż w liniach rodzicielskich zawartość tokoferoli, PC-8 i fitosteroli, które stanowią wartość dodaną w każdym oleju spożywcym. Jednak zmienność zawartości tokoferoli jest także powodowana czynnikami środowiskowymi. Jak podają Marwerde i in. (2004) obok zmienności genetycznej, głównym źródłem zmienności zawartości tokoferoli są interakcje genotypu i środowiska. Dlatego w celu określenia wpływu genotypu i środowiska na zawartość czterech tokoferoli ( $\alpha$ -T,  $\beta$ -T,  $\gamma$ -T,  $\delta$ -T) i plastochromanolu-8 (PC-8) w rzepaku ozimym (*Brassica napus* L.) przeprowadzono badanie, którego materiałem roślinnym było 25 linii DH uzyskanych z mieszańca F<sub>1</sub> pochodzącego z kombinacji krzyżówkowej pomiędzy żółtonasienną linią DH Z114 i czarnonasienną linią DH H<sub>2</sub>26 (**H3**). Eksperyment prowadzony w polu przez trzy lata wykazał, że genotyp jako źródło zmienności miał wpływ na zawartość  $\alpha$ -T,  $\gamma$ -T, ich stosunek, sumę i zawartość PC-8. Pozostałe dwa źródła zmienności, środowisko i interakcja genotyp-środowisko, miały wpływ na wszystkie badane cechy. Oszacowane współczynniki odziedziczalności w szerokim sensie (h<sup>2</sup>) wskazały na większy udział zmienności genetycznej w ogólnej zmienności dla zawartości  $\alpha$ -T, PC-8 i całkowitej zawartości tokoferoli, a z punktu widzenia hodowli wysoka odziedziczalność cech gwarantuje skuteczność selekcji i szybki postęp biologiczny. Analiza interakcji genotypowo-środowiskowej pozwoliła wyróżnić kilka linii stabilnych pod względem zawartości niektórych z badanych związków biologicznie czynnych. Czarnonasienna linia DH ZH91 okazała się stabilna pod względem aż czterech cech: zawartości  $\alpha$ -T,  $\beta$ -T,  $\gamma$ -T i sumy tokoferoli, jednak jej efekty główne były ujemne. Niemniej, wyniki tego badania

potwierdzają celowość poszukiwania nowej zmienności i zwiększania zawartości tokoferoli i PC-8 przy użyciu technologii linii DH. Wysokie współczynniki  $h^2$  dla  $\alpha$ -T,  $\gamma$ -T i PC-8 sugerują możliwość efektywnej selekcji opartej na fenotypie i uzyskania genotypów o stabilnej ekspresji cech.

Źródłem nowej zmienności i nowych cech jest rzepak resyntetyzowany (RS) powstały na drodze hybrydyzacji podgatunków *B. rapa* i *B. oleracea*. Ze względu na swoją odmienność genetyczną rzepak RS może stanowić cenny komponent do hodowli mieszańcowej, jednak posiadając szereg niekorzystnych cech nie może być bezpośrednio włączony do hodowli. Jedną z metod poprawy jakości nasion i innych niekorzystnych cech jest krzyżowanie z materiałami podwójnie ulepszonymi. Powstawanie, selekcja i ocena linii DH semi-RS były przedmiotem kolejnej publikacji (H4). Linię RS skrzyżowano z dwoma liniami DH z genem restorerem (*Rfo*). Z powstałych mieszańców otrzymano łącznie 801 androgenicznych roślin, z których tylko 281 posiadało przywracający płodność gen *Rfo*, a wśród nich tylko 4 linie spełniały kryteria rzepaku podwójnie ulepszanego. Identyfikację roślin posiadających gen *Rfo* przeprowadzono za pomocą analizy izoenzymatycznej w sytemie PGI-2 (Delourme and Eber 1992, Popławska et al. 2007). Obecność genu *Rfo* w czterech podwójnie ulepszonych liniach DH semi-RS potwierdzono w reakcji RAPD przy zastosowaniu startera OPC-2 (Delourme et al. 1994; Delourme et al. 1998). Analiza podobieństwa genetycznego wykonana w oparciu o 344 markerów uzyskanych przy wykorzystaniu 10 kombinacji starterów AFLP dla 2 linii RS, trzech linii DH semi-RS i 96 linii rzepaku naturalnego wykazała odrębność genetyczną linii DH RS i DH semi-RS. W dendrogramie pokrewieństwa genetycznego utworzyły one odrębną grupę skupień zlokalizowaną na skraju dendrogramu. Do oceny genetycznej linii DH RS i DH semi-RS zastosowano również analizę składowych głównych, która na bazie 344 markerów AFLP wykazała wyraźną odrębność dwóch linii DH RS, trzech linii DH semi-RS i sześciu współcześnie uprawianych odmian rzepaku ozimego. Linia DH semi-RS S1 została wykorzystana jako komponent ojcowski do utworzenia mieszańca  $F_1$  w celu zbadania jej potencjału plonotwórczego. Wyniki doświadczenia polowego wykazały, że dwa mieszańce  $F_1$  otrzymane na bazie tego samego komponentu matecznego, a z różnymi komponentami ojcowskimi: naturalnym restorerem i semi-RS restorerem plonowały na tym samym poziomie, mimo iż restorer semi-RS plonował znacznie niżej niż restorer naturalny. Jednak wyższy efekt heterozji rekompensował tę różnicę. Otrzymane wyniki stworzyły podstawę do dalszych badań nad udziałem

rzepaku RS w hodowli mieszańcowej i nad efektem heterozji pomiędzy komponentami o wysokim zróżnicowaniu genetycznym.

### **Podsumowanie**

Cztery publikacje stanowiące moje osiągnięcie naukowe obejmują ocenę efektów genetycznych i interakcyjnych obserwowanych w populacjach linii DH rzepaku ozimego. Efektem przedstawionych badań są:

- wykazanie wpływu efektów matecznych na liczbę nasion w łuszczyńce i masę tysiąca nasion,
- wyselekcjonowanie linii DH o podwyższonej zawartości związków biologicznie czynnych,
- ustalenie dominującego wpływu czynników genetycznych na zawartość sumy tokoferoli i  $\alpha$ -tokoferolu oraz plastochromanolu-8,
- wyselekcjonowanie podwójnie ulepszonych linii DH semi-RS z genem restorerem jako źródła nowej zmienności do hodowli mieszańcowej rzepaku ozimego,
- wykazanie wysokiego efektu heterozji pomiędzy liniami semi-RS z genem restorerem a liniami CMS rzepaku naturalnego.

### **5. Omówienie pozostałych osiągnięć naukowo-badawczych**

Po ukończeniu studiów na Wydziale Rolniczym Akademii Rolniczej w Poznaniu (obecnie Uniwersytet Przyrodniczy) w 1983r. na kierunku „Uprawa roli i roślin” odbyłam staż i podjęłam stałą pracę w Poznańskim Przedsiębiorstwie Zieleni. W listopadzie 1994 r. rozpoczęłam pracę w Zakładzie Genetyki i Hodowli Roślin Oleistych IHAR w Poznaniu, w Pracowni Kultur Tkankowych, najpierw jako specjalista, a od czerwca 2005 r. jako starszy specjalista. Od początku mojej pracy wykonywanej w Pracowni Kultur Tkankowych pod kierunkiem prof. dr hab. Teresy Cegielskiej-Taras zajmuję się podwojonymi haploidami rzepaku. Początkowo skupiałam się na badaniach metodycznych nad indukowaną androgenezą, najpierw w kulturze pylników, a następnie w kulturze izolowanych mikrospor (Cegielska-Taras T. i Szała L., 1997, Cegielska-Taras T. i Szała L., 1998). Opracowanie efektywnej procedury izolacji mikrospor *in vitro* i regeneracji androgenicznych roślin z mikrosporowych zarodków oraz wysoka skuteczność podwajania liczby

chromosomów w warunkach *in vitro* i *in vivo* uczyniło z linii DH główny materiał badawczy w mojej pracowni.

Podwojone haploidy posiadają wiele zalet, dzięki którym są zupełnie wyjątkowym materiałem, zarówno do badań podstawowych, jak i prac hodowlanych. Przez wiele lat w ramach Badań Podstawowych na Rzecz Postępu Biologicznego w Produkcji Roślinnej uczestniczyłam w wytwarzaniu linii DH na potrzeby hodowli. W tym czasie, zespół Pracowni Kultur Tkankowych służył swym doświadczeniem w zorganizowaniu laboratorium *in vitro* w spółce Hodowla Roślin Strzelce, Oddział Borowo i wdrożył opracowane przez siebie metodę i schemat otrzymywania linii DH. Działalność ta zaowocowała zarejestrowaniem w 2008 r. pierwszej w Polsce odmiany rzepaku ozimego Monolit, wyhodowanej przy użyciu podwojonych haploidów (Cichy i in. 2005). To osiągnięcie jako „Wdrożenie nowej technologii hodowli odmian rzepaku ozimego opartej o linie podwojonych haploidów (DH) oraz otrzymanie pierwszej w Polsce odmiany” zostało nagrodzone Nagrodą Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi w 2009 r. Kolejną linią DH rzepaku ozimego znajdującą się w Krajowym Rejestrze jest zarejestrowana w 2013 r. odmiana Brendy, której jestem współtwórcą.

Od 2000 r. populacje linii DH były wykorzystywane w analizie genetycznej cech ilościowych rzepaku ozimego (Szała i in. 2015). Na podstawie kilkuletnich doświadczeń dokonano oceny parametrów genetycznych kontrolujących składniki plonu, zawartość tłuszczu i kwasów tłuszczowych w oleju oraz oszacowano liczbę genów potrzebnych do kontrolowania zawartości kwasów tłuszczowych. Oceniono także wpływ środowiska na komponenty plonu i skład kwasów tłuszczowych w populacjach linii DH. Przeprowadzono również ocenę jedno- i wielowymiarowych efektów GCA i SCA dla komponentów plonu i kwasów tłuszczowych na bazie wyników otrzymanych w doświadczeniach linia  $\times$  tester. Moje zainteresowanie analizą cech ilościowych w odniesieniu do plonu, jego komponentów i cech jakości nasion znalazło swe odbicie w rozprawie doktorskiej pt. „Zmienność fenotypowa i genetyczna populacji podwojonych haploidów rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.)”, którą obroniłam 6 czerwca 2013 roku. Na podstawie zróżnicowania genetycznego i fenotypowego dwóch par populacji podwojonych haploidów stwierdzono, że uwarunkowania genetyczne miały istotny wpływ na ekspresję wszystkich badanych cech w analizowanych populacjach linii DH. Znaczącemu oddziaływaniu warunków środowiska nie podlegały tylko liczba nasion w łuszczyńce i zawartość tłuszczu oraz zawartość neutralnego włókna. Analiza cech struktury plonu w odniesieniu do plonu

nasion wykazała, że żadna z cech struktury plonu rzepaku nie spełniała warunków miarodajnego kryterium, w oparciu o które można byłoby przeprowadzić efektywną selekcję podwojonych haploidów na plon. Wkrótce po obronie pracy doktorskiej przeszłam pomyślnie konkurs na stanowisko pracownika naukowego i od 1 października 2013 roku jestem zatrudniona na stanowisku adiunkta.

Innym kierunkiem badawczym realizowanym w Pracowni Kultur Tkankowych była transgeneza. Doświadczenia nad transformacją haploidalnych zarodków przeprowadzono przy użyciu *Agrobacterium tumefaciens* zawierającego wektor binarny pKGIB z genem *uidA* kodującym  $\beta$ -glukuronidazę (GUS) i z genem markerowym bar warunkującym odporność na fosfotricynę (Cegielska-Taras i in. 2008). Opracowana metoda wprowadzania obcego DNA do zarodków mikrosporowych rzepaku ozimego za pomocą *Agrobacterium tumefaciens*, a następnie podwajanie liczby chromosomów zregenerowanym transformowanym haploidom umożliwia uzyskanie homozygotycznych roślin. Ta metoda jest obecnie wykorzystywana do badań w projekcie NCN (2016/23/B/NZ9/02175 konkurs OPUS 12) pt. „Plastyczność odpowiedzi poliploidów na stresy środowiskowe: zbadanie regulonu ABI1/HB6 w warunkach stresów solnego i suszy u rzepaku (*Brassica napus* L.)”, w którym jestem jednym z wykonawców.

W moim dorobku naukowym ważną część stanowią badania nad resyntezą rzepaku ozimego. Poprzez krzyżowanie gatunków rodzicielskich *Brassica rapa* i *Brassica oleracea*, które są rezerwuarem wielu cech niespotykanych w rzepaku, można zwiększyć ogólną zmienność genetyczną tego gatunku i wprowadzić nowe cechy. Krzyżowania międzygatunkowe wykonywane są od wielu lat, ale dopiero rozwój nowych metod biotechnologicznych, w tym kultur in vitro, wymiennie zwiększył efektywność tych zabiegów. W badaniach prowadzonych we współpracy z Pracownią Heterozji wykazano znaczącą odrębność rzepaku resytetyzowanego (RS) i semi-resytetyzowanego (semi-RS) od naturalnego, co wskazuje na możliwość ich wykorzystania w hodowli odmian mieszańcowych (Liersch i in. 2016, Sosnowska i in. 2017, Liersch i in. 2019). Pierwsze próby w tym zakresie zostały już uczynione w sezonie 2015/16 (Szała i in. 2019). Doświadczenie polowe z 15 mieszańcami F<sub>1</sub> i ich formami rodzicielskimi: pięcioma liniami CMS i trzema podwójnie ulepszonymi liniami DH semi-RS z genem restorerem oraz z dwiema odmianami kontrolnymi: liniową (populacyjną) Monolit i mieszańcową Arsenal założono w trzech miejscowościach. Ocena wartości użytkowej materiałów hodowlanych na podstawie

doświadczeń wielośrodowiskowych umożliwia w pierwszej kolejności wybór genotypów najlepiej dostosowanych do większości warunków przyrodniczych danego rejonu, o szerokiej zdolności adaptacyjnej, ale pozwala też wydzielić genotypy o wąskiej adaptacji, charakteryzujące się wysoką produktywnością, ale tylko w określonych warunkach. Na podstawie zebranych wyników stwierdzono, że spośród badanych genotypów z istotnie wyższym lub niższym efektem głównym tylko jeden mieszańiec (M4S1) wykazał interakcję ze środowiskiem. Istotne efekty interakcji genotyp-środowisko zaobserwowano łącznie u dziewięciu mieszańców, dwóch linii CMS, dwóch linii DH semi-RS i jednej odmiany kontrolnej. Analiza regresji liniowej pozwoliła określić naturę interakcji genotypu ze środowiskiem i zidentyfikować sześć mieszańców, dwie linie DH semi-RS oraz jedną linię CMS jako genotypy intensywne z największą adaptacją do bardziej sprzyjających warunków uprawy. Pozostałe, niestabilne genotypy, tj. trzy mieszańce, jedna linia CMS i kontrolna odmiana mieszańcowa Arsenal wykazały zdolności przystosowania się do mniej sprzyjających warunków. Sezon wegetacyjny 2015/16 nie należał do korzystnych. W styczniu wystąpiły silne mrozy na bezśnieżnych polach, a latem częste deszcze opóźniły zbiór nasion. Wszystkie badane genotypy plonowały nisko, a szczególnie linie DH semi-RS, ale również linie CMS. Wywołały jednak wysoki efekt heterozji w niektórych mieszańcach. Wiele doniesień wskazuje, że linie RS można wykorzystać do rozwoju linii semi-RS na potrzeby hodowli mieszańcowej, ale istnieje niewiele publikacji dotyczących linii podwójnie ulepszonych i ich oceny w warunkach polowych. Stąd badania te stanowią cenny wkład do oceny możliwości zastosowania linii DH semi-RS jako komponentów ojcowskich do hodowli odmian mieszańcowych. Udział 50% rzepaku RS w liniach restorujących jest wystarczający, aby zapewnić wysoki efekt heterozji w mieszańcach. W sezonach 2017/18 i 2018/19 we współpracy z Hodowlą Roślin Strzelce założono kolejne doświadczenia z mieszańcami testowymi w celu oceny ich zdolności plonotwórczych w warunkach polowych.

W najbliższych planach jest skoncentrowanie się nad naturą genetyczną rzepaków RS. W ramach kierowanego przeze mnie tematu: „Zmiany genomowe resyntetyzowanego rzepaku ozimego i ich wpływ na ekspresję genów i fenotyp” prowadzona jest cytogenetyczna charakterystyka rzepaku RS obejmująca identyfikację chromosomów w liniach RS oraz wykrycie zmian strukturalnych i rearanżacji chromosomowych. Uzyskane w wyniku krzyżowań międzygatunkowych alloploidy posiadają zestaw niehomologicznych chromosomów i nawet po podwojeniu ich liczby



nie wszystkie pary chromosomów są homologiczne. W konsekwencji prowadzi to do zaburzeń w czasie mejozy i w trakcie rozwoju gametofitu, a tym samym obniżonej płodności otrzymanych mieszańców. Warunkiem wykorzystania resyntetyzowanego rzepaku w hodowli mieszańcowej jest jego genetyczna stabilność i prawidłowe wykształcanie pyłku. Badania cytogenetyczne umożliwią identyfikację chromosomów, ich liczby i przynależności do genomu A lub C. Przeprowadzona zostanie również analiza molekularna linii RS i linii rzepaku naturalnego o wysokim zróżnicowaniu fenotypowym (np. obecność genu restorera, żółta barwa nasion, zmieniony skład kwasów tłuszczowych) w celu doboru komponentów do utworzenia mieszańca F<sub>1</sub>, a następnie populacji linii DH służącej do mapowania rzepaku RS i umieszczenia na istniejącej mapie nowych markerów.

#### Literatura

- Beschorner M., Plumper B., Odenbach W. 1995. Analysis of self-incompatibility interactions in 30 resynthesized *Brassica napus* lines. I. Fluorescence microscopic studies. *Theor. Appl. Genet.* 90: 665-670.
- Boukema I.W., van Hintum T.J.L. 1999. Genetic resources. Gomez-Campo C. (Ed.) *Biology of Brassica Coenospecies*, Elsevier Amsterdam; str. 461-479.
- Bramley P.M., Elmadfa I., Kafatos A., Kelly F.J., Manios Y., Roxborough H.E., Schuch W., Sheehy P.J.A., Wagner K.H. 2000. Vitamin E. *J. Sci. Food Agric.* 80: 913-938.
- Cegielska-Taras T., Szała L., 1997. Regeneracja roślin z mikrosporowych zarodków rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.). *Rośliny Oleiste - Oilseed Crops*, XVIII: 21-30.
- Cegielska-Taras T., Szała L. 1998. Metoda bezpośredniego uzyskiwania podwojonych haploidów z mikrosporowych zarodków rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.). *Rośliny Oleiste - Oilseed Crops*, XIX (2): 353-357.
- Cegielska-Taras T., Szała L., Matuszczak M., Babula D., Mikołajczyk K., Popławska W., Sosnowska K., Hernacki B., Olejnik A., Bartkowiak-Broda I. 2015. Doubled haploid as a material for biotechnological manipulation and a modern tool for breeding of oilseed rape (*Brassica napus*). *BioTechnologia* 96(1): 171-177.

- Cegielska-Taras T., Pniewski T., Szała L. 2008. Transformation of microspore derived embryos of winter oilseed rape (*Brassica napus* L.) using *Agrobacterium tumefaciens* J. Appl. Genet., 49, 4, 343-347.
- Cichy H., Budzianowski G., Cegielska-Taras T., Szała L. 2005. Odmiana rzepaku ozimego wyhodowana przy użyciu podwojonych haploidów. Rośliny Oleiste - Oilseed Crops, XXVI (2): 637-642.
- Delourme R., Eber F. 1992. Linkage between an isozyme marker and a restorer gene in radish cytoplasmic male sterility of rapeseed (*Brassica napus* L.). Theor. Appl. Genet. 85: 222-228
- Delourme R., Bouchereau A., Hubert N., Renard M., Landry B.S. 1994. Identification of RAPD markers linked to a fertility restorer gene for the *Ogura* radish cytoplasmic male sterility of rapeseed (*Brassica napus* L.). Theor. Appl. Genet. 88: 741-748
- Delourme R., Foisset N., Horvais R., Barret P., Champagne G., Cheung W.Y., Landry B.S., Renard M. 1998. Characterisation of the radish introgression carrying the *Rfo* restores gene for the *Ogu*-INRA cytoplasmic male sterility in rapeseed (*Brassica napus* L.) Theor. Appl. Genet. 97: 129-134
- Eitenmiller R., Lee J. 2004. Vitamin E – food chemistry, composition and analysis. Marcel Dekker, New York, USA.
- FAOSTAT <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>
- Girke A., Schierholt A., Becker H.C. 2012a. Extending the rapeseed gene pool with resynthesized *Brassica napus* L. I: Genetic diversity. Genet. Resour. Crop Evol. 59: 1441-1447.
- Girke A., Schierholt A., Becker H.C. 2012b. Extending the rapeseed gene pool with resynthesized *Brassica napus* II: Heterosis. Theor Appl Genet. 124: 1017–1026.
- Jeske T., Olberg B., Schierholt A., Becker H.C. 2013. Resynthesized lines from domesticated and wild *Brassica* taxa and their hybrids with *B. napus* L.: genetic diversity and hybrid yield. Theor. Appl. Genet. 126: 1053-1065.
- Krzymański J. 2000. Perspektywy badań nad rzepakiem i jego hodowlą. Rośliny Oleiste – Oilseed Crops XXI (1): 7-14.
- Liersch A., Bocianowski J., Woś H., Szała L., Sosnowska K., Cegielska-Taras T., Nowosad K., Bartkowiak-Broda I. 2016. Assessment of genetic relationship in breeding lines and cultivars of *Brassica napus* and their implications for breeding winter oilseed rape. Crop Science 56 (4): 1540-1549.

- Liersch A., Bocianowski J., Popławska W., **Szała L.**, Sosnowska K., Cegielska-Taras T., Nowosad K., Matuszczak M., Bartkowiak-Broda I. 2019. Creation of gene pools with amplified fragment length polymorphis markers for development of winter oilseed rape (*Brassica napus* L.) hybrid cultivars. *Euphytica*, 215: 22.
- Marwede, V., Schierholt, A., Möllers, C., Becker, H.C. 2004. Genotype × environment interactions and heritability of tocopherol contents in canola. *Crop Sci.* 44, 728-731.
- Mądry W., Krajewski P., Pluta S., Żurawicz E. 2004. Wielocephowa ocena wartości hodowlanej i zróżnicowania genetycznego odmian porzeczki czarnej (*Ribes nigrum* L.) na podstawie efektów ogólnej zdolności kombinacyjnej. *Acta Sci. Pol., Hortorum Cultus* 3 (2): 93-109.
- Mińkowski K., Grzeńkiewicz S., Jerzewska M. 2011. Ocena wartości odżywczej olejów roślinnych o dużej zawartości kwasów linolenowych na podstawie składu kwasów tłuszczowych, tokoferoli i steroli. *Żywność. Nauka. Technologia. Jakość* 2 (75): 124 – 135.
- Nogała-Kałucka M. i Siger A. 2011. Tokochromanole – bioaktywne związki roślin oleistych. Od biosyntezy do biomarkerów. *Rośliny Oleiste – Oilseed Crops XXXII* (1): 9-28.
- Olejniak D., Gogolewski M., Nogała-Kałucka M. 1997. Isolation and some properties of plastochromanol-8. *Nahrung*, 41: 101-104.
- Popławska W., Liersch A., Bartkowiak-Broda I., Krótka K. 2007. Isozyme analysis of polymorphism of winter rapeseed Polish cultivars (*Brassica napus* L. var. *oleifera*). *Rośliny Oleiste – Oilseed Crops XXVIII* (1): 9-25.
- Rudzińska M., Uchman W., Wąsowicz E. 2005. Sterole roślinne w technologii żywności. *ACTA Scientiarum Polonorum Technologia Alimentaria* 4:147-156.
- Sosnowska K., Cegielska-Taras T, Liersch A., Karłowski W.M., Bocianowski J., Szała L., Mikołajczyk K., Popławska W. 2017. Genetic relationships among resynthesized, semi-resynthesized and natural *Brassica napus* L. genotypes. *Euphytica*, 213:212, 1-12.
- Szała L., Kaczmarek Z., Adamska E., Cegielska-Taras T. 2015. The assessment of winter oilseed rape DH lines using uni- and multivariate methods of quantitative genetics and mathematical methods. *BioTechnologia* 96 (2): 7-18.
- Szała L., Kaczmarek Z., Popławska W., Liersch A., Wójtowicz M., Sosnowska K., Matuszczak M., Biliński Z.R., Stefanowicz M., Cegielska-Taras T. 2019.

Estimation of seed yield in oilseed rape to identify the potential of semi-resynthesized parents for the development of new hybrid cultivars. PLOS ONE. Złożona do druku.

Szymańska R., Kruk J. 2007. Występowanie oraz funkcja tokochromanoli u roślin, zwierząt i u człowieka. Post. Biochem. 53: 174-181.

## 6. Zestawienie dorobku naukowego

### 6.1. Kryteria oceny dorobku naukowego

<b>Sumaryczna liczba punktów</b>	
Sumaryczna liczba punktów MNiSW przed uzyskaniem stopnia doktora (punktacja wg listy z dnia 9.12.2016)	318
Sumaryczna liczba punktów MNiSW po uzyskaniu stopnia doktora (punktacja wg listy z dnia 9.12.2016)	325
Sumaryczny IF przed uzyskaniem stopnia doktora (punktacja wg 2017 r.)	10,663
Sumaryczny IF po uzyskaniu stopnia doktora (punktacja wg roku wydania)	17,061
<b>Liczba cytowań</b>	
wg bazy Web of Science (WoS)	55/43
<b>Indeks h</b>	
wg bazy Web of Science (WoS)	5

6.2. Zestawienie czasopism, w których opublikowano oryginalne prace twórcze przed i po uzyskaniu stopnia doktora

Czasopismo (układ alfabetyczny)	Przed uzyskaniem stopnia doktora			Po uzyskaniu stopnia doktora			Łączna suma pkt. MNiSW <sup>2</sup>
	N	Suma IF <sub>2017</sub>	MNiSW <sup>2</sup> pkt.	N	Suma IF <sup>1</sup>	MNiSW <sup>2</sup> pkt.	
Acta Scientiarum Polonorum Alimentaria	-	-	-	1	-	15	15
Biological Bulletin of Poznań (obecnie Biological Letters)	1	-	13	-	-	-	13
BioTechnologia	1	-	13	2	-	26	39
Biuletyn IHAR	5	-	30	-	-	-	30
Brassicacae	1	-	-	-	-	-	-
Breeding Science	-	-	-	1	1,792	30	30
Bulletin GCIRC	2	-	-	-	-	-	-
Crop Science	-	-	-	1	1,629	30	30
Euphytica	1	1,546	35	2	3,092	70	105
Frontiers in Plant Science	-	-	-	1	3,678	40	40
Industrial Crops and Products	1	3,849	40	1	3,449	40	80
Journal of Applied Genetics	3	5,268	60	-	-	-	75
Journal of Intergrative Agriculture	-	-	-	1	1,042	25	25
Journal of the Science of Food and Agriculture	-	-	-	1	2,379	-	35
Proceedings of International Rapeseed Congress	7	-	-	-	-	-	-
Rośliny Oleiste - Oilseed Crops	16	-	112	2	-	14	126
Zeszyty Naukowe AR w Krakowie	1	-	-	-	-	-	-
<b>Rozdział w monografii</b>							
Advances in analysis and technology of rapeseed oil	3	-	15	-	-	-	15
Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych	1	-	-	-	-	-	-
Genetyka w ulepszaniu roślin użytkowych	1	-	-	-	-	-	-
Haploidy i linie podwojonych haploidów w genetyce i hodowli roślin	2	-	-	-	-	-	-
<b>Łącznie</b>	<b>46</b>	<b>10,663</b>	<b>318</b>	<b>13</b>	<b>17,061</b>	<b>325</b>	<b>643</b>

1. N - liczba prac w danym czasopiśmie

2. <sup>1</sup> IF zgodnie z rokiem opublikowania, a publikacje wydane w roku 2018 – wg roku 2017.

3. <sup>2</sup> Zgodnie z punktacją MNiSW z dnia 9.12.2016 roku.