

Rzeszów, 2013-03-05

Dr hab. inż. Mirosław Tyrka, prof. nadzw. PRz  
Katedra Biochemii i Biotechnologii  
Wydział Chemiczny  
Politechnika Rzeszowska  
Al. Powstańców Warszawy  
35-959 Rzeszów

Ocena osiągnięć naukowo-badawczych, dorobku dydaktycznego i popularyzatorskiego oraz współpracy międzynarodowej Pani dr Beaty Myśków ubiegającej się o nadanie stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk rolniczych, w dyscyplinie agronomia

W 1995 roku Pani dr Beata Myśków ukończyła studia magisterskie na Wydziale Biologii Uniwersytetu Szczecińskiego. Rozwój naukowy kontynuowała pod kierunkiem Prof. dr hab. Piotra Masojcia w ramach studiów doktoranckich zorganizowanych przy ówczesnej Akademii Rolniczej w Szczecinie. Na podstawie przedstawionej rozprawy doktorskiej pod tytułem „Konstruowanie mapy genetycznej żyta przy wykorzystaniu markerów molekularnych – RAPD i izoenzymów” oraz po złożeniu wymaganych egzaminów Rada Wydziału Rolniczego nadała Jej w roku 2000 stopień naukowy doktora nauk rolniczych w zakresie agronomii. Następnie Pani dr Beata Myśków została zatrudniona w jednostce obecnie przekształconej do Katedry Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, gdzie pracuje do chwili obecnej na stanowisku adiunkta.

• **Ocena osiągnięcia naukowego przedstawionego w formie monografii**

Temat przedstawionej do oceny monografii pt. „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)” w pełni odpowiada treści.

Wykaz symboli i skrótów wprowadza w specjalistyczne nazewnictwo stosowane w pracy i zawiera objaśnienia 44 terminów. Przedstawione definicje stanowią często tłumaczenie złożonych nazw angielskich związków chemicznych, metod badawczych i statystycznych oraz typów populacji mapujących i nie budzą żadnych zastrzeżeń.

Rozdział „Wprowadzenie” obejmuje zagadnienia związane z walorami odżywczymi i prozdrowotnymi żyta oraz znaczeniem gospodarczym w warunkach klimatycznych Polski. Podkreślany jest również właściwy dobór przyjętej strategii identyfikacji loci cech ilościowych (QTL) w populacjach RIL z krzyżowań dwurodzicielskich. Można jedynie

My

dodać, że nowe trendy w identyfikacji QTL pod kątem ich praktycznego wykorzystania w hodowli w procesie wspomagania decyzji w selekcji, uwzględniają stosowanie populacji uzyskanych z krzyżowań wielu rodziców oraz zaawansowane systemy markerów bazujące na sekwencjonowaniu. Cel pracy został sformułowany bardzo przejrzysto i precyzyjnie.

Przeгляд literatury ma strukturę ośmiu podrozdziałów wprowadzających w tematykę regulacji terminu kwitnienia, genetyczną kontrolę terminu kwitnienia w gatunkach modelowych i zbożach ze szczególnym uwzględnieniem żyta. W ciągu ostatnich kilku lat w zakresie poruszanej tematyki nastąpił bardzo szybki postęp szczególnie dzięki porównaniom strukturalnym z *Brachypodium distachyon* i w tym kontekście można rozważyć uzupełnienie przeglądu literatury o schemat przedstawiający wzajemne współdziałania pomiędzy genami *Vrn*, *Ppd* i *Eps* (Higgins i wsp. PLOS One 2010). W kolejnych podrozdziałach omawiane są efekty plejotropowe genów wczesności oraz zagadnienia związane z porastaniem przedźniwnym i kontrolą genetyczną zjawiska porastania.

Rozdział „Materiał i metody badań” zawiera dokładny opis materiałów wykorzystywanych w badaniach, elementy techniczne związane z zakładanymi doświadczeniami polowymi i wazonowymi. Opis metod przybliży skalę wykorzystaną do określania wczesności i zawiera instrukcję testowania porastania przedźniwnego. Podrozdział o analizach molekularnych zawiera właściwy opis stosowanych technik analitycznych. W mojej ocenie akapit zawierający opis metody DArT może być w tym miejscu zbędny, ponieważ analiza miała charakter usługowy. W podrozdziale 4.4.4. „Statystyczne opracowanie wyników” przypuszczalnie korzystne byłoby obliczenie odziedziczalności dla badanych cech w celu określenia skali zmienności wyjaśnianej przez czynniki genetyczne w analizowanych materiałach. Mapa genetyczna uzyskiwana w programie JoinMap może być uproszczona i skrócona do markerów reprezentujących unikalne loci, co z jednej strony uprościłoby identyfikację QTL, a z drugiej skomplikowałoby proces porównań pomiędzy chromosomami z różnych populacji.

W rozdziale „Wyniki” w kolejnych podrozdziałach przedstawiane są uzyskane z wysoką skutecznością (77,4%) mapy genetyczne, z podaną bezwzględną liczbą naniesionych markerów. Usunięcie markerów zlokalizowanych w pojedynczych binach poprawiłoby klarowność prezentacji i pozwoliłoby ocenić realne, efektywne wysycenie mapy genetycznej. Na przedstawionych mapach brakuje mi połączenia przynajmniej kilku markerów (dla kolinearnych segmentów) tak, żeby można było mieć wyobrażenie o zachowaniu liniowości układów markerów, co ułatwiłoby również porównanie QTL. Oczywiście wyniki te są dokładnie omawiane w zestawieniach tabelarycznych. Rejony QTL identyfikowane metodą

złożonego mapowania przedziałowego (CIM) są dodatkowo weryfikowane analizą istotności w pulach linii oraz analizą pojedynczego markera (SMA), co podkreśla wiarygodność uzyskiwanych danych. Wydaje się, że przy ustalonym poziomie istotności statystycznej LOD, głębsza analiza QTL przy LOD przewyższających ten poziom krytyczny wnosi niewiele informacji (str. 46 pierwszy akapit). W tabeli 15, na chromosomie 7R omyłkowo opisano QTL o efekcie 0,09%. W wyniku analiz zidentyfikowano liczne QTL o zmiennej stabilności w latach oraz pomiędzy populacjami. Monografię kończy 9 wniosków znajdujących oparcie w zrealizowanych badaniach. Uwzględniając praktyczny aspekt pracy należy zaproponować system selekcji oraz sposób walidacji opracowanych markerów i ich efektywność w szerszym tle genetycznym. Z pewnością techniki genotypowania przez sekwencjonowanie i analizy asocjacyjne stanowią jedno z możliwych rozwiązań, które mogłyby doprowadzić bezpośrednio do identyfikacji genów kandydujących efektywnych w szerszym tle genetycznym.

- **Ocena aktywności naukowej**

W pierwszych etapach pracy naukowej Habilitantka koncentrowała się głównie na wysycaniu referencyjnej mapy genetycznej żyta markerami losowymi, oraz badaniem transferowalności markerów molekularnych do innych map genetycznych żyta. W ramach tych prac Dr Beata Myśków uzyskała populację  $F_2$  z linii hodowlanych a następnie wyprowadziła serię rekombinacyjnych linii wsobnych (RIL). Prace nad konstrukcją map ewoluowały poprzez tworzenie silnie zagęszczonych map dla pojedynczych chromosomów do uzyskania wysoko zagęszczonej mapy zintegrowanej żyta. Populacja wyprowadzonych RILi stanowiła doskonały materiał do identyfikacji QTL porostania przedźniwnego, aktywności amylazy i wczesności. Wraz z postępem technologicznym w zakresie markerów i dzięki zagęszczeniu map stała się możliwa identyfikacja dodatkowych QTLi. Wyniki tych badań stanowią podstawę opracowanej monografii. Badania te są kontynuowane i rozwijane w ramach obecnie realizowanych projektów.

Habilitantka nie zawężała swoich zainteresowań naukowych jedynie do wyżej wymienionej problematyki i uczestniczyła również w pracach nad identyfikacją markerów genów restorerowych u żyta z cytoplazmą sterylizującą typu CMS-C oraz u pszenżyta z cytoplazmą *T.timpoheevi*. Dodatkowo, obecnie bierze udział w pracach zmierzających do identyfikacji markerów genów karłowatości u żyta. Nowy, niezwykle atrakcyjny kierunek badawczy obejmuje identyfikację nicieni pasożytujących na owadach co może stanowić w przyszłości ważny element rozwoju biologicznych metod ochrony roślin.

Mł

Dr Beata Myśków potrafiła połączyć obowiązki domowe i życie rodzinne z aktywnym udziałem w pracach badawczych realizowanych w Katedrze Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin poprzez kierowanie jednym projektem badawczym oraz udział jako wykonawca w kolejnych 9 projektach finansowanych ze środków KBN, MNiSW, MRiRW oraz Agencji Własności Rolnej Skarbu Państwa. Ponadto Habilitantka uczestniczyła w 6 projektach badawczych finansowanych ze środków własnych Uczelni. Projekty te związane były z badaniami na życie, pszenzycie i nicieniach z wykorzystaniem narzędzi molekularnych.

Wynik oryginalnych badań dr Beaty Myśków zrealizowane po doktoracie były przedmiotem 9 publikacji w czasopismach znajdujących się na liście filadelfijskiej tj. *Journal of Applied Genetics* (5), *Theoretical and Applied Genetics* (1), *Cellular and Molecular Biology Letters* (1), *PLOS One* (1) i *Molecular Breeding* (1). Pozostałe 5 prac publikowano w czasopismach polskojęzycznych tj. *Folia Universitatis Agriculturae Stetinensis*, *Annales UMCS*, *Postępy w Ochronie Roślin*, wydawnictwach okazjonalnych *Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych*, *Proceedings of ECOpole* oraz dwie w czasopismach o zasięgu międzynarodowym *Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization* i *Plant Breeding and Seed Science*. Ponadto wynikiem aktywności naukowej był udział w licznych zjazdach i konferencjach co znalazło odzwierciedlenie w postaci 25 komunikatów publikowanych w materiałach pokonferencyjnych.

Dr Beata Myśków była dwukrotnie nagradzana za osiągnięcia naukowe przez Rektora szczecińskiej Uczelni.

- **Ocena w zakresie dorobku dydaktycznego i popularyzatorskiego oraz współpracy międzynarodowej**

Można nadmienić, że obok prac badawczych pani Dr Beata Myśków, jako adiunkt przygotowała samodzielnie lub we współpracy programy, prezentacje i konspekty do 11 przedmiotów w tym wykładów i ćwiczeń z przedmiotów: *Genetyka*, *Aktualne trendy biologii molekularnej*, *Genetyka odporności na stresy w ujęciu klasycznym i molekularnym* oraz *Ewolucjonizm*. Ponadto uczestniczyła w organizacji zajęć laboratoryjnych z przedmiotów: *Genetyczne aspekty ochrony środowiska*, *Biologia molekularna*, *Molekularne podstawy ewolucji*, *Biotechnologia w hodowli roślin*, *Metody inżynierii genetycznej w hodowli roślin* i przygotowała zajęcia audytoryjne z przedmiotów *Biotechnologia w kosmetologii* i *Rośliny modyfikowane genetycznie*.

My

Habilitantka wypromowała 14 dyplomantów i pełniła różnorodne funkcje organizacyjne niezbędne do prawidłowej realizacji procesu kształcenia.

• **Wniosek końcowy**

Szczegółowa analiza przedstawionej do oceny monografii dr Beaty Myśków wskazuje, że przedstawione wyniki wnoszą istotny wkład poznawczy do rozwoju genetyki i biologii kwitnienia żyta stanowiąc oryginalne opracowanie tematu o znaczeniu praktycznym w selekcji form żyta z odpornością na porastanie przedzmiwne.

Do najważniejszych osiągnięć pracy należy zaliczyć identyfikację nowych QTL wczesności na chromosomach 1R i 3R żyta, ustalenie zależności pomiędzy wczesnością a porastaniem przedzmiwnym oraz opracowanie markerów do selekcji wczesnych form odpornych na porastanie. Wyselekcjonowane QTL i odpowiadające im markery mogą stanowić podstawę do opracowania strategii wspomagania hodowli żyta odpornego na porastanie z wykorzystaniem metod selekcji genomowej.

Biorąc pod uwagę poziom przedstawionej monografii, na który składa się:

- duży oryginalny wkład w genetykę cech ilościowych żyta, a szczególnie konstrukcję map genetycznych i ich wykorzystanie do nanoszenia QTL,
- opanowanie narzędzi statystycznych służące do krytycznej oceny wartości QTL,
- duży potencjał aplikacyjny prowadzonych badań,

uważam, że wkład dr Beaty Myśków do rozwoju genetyki i hodowli roślin rolniczych jest niezaprzeczalny.

Po przeanalizowaniu dostarczonej dokumentacji, pozytywnie opiniuję wniosek dr Beaty Myśków o nadanie Jej stopnia doktora habilitowanego nauk rolniczych w dyscyplinie agronomii.

Osiągnięcia naukowe zawarte w monografii, aktywność naukowa, dorobek dydaktyczny i popularyzatorski oraz współpraca międzynarodowa stanowią podstawę do stwierdzenia, że dr Beata Myśków spełnia warunki określone w ustawie z dnia 18 marca 2011 roku o zmianie ustawy – Prawo o szkolnictwie wyższym, ustawy o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki oraz o zmianie niektórych innych ustaw (Dz. U. Nr 84, poz 455), a także przepisach wykonawczych – Rozporządzenie Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 1 września 2011 roku (Dz. U. Nr 196, poz 1165) i jest przygotowana do samodzielnej pracy naukowej.

Dr hab. Mirosław Tyrka, prof. PRz

