

Dr Beata Myśków
Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin
Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie
ul. Słowackiego 17
71-434 Szczecin

Informacja o działalności naukowej, dydaktycznej i organizacyjnej

(Autoreferat)

Osiągnięcia naukowe

Moja działalność badawcza związana jest ściśle z genetyką molekularną. Pierwsze prace badawcze wykonywałam pod kierunkiem pana prof. dr hab. Romana Zielińskiego w Katedrze Genetyki Uniwersytetu Szczecińskiego w ramach pracy magisterskiej. Badania dotyczyły zróżnicowania genetycznego małża z gatunku *Dreissena polymorpha*, występującego w jeziorach Pomorza Zachodniego i prowadzone były przy wykorzystaniu techniki elektroforezy białek izoenzymatycznych w żelu skrobiowym. Wyniki prac badawczych zamieszczone zostały w pracy magisterskiej pt „Analiza struktury genetycznej populacji małża *Dreissena polymorpha* Pall. z jezior Pomorza Zachodniego”.

Po zakończeniu studiów podjęłam studia doktoranckie w Akademii Rolniczej w Szczecinie, w Katedrze Hodowli Roślin, kierowanej wówczas przez prof. dr hab. Mirosława Łapińskiego. Moim opiekunem naukowym był dr hab. (obecnie prof. dr hab.) Piotr Masojć. Pod jego kierunkiem podjęłam badania związane z genetyczną charakterystyką żyta, zmierzające w głównej mierze do skonstruowania dokładnej mapy genetycznej tego gatunku. Przy użyciu technik molekularnych obejmujących elektroforetyczną analizę izoenzymów w żelach poliakrylamidowych (PAGE) i łańcuchową reakcję polimerazy (PCR) z niespecyficznymi starterami (RAPD) uzyskałam markery molekularne potrzebne do zagęszczenia mapy sprzężeń mieszańca DS2×RXL10. Szkielet mapy składał się wówczas wyłącznie z markerów RFLP a markery bazujące na reakcji PCR były pierwszymi tego typu markerami uzyskanymi dla tego gatunku. Markery RAPD posłużyły także do oceny zróżnicowania genetycznego kolekcji linii wsobnych żyta pochodzących z zasobów naszej katedry oraz z firmy hodowlanej DANKO. Uzyskane wyniki stały się podstawą do napisania

rozprawy doktorskiej: „Konstruowanie mapy genetycznej żyta przy wykorzystaniu markerów molekularnych – RAPD i izoenzymów”.

Po uzyskaniu stopnia doktora zostałam zatrudniona w Katedrze Hodowli Roślin Akademii Rolniczej w Szczecinie na stanowisku adiunkta, które zajmuję do tej pory. W międzyczasie uczelnia zmieniła strukturę i nazwę, stając się - po połączeniu z Politechniką Szczecińską - Zachodniopomorskim Uniwersytetem Technologicznym w Szczecinie. Nasza katedra nosi obecnie nazwę Katedry Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin.

Głównym przedmiotem moich badań pozostaje niezmiennie żyto, a głównym kierunkiem badawczym jest poszukiwanie markerów molekularnych genomu żyta i identyfikacja markerów ważnych pod względem użytkowym cech, głównie porostania przedźniwnego (PHS) i związanej z nim aktywności amylazy (AA), wczesności kłoszenia (HE) oraz cech morfologicznych a także męskiej sterility. Ten cel realizowany jest poprzez konstruowanie map genetycznych i identyfikację obszarów genomu zawierających *loci* badanych cech. Część moich badań poświęcona jest ocenie zależności fenetycznych linii wsobnych żyta pochodzących z kolekcji katedry jak również z firm hodowlanych. Dodatkowym obszarem moich naukowych zainteresowań jest zróżnicowanie genetyczne nicieni owadobójczych z rodzaju *Steinernematidae* i *Heterorhabditidae*.

Konstruowanie map genetycznych

Badania związane z konstruowaniem map genetycznych rozpoczęłam od udziału w zagęszczaniu mapy genetycznej pokolenia F2 mieszańca DS2×RXL10. Była to pierwsza kompletna (złożona z siedmiu grup sprzężeń) mapa żyta skonstruowana przez zespół prof. M.D. Gale'a z John Innes Center Institute (Norwich, UK). Mapa wykonana z użyciem techniki RFLP była przy moim udziale sukcesywnie wzbogacana o nowe markery bazujące na aktualnie dostępnych technikach molekularnych. Nowe markery tworzone były z wykorzystaniem metody PCR ze starterami o losowych sekwencjach. Wyniki tych badań prezentują między innymi, poza rozprawą doktorską, publikacje z *Theoretical and Applied Genetics* oraz *Journal of Applied Genetics* (2.1.2, 2.1.3, 2.1.4, 2.2.1, 2.2.2). Moim zadaniem były zarówno prace zmierzające do uzyskania materiału roślinnego, analizy molekularne jak i proces komputerowej analizy danych. Do mapowania wykorzystywałam wówczas program MAPMAKER 3.0. Rozbudowywana mapa populacji DS2×RXL10 pozostawała przez kilkanaście lat najsilniej zagęszczoną mapą żyta i służyła jako mapa referencyjna w wielu

badaniach zmierzających do tworzenia nowych map sprzężeń żyta i pszenżyta, między innymi mapy mieszańca żyta 541×Ot1-3 (2.1.4).

Jednym z kolejnych osiągnięć w dziedzinie mapowania genetycznego było opracowanie i opublikowanie przez zespół pracowników naszej katedry silnie zagęszczonej mapy chromosomu 6R (2.1.5), będącej pierwszą zintegrowaną mapą stworzoną dla żyta przy wykorzystaniu programu JoinMap 3.0 pozwalającego na jednoczesne analizowanie danych otrzymanych z kilku populacji mapujących.

Wśród zadań wykonywanych przeze mnie po zatrudnieniu na stanowisku adiunkta było koordynowanie prac nad kolejną mapą genetyczną żyta tworzoną od podstaw. Była to mapa pokolenia F₂ mieszańca S120×S76, tworzona początkowo przy pomocy programu MAPMAKER 3.0 (2.2.1), ale ostatecznie skonstruowana przy użyciu programu komputerowego JoinMap 3.0 z markerów PCR bazujących w większości na starterach o losowych sekwencjach (2.2.4). Posłużyła ona między innymi jako narzędzie do oceny przydatności markerów RAPD i ISSR w tworzeniu nowej mapy genetycznej i identyfikacji grup sprzężeń oraz do analizy tak zwanej transferowalności markerów, czyli skuteczności w wykorzystaniu tych samych markerów do konstruowania i rozbudowy różnych map tego samego gatunku. Mieszańiec wykorzystany w tych badaniach stanowił podstawę do wyhodowania przeze mnie populacji składającej się z zestawu rekombinacyjnych linii wsobnych (RIL), które były głównym materiałem badawczym w moich dalszych pracach.

Z uwagi na brak dostępnych informacji o sekwencjach DNA żyta, w swoich pracach wykorzystywałam głównie markery o charakterze losowym (RAPD, ISSR, AFLP) ale także markery specyficzne (SSR i STS). Większość ze stosowanych metod molekularnych nie pozwalała na osiągnięcie dużej wydajności. Część z nich zapewniała co prawda uzyskanie bardzo wielu markerów ale odbywało się to kosztem pracochłonnych analiz. Pojawienie się techniki DArT (Diversity Array Technology) wykorzystującej technologię mikromacierzy umożliwiło znaczne przyspieszenie badań nad identyfikacją nowych markerów charakteryzujących genomy roślinne, w tym genom żyta. Ta technologia umożliwia szybkie uzyskanie danych o segregacji tysięcy markerów, co pozwala na skonstruowanie w stosunkowo krótkim czasie map genetycznych o dużej gęstości.

Dzięki nawiązaniu współpracy naukowej z zespołem z Katedry Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin z SGGW z Warszawy i udziałowi w projekcie badawczym kierowanym przez prof. Monikę Rakoczy-Trojanowską (3.2.7) możliwe stało się utworzenie w oparciu o markery DArT silnie zagęszczonych map pięciu populacji RIL żyta (w tym

S120×S76) i stworzenie najbardziej nasyconej mapy zintegrowanej tego gatunku. Analizy DArT wykonane zostały przy współpracy z firmą Diversity Array Technology Pty Ltd (Yarralumla, Australia).

Zanim wyniki prac nad zintegrowaną mapą wszystkich badanych mieszańców opracowano w programie MultiPoint Consensus 2.2 i opublikowano w czasopiśmie PLoS One (2.1.8), zostały one przeze mnie wykorzystane do skonstruowania przy pomocy programu JoinMap 3.0 czterech niezależnych silnie zagęszczonych map żyta. Mapy te posłużyły następnie do lokalizacji QTL cech stanowiących przedmiot moich badawczych zainteresowań – PHS oraz wczesności. Uzyskane rezultaty stały się podstawą mojej monografii habilitacyjnej zatytułowanej „Identyfikacja *loci* cech ilościowych (QTL) kontrolujących wczesność i podatność na porastanie u żyta (*Secale cereale* L.) z wykorzystaniem zagęszczonych map genetycznych populacji rekombinacyjnych linii wsobnych (RIL)”.

Identyfikacja QTL

Jednym z ważniejszych problemów badawczych, którym poświęcam uwagę jest zjawisko porastania przedźniwnego u żyta. Jest to ważna pod względem agronomicznym cecha o bardzo złożonym podłożu genetycznym. Do poznania mechanizmów jej dziedziczenia konieczne jest posiadanie odpowiedniego materiału badawczego. Jedną ze strategii badania cech wielogenowych, wybraną przeze mnie do analizy PHS jest analiza QTL (*loci* cech ilościowych). Aby wyniki były jak najbardziej miarodajne niezbędne jest dysponowanie silnie zagęszczoną mapą genetyczną badanego gatunku. Z kolei dla zwiększenia wiarygodności analiz QTL wymagane jest wielokrotne powtarzanie ocen fenotypowych. Do realizacji tych wymagań dobrze nadaje się populacja mapująca złożona z rekombinacyjnych linii wsobnych (RIL). Linie wsobne wybrane do utworzenia mieszańca stanowiącego główny materiał badawczy w moich pracach pochodziły ze źródeł komercyjnej hodowli, co miało na celu zidentyfikowanie markerów mogących znaleźć zastosowanie w praktyce hodowlanej.

Utworzenie mapy genetycznej i analizy QTL przebiegały dwuetapowo. W pierwszym etapie analizie poddane zostało pokolenie F2 mieszańca a w drugim bazowano na wyprowadzonej z niego populacji RIL.

Populacja mapująca F2 posłużyła do skonstruowania mapy genetycznej złożonej ostatecznie ze 141 markerów (2.2.4) i do identyfikacji QTL kontrolujących PHS i AA (2.2.1,

2.1.6). Liczba wykrytych QTL była stosunkowo niewielka w porównaniu z rezultatami osiąganymi wcześniej przez moich współpracowników dla dwóch innych map żyta. Pokolenie F2 nie pozwalało na weryfikację moich wyników, ponieważ tego typu materiał charakteryzuje brak możliwości dokonywania wielokrotnych ocen interesujących cech. Fenotypowanie ogranicza się tylko do roślin pokolenia F2, względnie ich potomstw - F3.

Możliwość corocznego powtarzania analiz badanych cech i weryfikacji wyników uzyskanych dla danego mieszańca daje zastosowanie linii wsobnych wyprowadzonych z pokolenia F2. Tego typu materiał, określany skrótem RIL, wymaga długotrwałych przygotowań. Uzyskanie odpowiedniego do wykonania badań poziomu wsobności populacji mapującej trwało w przypadku mojego materiału osiem lat. Dopiero po tym czasie celowe stało się pobranie DNA i skonstruowanie mapy sprzężeń oraz dalsze analizy fenotypowe, które przeprowadzano w 3-4 powtórzeniach w kolejnych sezonach wegetacyjnych. Równoległe z analizą PHS dokonywałam oceny terminu kłoszenia na tym samym materiale oraz na trzech innych populacjach RIL, wyprowadzanych przez współpracowników z Katedry, przy moim udziale.

Zagęszczone mapy czterech populacji RIL posłużyły do lokalizacji QTL kontrolujących wczesność oraz w przypadku mapy S120×S76 także PHS. Wyniki tych badań znalazły się w mojej monografii habilitacyjnej. Wykorzystanie rozbudowanych map populacji RIL pozwoliło m.in. wyjaśnić wątpliwości dotyczące małej liczby QTL na mapie F2 mieszańca S120×S76. Okazało się, że zróżnicowanie obecne u badanego mieszańca w pewnych regionach kontrolujących przedźniwne porastanie nie zostało wcześniej wykryte, bowiem na mapie populacji RIL wykryto aż 31 QTL porastania, co wskazuje na przewagę zastosowania do analizy QTL zagęszczonej mapy genetycznej oraz populacji linii wsobnych. Na analizowanych czterech mapach wykryto ponadto 58 QTL kontrolujących wczesność, uzupełniając znacząco wiedzę o obszarach genomu żyta odpowiedzialnych za tą ważną z punktu widzenia praktyki rolniczej cechę.

Poza przedstawieniem zagęszczonych map i wyników analiz QTL praca ukazuje zależności między porastaniem i wczesnością, które dotychczas nie były badane. Analiza porównawcza QTL wykazała, że wiele QTL porastania pokrywało się całkowicie, lub częściowo z QTL wczesności. Można uznać, że potencjalnie 20 regionów zawierających *loci* porastania wykazywało przynajmniej częściowy związek swojej lokalizacji z QTL wczesności. To aż 66% QTL porastania i 34% z 59 regionów kontrolujących wczesność we

wszystkich czterech populacjach. Dotychczasowe doniesienia literaturowe donosiły o jednym QTL wspólnym dla przedźniwnego porastania i terminu kłoszenia oraz spoczynku u pszenicy.

Pokrywanie się obszarów zawierających *loci* kontrolujące porastanie i wczesność odpowiadało w przybliżeniu zależności między lokalizacją QTL porastania i aktywności α -amylazy, wykazanej wcześniej przez współpracowników katedry która w przeliczeniu na udział OTL wspólnych w stosunku do QTL dla PHS wyniosła 69,2%.

Dzięki uzyskanym wynikom możliwe było wykazanie, że przewidywana wcześniej współzależność dziedzicznego podłoża obu cech istnieje, ale nie jest bezpośrednią zależnością, pozwalającą stwierdzić, że wczesne formy żyta będą wykazywały skłonność do silniejszego porastania. Liczba *loci* niezależnie zaangażowanych w kontrolę każdej z badanych cech jest na tyle duża, że kombinacje alleli umożliwiają pojawienie się wśród grupy roślin wczesnych zarówno form podatnych jak i odpornych na porastanie. Podobne zróżnicowanie dotyczy grupy roślin o późnym terminie kłoszenia.

Związek między genami wczesności i porastania o podobnej lokalizacji może polegać tylko na ich sprzężeniu, ale istnieje też możliwość, że część z nich to geny o efektach plejotropowych, zaangażowane w kontrolę obu cech. Ponieważ jednak geny te działają na różnych etapach rozwoju i w interakcji z różnymi warunkami środowiska nie ma prostej zależności między badanymi cechami.

Niezależnie od rodzaju współdziałań między genami i od mechanizmów działania regulujących obie cechy, możliwe jest prowadzenie selekcji w celu wytworzenia korzystnych dla uprawy form wczesnych, jednocześnie odpornych na przedźniwne porastanie. Wyniki przedstawione w monografii wskazują markery mogące stać się użytecznymi w selekcji wczesnych i zarazem odpornych na porastanie form żyta.

Kontynuację i rozwinięcie badań nad genetycznym podłożem porastania i wczesności zakłada projekt badawczy, którym kieruję od 2010 roku (3.1.1). W wyniku realizacji zadań zaplanowanych w grantie i z wykorzystaniem wcześniejszych osiągnięć opublikowana została praca w czasopiśmie *Molecular Breeding* (2.1.9). Przedstawiono w niej rezultaty badań nad porastaniem wzbogacone o wyniki analiz PHS z dodatkowego sezonu wegetacyjnego oraz dołączono wyniki z trzyletniej oceny aktywności α -amylazy. Dokonano analizy zależności lokalizacji QTL poszczególnych cech. Na mapie zidentyfikowano 14 QTL aktywności α -amylazy, czyli więcej niż udało się wykryć na mapie pokolenia F2 tego samego mieszańca, co podobnie jak w przypadku analizy QTL warunkujących podatność na porastanie przemawia na korzyść zastosowania do analizy QTL silnie zagęszczonej mapy

genetycznej oraz populacji rekombinacyjnych linii wsobnych. Zależność między lokalizacją genów kontrolujących PHS i AA została stwierdzona w 6 przypadkach i dla takiej samej liczby regionów genomu wykazano związek między genami porastania i wczesności.

Znajomość regionów genomu zaangażowanych w kontrolę wczesności i porastania stanowi dobrą podstawę do analizy porównawczej z QTL innych cech. Obecnie zajmuję się badaniami mającymi na celu wykazanie powiązań między lokalizacją QTL wczesności, porastania, aktywności α -amylazy oraz cech morfologicznych u żyta, z wykorzystaniem dwóch map konsensusowych. Uzyskane wyniki (2.3.24) wskazują na liczne zależności rozmieszczenia na mapie QTL zarówno porastania i cech morfologicznych jak też wczesności i cech morfologicznych oraz wszystkich trzech grup cech. W pierwszym przypadku wykazano głównie sprzężenia genów kontrolujących PHS i morfologię kłosa (długość, liczbę kłosków, zbitość), w drugim obserwowano związek położenia QTL wczesności i cech morfologicznych charakteryzujących przede wszystkim ziarniakę (liczba i masa ziaren). Niezależnie od tego czy geny badanych cech wykazują działanie plejotropowe czy też są genami sprzężonymi, możliwe jest wytypowanie markerów przydatnych w selekcji korzystnych dla uprawy form żyta.

Swoje doświadczenia w analizie QTL wykorzystałam do nawiązania współpracy z pracownikami Instytutu Fizjologii Roślin PAN w Krakowie, czego wynikiem jest praca opublikowana w Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization (2.2.7).

Inne badania z zastosowaniem markerów molekularnych

Inne prace badawcze w których realizację byłam zaangażowana, to kierowane przez dr hab. Stefana Stojalowskiego (3.2.8, 3.2.10) badania związane z identyfikacją genów przywracających męską płodność u żyta z cytoplazmą sterylizującą typu CMS-C, których wyniki prezentowane były w kilku publikacjach lub doniesieniach (2.1.7, 2.3.16, 2.3.18, 2.3.20, 2.3.22) i wykorzystywane są w pracach związanych z hodowlą odmian mieszańcowych. Uczestniczyłam też projekcie o tematyce dotyczącej zjawiska cytoplazmatycznej męskiej sterility u pszenżyta (3.2.5) Był to grant celowy współfinansowany przez DANKO Hodowla Roślin Sp. z o.o. oraz Ministerstwo Nauki i Informatyzacji, koordynowany przez panią prof. dr hab. Marię Wędzony z Instytutu Fizjologii Roślin PAN w Krakowie.

Kolejną cechą żyta, w której badaniach biorę udział jest zjawisko karłowatości. Badania nad genetycznym uwarunkowaniem tej cechy, stwierdzonej w materiale

pochodzącym ze źródła K11 (IHAR Radzików) doprowadziły do identyfikacji genu Ddw3. Jest to gen o dominującym charakterze dziedziczenia, który został zlokalizowany na chromosomie 1R (2.3.21, 2.3.25). W naszej katedrze dysponujemy jeszcze kilkoma źródłami karłowatości i prowadzimy prace nad ich charakterystyką.

Badania podobieństwa genetycznego

Wybrane markery genomu żytniego, zarówno zmapowane jak i bez znanej lokalizacji chromosomowej posłużyły do analizy podobieństwa genetycznego i fingerprintingu linii wsobnych żyta. Wyniki zamieszczono w pracach opublikowanych w Journal of Applied Genetics i Plant Breeding and Seed Science (2.1.1, 2.2.6). Prace te zawierają charakterystykę zróżnicowania genetycznego dwóch zestawów linii i uszeregowanie tych materiałów w ramach dendrogramów. W jednej z prac dokonano także porównania efektów zastosowania różnych metod molekularnych do analizy skupień badanych materiałów. Znajomość rezultatów tych badań jest istotna między innymi dla określenia poziomu zmienności między komponentami rodzicielskimi wybieranymi do tworzenia populacji mapujących czy też do przewidzenia efektu heterozji w hodowli odmian mieszańcowych.

Charakterystyka molekularna nicieni owadobójczych (EPN)

Poza pracami związanymi z molekularną charakterystyką żyta i poszukiwaniem loci warunkujących porastanie i wczesność uczestniczyłam także w badaniach nad nicieniami owadobójczymi. Badania te prowadzone są we współpracy z dr Magdaleną Dzięgielewską z Zakładu Ochrony Roślin naszego wydziału. Wspólne badania realizowane były między innymi w ramach grantu NCN (3.2.9). Współpraca zaowocowała opublikowaniem dwóch prac (2.2.3, 2.2.5) i przygotowaniem do druku kolejnej publikacji.

Nicienie z rodziny Steinernematidae i Heterorhabditidae należą do obligatoryjnych pasożytów owadów i ze względu na swoje szczególne właściwości stanowią jeden z ważniejszych czynników biologicznego zwalczania szkodników glebowych. Dążenie do zwalczania szkodników przy jednoczesnym ograniczaniu zużycia pestycydów sprzyja zainteresowaniu nicieniami owadobójczymi, niewiele jednak wiadomo o rozprzestrzenieniu i zagęszczeniu tych organizmów w Polsce. Dane dotyczące zasięgu występowania nicieni owadobójczych w naszym kraju wymagały więc uzupełnienia a także weryfikacji bowiem wyniki badań nad EPN w krajach europejskich, sąsiadujących z Polską wzbudzały pewne wątpliwości w odniesieniu do niektórych informacji z literatury krajowej. Dla przykładu

problematiczny wydawał się fakt stwierdzenia obecności *Steinernema glaseri* na terenie naszego kraju, jako że w Europie gatunek ten odnotowano jedynie na Azorach i w Hiszpanii. Aktualizacji wymagały też doniesienia o stosunkowo częstym występowaniu *Steinernema carpocapsae* i *Heterorhabditis bacteriophora* w glebach południowej Polski. Badania nad ekologią nicieni owadobójczych prowadzone na terenie Czech, wykazały że w żadnej z licznych prób nie odnotowano *S. carpocapsae*. Jednocześnie badania EPN z terenu Czech i Niemiec wskazywały na duże prawdopodobieństwo obecności nowych, niewykrytych dotąd w Polsce gatunków z tej grupy w naszej faunie glebowej.

Wiele z wymienionych powyżej wątpliwości wiąże się z tym, że klasyfikacja gatunkowa nicieni w oparciu o badania morfometryczne jest niezmiernie trudna i wymaga dużego doświadczenia. Wsparciem dla klasycznych metod oceny są metody bazujące na markerach molekularnych. Szczegółowe badania nad ekologią i występowaniem nicieni owadobójczych w północno-zachodniej Polsce w oparciu o metody genetyczne potwierdzające wiarygodność oznaczeń taksonomicznych, będące efektem między innymi realizacji grantu (3.2.9) pozwoliły na rzetelną weryfikację składu gatunkowego nicieni z rodziny *Steinernematidae* i *Heterorhabditidae* w naszym kraju.

Moim głównym zadaniem było stworzenie prostego systemu identyfikacji gatunków nicieni EPN identyfikowanych na terenie Polski i weryfikacja przy jego udziale klasycznych oznaczeń taksonomicznych analizowanych izolatów. Udało się to dzięki wykorzystaniu metody PCR-RFLP. Zastosowanie jednej pary starterów (LSU) i dwóch enzymów restrykcyjnych (HinfI i RsaI) pozwoliło na wykazanie odmienności wszystkich siedmiu badanych gatunków, w tym *Steinernema silvaticum*, którego obecności na terenie Polski dotychczas nie odnotowywano (praca złożona w wydawnictwie Folia Parasitologica).

Zaprezentowany system do identyfikacji EPN występujących na terenie Polski i Europy Środkowej może stanowić użyteczne narzędzie w potwierdzeniu rozpoznania izolatów na podstawie oceny morfometrycznej. Mógłby znaleźć zastosowanie także jako niezależne, wstępne narzędzie do identyfikacji nicieni a zaangażowanie doświadczonego nematologa i dalsze analizy molekularne byłyby niezbędne w razie pojawienia się wątpliwości (np. w przypadku pojawienia się gatunku innego niż wykryte dotychczas).

Dorobek publikacyjny

Na mój dorobek naukowy, poza monografią habilitacyjną składa się 17 prac oryginalnych, w tym 16 opublikowanych po uzyskaniu stopnia doktora. Dziewięć z nich

ukazało się w czasopismach aktualnie wyróżnianych w Journal Citation Reports, z przyznanym IF. Wartość sumaryczna IF pięcioletniego dla moich publikacji wynosi 20,335 a suma punktów na podstawie listy czasopism opublikowanej przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego w 2012r wynosi 250. Łączna liczba cytowań według bazy Web of Science to 49 (36 bez autocytowań), indeks Hirsha $h=2$ a według zestawienia ze wszystkich baz danych to 97 (75 bez autocytowań), indeks Hirsha $h=4$.

Oprócz prac o charakterze oryginalnym jestem współautorką 32 prac i doniesień konferencyjnych (w tym 25 po uzyskaniu stopnia doktora). Wyniki swoich badań prezentowałam również biorąc udział w konferencjach naukowych, w formie posterów oraz w formie prezentacji (1.II Krajowe Seminarium: Mapowanie genomów roślinnych i poszukiwanie markerów cech użytkowych, Poznań 2000; 2. Konferencja: Nauka dla Hodowli i Nasiennictwa Roślin Uprawnych, Zakopane 2011). We wrześniu 2012 roku prezentowałam wyniki badań na Zjeździe Katedr Genetyki, Hodowli Roślin, Nasiennictwa i Biotechnologii w Krakowie, jako przedstawiciel Katedry Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin ZUT.

Udział w projektach badawczych

Uczestniczyłam jako wykonawca w dziesięciu projektach naukowych (3.2.1, 3.2.10), finansowanych przez krajowe instytucje (KBN, Ministerstwo Rolnictwa, MNiSW, NCN). Od 2010 roku kieruję trzyletnim grantem przyznanym przez MNiSW, przejętym przez NCN (3.1.1). Temat grantu dotyczy moich głównych zainteresowań badawczych; jego celem jest dokładne poznanie genetycznego podłoża wczesności u żyta i określenie zależności między terminem kłoszenia a zjawiskiem porostania oraz zidentyfikowanie markerów molekularnych obu cech.

Jestem także współwykonawcą w trzyletnim projekcie „Opracowanie markerów molekularnych karłowatego typu wzrostu, jako wsparcie programu hodowli odmian żyta i pszenżyta odpornych na wyleganie”, który został oceniony pozytywnie (czerwiec 2012r.) i zakwalifikowany do finansowania przez NCBR w ramach I konkursu w Programie Badań Stosowanych (ścieżka B).

Brałam udział również w realizacji grantów wewnątrzuczelnianych; w dwóch jako kierownik (4.1.1, 4.1.2) i w czterech jako wykonawca (4.2.1-4.2.4).

Osiągnięcia w zakresie dorobku dydaktycznego, popularyzatorskiego oraz współpracy z instytucjami, organizacjami i towarzystwami naukowymi

Działalność dydaktyczno-wychowawcza

Przygotowanie dydaktyczne zdobyłam w ramach studiów uniwersyteckich na Uniwersytecie Szczecińskim. Posiadam także przygotowanie dydaktyczne w zakresie pedagogiki szkoły wyższej dzięki ukończeniu studium doskonalenia pedagogicznego na Akademii Rolniczej w Szczecinie.

W czasie mojego zatrudnienia na stanowisku adiunkta (2000-2012) prowadziłam zajęcia dydaktyczne z jedenastu przedmiotów na pięciu kierunkach studiów (zestawienie w tabeli poniżej) w formie wykładów, ćwiczeń audytoryjnych i ćwiczeń laboratoryjnych, zarówno w ramach kursów stacjonarnych jak i niestacjonarnych. Dla większości prowadzonych przedmiotów opracowywałam samodzielnie lub we współpracy z pracownikami Katedry program zajęć, przygotowujący w formie prezentacji lub konspektów. Ponadto prowadziłam zajęcia seminaryjne i pracownie dyplomowe dla magistrantów. Corocznie realizowałam lub przekraczałam pensum dydaktyczne.

Prowadzone przedmioty (lata 2000-2012):

| Nazwa przedmiotu | Kierunek studiów | wykłady | ćwiczenia |
|---|---|---------|-----------|
| Genetyczne aspekty ochrony środowiska | Ochrona Środowiska | | tak |
| Genetyka | Rolnictwo, Ochrona Środowiska | tak | tak |
| Biologia molekularna | Biologia, Biotechnologia, Ogrodnictwo | | tak |
| Aktualne trendy biologii molekularnej | Biotechnologia | tak | tak |
| Genetyka odporności na stesy w ujęciu klasycznym i molekularnym | Biotechnologia | tak | tak |
| Molekularne podstawy ewolucji | Biotechnologia | | tak |
| Ewolucjonizm | Biologia | tak | tak |
| Biotechnologia w kosmetologii | Biotechnologia | tak | |
| Biotechnologia w hodowli roślin | Biotechnologia | | tak |
| Metody inżynierii genetycznej w hodowli roślin | Biotechnologia | | tak |
| Rośliny modyfikowane genetycznie | Ogrodnictwo | tak | |

Wypromowałam trzy prace inżynierskie i jedenaście prac magisterskich; wszystkie były pracami studentów kierunku biotechnologia. Byłam recenzentem trzech prac magisterskich, studentów biotechnologii. Brałam też udział w pracach komisji egzaminacyjnych podczas egzaminów dyplomowych. Nie pełniłam funkcji promotora pomocniczego.

Spośród innych form prowadzenia działalności dydaktyczno-wychowawczej wymienić można funkcję opiekuna roku studentów studiów stacjonarnych na kierunku Rolnictwo w latach 2007-2009.

Działalność popularyzująca naukę

Kilkakrotnie uczestniczyłam w pokazach laboratoryjnych organizowanych w ramach Szczecińskiego/Zachodniopomorskiego Festiwalu Nauki oraz prowadziłam zajęcia pokazowe w laboratorium biologii molekularnej dla młodzieży licealnej, poza Festiwalem Nauki.

Współpraca z instytucjami, organizacjami i towarzystwami naukowymi

Od 2000 roku jestem członkiem Polskiego Towarzystwa Genetycznego (PTG). Wyniki swoich badań prezentowałam na zebraniach Szczecińskiego Oddziału PTG a także Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego, Polskiego Towarzystwa Agrotechnicznego oraz Szczecińskiego Towarzystwa Naukowego.

Działalność organizacyjna

1. W roku 2006 pełniłam funkcję sekretarza wydziałowej komisji rekrutacyjnej
2. W 2011 objęłam stanowisko sekretarza szczecińskiego oddziału PTG (Polskie Towarzystwo Genetyczne) na kadencję 2011-2014
3. Przez 10 lat zajmowałam się planowaniem i rozliczaniem zajęć dydaktycznych dla wszystkich pracowników Katedry.

Nagrody

Dwukrotnie zostałam nagrodzona za osiągnięcia naukowe. Przyznane wyróżnienia to:

1. Nagroda J.M. Rektora Akademii Rolniczej w Szczecinie – za osiągnięcia naukowe, zespołowa III stopnia (wspólnie z dr P. Milczarskim i dr S. Stojałowskim) - 2003 r.
2. Nagroda J.M. Rektora Zachodniopomorskiego Uniwersytetu Technologicznego w Szczecinie, za osiągnięcia naukowe, indywidualna III stopnia, 2011r.