

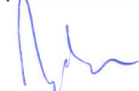
Dr Beata Myśków
Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin
Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie
ul. Słowackiego 17
71-434 Szczecin

Centralna Komisja do Spraw
Stopni i Tytułów

Wniosek
z dnia 04.10.2012
o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego
W dziedzinie NAUKI ROLNICZE
W dyscyplinie AGRONOMIA

1. Imię i nazwisko: **Beata Myśków**
2. Stopień doktora nauk rolniczych
3. Jednostka organizacyjna do przeprowadzenia postępowania habilitacyjnego:
Wydział Kształtowania Środowiska i Rolnictwa Zachodniopomorskiego Uniwersytetu Technologicznego w Szczecinie
4. Osiągnięcie, o którym mowa w art. 16 ust. 2 ustawy z dnia 14 marca 2003r. o stopniach i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. Nr 65, poz. 595 ze zm. Dz. U. z 2005r. nr 164, poz. 1365 oraz Dz. U. z 2011r. nr 84, poz. 455) stanowi **dzieło opublikowane w całości** 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)”, 2012 ZUT w Szczecinie, zwane dalej monografią habilitacyjną
5. Wnoszę o głosowanie komisji postępowania habilitacyjnego w trybie **jawnym**
6. Przyjmuję do wiadomości, iż wniosek wraz z autoreferatem zostanie opublikowany na stronie internetowej Centralnej Komisji do Spraw Stopni i Tytułów, zgodnie z obowiązującymi przepisami

Z poważaniem



Beata Myśków

Załączniki:

1. Informacja o działalności naukowej, dydaktycznej i organizacyjnej (autoreferat) w języku polskim i angielskim,
2. Wykaz osiągnięć w pracy naukowo-badawczej w języku polskim i angielskim,
3. Życiorys i dane kontaktowe,
4. Odbitki publikacji,
5. Monografia habilitacyjna,
6. Odpis dyplomu poświadczającego uzyskanie stopnia doktora,
7. Płyta CD z elektroniczną wersją wniosku i załączników (2 egzemplarze).

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 nasyczonej 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. Równolegle 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 porostania i wczesności.

Znajomość regionów genomu zaangażowanych w kontrolę wczesności i porostania stanowi dobrą podstawę do analizy porównawczej z QTL innych cech. Obecnie zajmuję się badaniami mającymi na celu wykazanie powiązań między lokalizacją QTL wczesności, porostania, 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 porostania 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 ziarniaki (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 różnicowania 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 $h=4$.

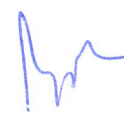
Oprócz prac o charakterze oryginalnym jestem współautorką 32 prac i doniesień konferencyjnych (w tym 25 po uzyskaniu stopnia doktora). Wyniki swoich badań prezentowałam również biorąc udział w konferencjach naukowych, w formie posterów oraz w formie prezentacji (1.II Krajowe Seminarium: Mapowanie genomów 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 stresy 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.





**CENTRALNA KOMISJA
DO SPRAW STOPNI I TYTUŁÓW**

Pałac Kultury i Nauki
00-901 Warszawa

Nr BCK – III-L-6602/2012

Warszawa, 11 lutego 2013 r.
tel. 22 826-82-38; tel./ fax. 22 656 63 28
e-mail: kancelaria@ck.gov.pl

Dziekan
Wydziału Kształtowania Środowiska i Rolnictwa
Zachodniopomorskiego Uniwersytetu Technologicznego
w Szczecinie

Centralna Komisja do Spraw Stopni i Tytułów, na podstawie art. 18 a ust. 5 ustawy z dnia 14 marca 2003 r. o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. z 2003 r., nr 65, poz. 595, Dz. U. z 2005 r., nr 164, poz. 1365, Dz. U. z 2011 r., nr 84, poz. 455), zwana dalej ustawą, informuje, iż w dniu 11 lutego 2013 r. powołała komisję habilitacyjną, w skład której wchodzi:

1. przewodniczący komisji – prof. Zofia Jasińska - Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu
2. sekretarz komisji – dr hab. Beata Smolik - Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie
3. recenzent – dr hab. Henryk Bujak - Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu
4. recenzent – dr hab. Mirosław Tyrka - Politechnika Rzeszowska im. Ignacego Łukasiewicza w Rzeszowie
5. recenzent – prof. Sławomir Stankowski - Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie
6. członek komisji – dr hab. Jerzy Przyborowski - Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie
7. członek komisji – prof. Andrzej Nowak - Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie

w celu przeprowadzenia postępowania habilitacyjnego dr Beaty MYŚKÓW, wszczętego w dniu 8 października 2012 r. w dziedzinie nauk rolniczych w dyscyplinie agronomii.

Jednocześnie zwracamy się do Rady Wydziału Kształtowania Środowiska i Rolnictwa Zachodniopomorskiego Uniwersytetu Technologicznego w Szczecinie z uprzejmą prośbą o powiadomienie w imieniu Centralnej Komisji ww. osób o powołaniu ich w skład przedmiotowej komisji oraz o przekazanie dokumentacji dr Beaty Myśków.

W załączeniu Centralna Komisja przekazuje dokumentację, o której mowa w art. 18a ust. 1 ustawy, w formie papierowej.

Do wiadomości :

- dr Beata Myśków

ZASTĘPCA PRZEWODNICZĄCEGO KOMISJI

prof. dr hab. Jerzy Sztajlik

Dziekanat Wydziału Kształtowania
Środowiska i Rolnictwa

Wpłynęło dnia 21. LUT. 2013. r.

Wrocław, 8.04.2013 r.

Dr hab. Henryk Bujak prof. nadzw.

Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu

**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**

Pani dr Beata Myśków w latach 1990-1995 odbyła studia na kierunku Biologia na Uniwersytecie Szczecińskim uzyskując stopień magistra po obronie pracy pt. „Analiza struktury genetycznej małża *Dreissena polymorpha* Pall. z jezior Pomorza Zachodniego” wykonanej pod kierunkiem prof. dr hab. R. Zielińskiego. Bezpośrednio po ukończeniu studiów magisterskich rozpoczęła stacjonarne studia doktoranckie na Akademii Rolniczej w Szczecinie pod opieką naukową prof. dr hab. Piotra Masojcia. W roku 2000 uzyskała stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie agronomia na podstawie rozprawy wykonanej pod kierunkiem prof. dr hab. Piotra Masojcia pt. „Konstruowanie mapy genetycznej żyta przy wykorzystaniu markerów molekularnych – RAPD i izoenzymów”. W tym też roku została zatrudniona na stanowisko adiunkta w Katedrze Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin Akademii Rolniczej w Szczecinie obecnie Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny, gdzie kontynuuje swoje badania.

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

Przedstawione do oceny osiągnięcie naukowe dr Beaty Myśków to monografia opublikowana przez Wydawnictwo Uczelniane Zachodniopomorskiego Uniwersytetu Technologicznego w Szczecinie, zatytułowana „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)”. Opracowanie liczy 84 strony druku, w tym 22 tabele, 8 rysunków i 118 pozycji literatury oraz streszczenia w języku angielskim i niemieckim.

Przedstawiona do oceny monografia mimo rozbudowanej części eksperymentalnej i wynikającej z tego bogatej dokumentacji wyników jest napisana w sposób przejrzysty i syntetyczny w układzie ogólnie przyjętym dla tego typu opracowań. Wstęp i cel pracy w

sposób przekonywujący uzasadniają potrzebę badań określonych w tytule pracy. W merytorycznej ocenie rozprawy na podkreślenie zasługuje zgromadzenie najnowszych pozycji piśmiennictwa zagranicznego i krajowego oraz syntetyczne ich omówienie we wstępie i przeglądzie literatury. We wstępie przedstawiony został dotychczasowy stan wiedzy na temat uwarunkowań genetycznych wczesności oraz podatności na porastanie nie tylko żyta, ale także innych zbóż, u których genetyczna kontrola tych zjawisk jest lepiej poznana.

Celem pracy było wykorzystanie silnie zagęszczonych map genetycznych żyta do identyfikacji loci cech ilościowych (QTL) odpowiedzialnych za wczesność (termin kłoszenia i termin kwitnienia) i porastanie późniwe oraz wytypowanie markerów molekularnych sprzężonych z loci genomów warunkującymi te cechy. Ponadto Autorka postanowiła zbadać zależności występujące pomiędzy wczesnością a porastaniem ziaren żyta.

Postawienie sobie ambitnego celu było możliwe dzięki wcześniej zdobytemu przez Habilitantkę w trakcie pracy w Katedrze, doświadczeniu oraz posiadaniu map genetycznych żyta, które wcześniej były stopniowo zgęszczane. Były to mapy genetyczne utworzone dla populacji mapujących pokolenia F₂ oraz wyprowadzonych z nich populacji rekombinacyjnych linii wsobnych (RIL).

W rozdziale przegląd piśmiennictwa Kandydatka przedstawia wyniki badań nad genetyczną kontrolą terminu i całego procesu kwitnienia zarówno u żyta, jak i innych roślin, w tym prowadzonych na modelowej roślinie *Arabidopsis thaliana*. Wyniki rozlicznych badań wykazały odmiennosć genów warunkujących te procesy u *Arabidopsis*, ryżu i zbóż, co świadczy o różnej drodze ewolucji tych grup roślin oraz konieczności prowadzenia oddzielnych badań dotyczących lokalizacji genów odpowiedzialnych za te procesy. Proces kwitnienia jest bardzo złożony i bierze w nim udział wiele grup genów związanych z wernalizacją, reakcją na fotoperiod oraz inne niezwiązane z odpowiedzią na temperaturę czy światło.

Istnieje wiele prac wskazujących na istnienie kilku genów głównych odpowiedzi na fotoperiod i wernalizację u pszenicy i jęczmienia. Udało się zmapować główne loci genów *Vrn* (odpowiedzi na fotoperiod) na krótkim ramieniu drugiej pary chromosomów u pszenicy i jęczmienia, ale sposób ich działania jest odmienny. Poza głównymi loci *Ppd* i *Vrn* w genomach jęczmienia i pszenicy odnotowano także obecność dodatkowych loci wrażliwości na temperaturę i światło. Podobnie jak u pszenicy, także u żyta zlokalizowano liczne QTL terminu kłoszenia i wczesności. W różnych populacjach mapujących wykazano ich obecność na większości chromosomów. Podlegają one jednak dodatkowo modyfikującym wpływom środowiska.

Badania prowadzone u żyta z wykorzystaniem map genetycznych pozwoliły na wykrycie czterech *loci* związanych z terminem kwitnienia, z których jeden był odpowiedzialny za wernalizację (*Vrn1*), drugi za fotoperiod (*Ppd1*), a dwa kolejne za wczesność. QTL kontrolujące termin wczesności zmapowano na różnych chromosomach (4R, 5R, 6R i 7R), jednak jak do tej pory nie udało się w pełni poznać obszarów genomu żyta odpowiedzialnych za kontrolę procesu kłoszenia i kwitnienia.

Kolejnym ważnym zagadnieniem podjętym w pracy jest zbadanie genetycznych mechanizmów kontrolujących późne porastanie ziaren (PHS). Straty plonu zbóż spowodowane porastaniem sięgają w Polsce średnio 5–10% ogólnej produkcji, a jednym z ważnych kierunków programów hodowli żyta jest uzyskanie odmian odpornych na kiełkowanie ziaren w kłosach. W efekcie prac dążących do skrócenia okresu spoczynku ziaren i wyrównania wschodów zwiększona została podatność na porastanie. Porastanie jest zjawiskiem bardzo złożonym, które zależy od wielu czynników zarówno genetycznych, morfologicznych, fizjologicznych, biochemicznych, środowiskowych, w tym klimatycznych i troficznych oraz technologii uprawy.

Podobnie złożone jest genetyczne podłoże porastania, które ma charakter wielogenowy. Powszechnym sposobem jego analizy jest poszukiwanie regionów genomu zawierających QTL kontrolujące odporność na porastanie (PHS) lub QTL okresu spoczynku, liczby opadania (FN) czy też aktywności α -amylazy (AA). Istnieje wiele metod bezpośrednich i pośrednich określania odporności na porastanie, a zastosowana metoda może mieć wpływ na wyniki mapowania QTL. U żyta poszukiwane są regiony genomu odpowiedzialne za porastanie i powiązaną z nim aktywność α -amylazy z wykorzystaniem różnych populacji mapujących. Podobnie, jak u pokrewnych gatunków zbóż, w dziedziczeniu odporności na porastanie u żyta bierze udział zespół licznych loci, rozmieszczonych na wszystkich siedmiu chromosomach. Jest on złożony z niewielkiej liczby QTL głównych i licznych genów o mniejszym znaczeniu. Na istniejących mapach genetycznych zlokalizowano QTL-e regulujące odporność na porastanie i kontrolujące aktywność α -amylazy, a także potwierdzono zgodność pomiędzy mapami obejmujące niektóre wspólne rejony kontrolujące PHS i aktywność α -amylazy. Ponadto niektóre grupy loci wykazują niealleliczne interakcje genowe.

Brak jednoznacznych informacji o lokalizacji genów kontrolujących wczesność i podatność na porastanie ziaren u żyta w pełni uzasadnia podjęcie tego ważnego i skomplikowanego tematu badań, a uzyskane wyniki wnoszą nową wiedzę na temat genetycznej kontroli tych procesów.

W rozdziale „Materiał i metody” podany został opis materiałów badawczych, metod prowadzenia doświadczeń, ocen fenotypowych (wczesności kłoszenia i porostania późniejszego), izolacji DNA i analiz molekularnych, statystycznego opracowania wyników oraz mapowania genetycznego i identyfikacji QTL. Materiał badawczy stanowiły otrzymane wcześniej w Katedrze Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin ZUT w Szczecinie cztery populacje rekombinacyjnych linii wsobnych żyta (RIL).

Wczesność roślin oceniano na podstawie kłoszenia i kwitnienia. Wczesność kłoszenia (HE) określono w skali 9-cio stopniowej, a termin kłoszenia (HD) jako datę, kiedy połowa kłosów była całkowicie wysunięta z pochew liściowych, natomiast termin kwitnienia (FT) określono jako datę zakwitnięcia (otwarcia kwiatków i wysunięcia pylników) pierwszego spośród kłosów wszystkich roślin danej linii. Oceny podatności na przedźniwne porastanie ziarniaków w kłosach (PHS) w dokonywano w warunkach prowokacyjnych.

Wątpliwości co do tych ocen może jedynie budzić zbyt mała, dla niektórych genotypów, liczba ziaren czy kłosów poddanych obserwacjom (poniżej 10). W takich przypadkach obliczone średnie dla populacji obarczone mogą być dużym błędem.

Mapowanie genetyczne przeprowadzono za pomocą programu JoinMap 3.0 wykorzystując segregację markerów DArT oraz markerów PCR (RAPD, STS, SCAR, SSR). Ta druga grupa markerów umożliwiła identyfikację grup sprzężeń. Do lokalizacji QTL użyto programu WinQTLCartographer 2.5, który umożliwił identyfikację QTL na mapach, na których odległości mapowe były mniejsze niż 1 cM. Analiza statystyczna uzyskanych wyników nie budzi zastrzeżeń.

W rozdziale Wyniki dr B. Myśków prezentuje rezultaty przeprowadzonych eksperymentów, analiz molekularnych, skonstruowane cztery mapy genetyczne obejmujące wszystkie chromosomy żytnie wraz z wyznaczonymi QTL-ami dla wczesności i porostania ziarna oraz analizę sprzężeń markerów z wykrytymi QTL-ami. Podsumowanie stanowi bardzo wnikliwa dyskusja uzyskanych wyników na tle bogatych danych literaturowych, która została przeprowadzona w kolejnym rozdziale. Uzyskane dane liczbowe zostały poddane analizie statystycznej, co nie tylko uwiarygodnia wyniki, ale pozwala na ich pełniejszą i prawidłową interpretację, a w konsekwencji tego na sformułowanie prawidłowych wniosków. Jasny i czytelny podział rozdziałów Wyniki oraz Dyskusja na podrozdziały w znacznym stopniu ułatwia śledzenie efektów poszczególnych, wnikliwie przeanalizowanych danych liczbowych.

Na podstawie uzyskanych wyników Habilitantka przedstawiła 9 jasno sprecyzowanych wniosków końcowych. Bogaty materiał doświadczalny pozwolił na wyciągnięcie użytecznych wniosków, które mogą przyczyniają się do lepszego zrozumienia mechanizmów genetycznych

kontrolujących wczesność u żyta, a zwłaszcza termin kłoszenia i kwitnienia oraz odporność na porastanie ziaren. Wyniki te mogą być wykorzystane w hodowli nowych, wysokoplennych i odporniejszych na porastanie odmian żyta o wysokich walorach technologicznych przydatnych dla celów piekarniczych. Wnioski z badań znajdują oparcie w dokumentacji wyników i są prawidłowo sformułowane.

Pracę kończy wykaz literatury składający się ze 118 pozycji piśmiennictwa, w tym zdecydowaną większość stanowią pozycje obcojęzyczne (92%). Prace najnowsze opublikowane od 2000 roku to 93 pozycje wykazu literatury (78%).

Wykorzystywanie przez Habilitantkę do mapowania markerów DArT wspólnie z markerami innego typu, stworzyło możliwość uzyskania bardzo silnie zagęszczonych i rozbudowanych map genetycznych żyta. Mapy skonstruowane w ramach przeprowadzonych badań osiągnęły długości od 714 do 1381 cM, przy liczebnościach markerów od 1292 do 1625. Mapy poszczególnych chromosomów liczyły od 123 do 304 markerów. Liczebność markerów na przedstawionych mapach była niższa niż w innych pracach, czego przyczyną mogło być zastosowanie ostrzejszych kryteriów selekcji markerów. Zwracano szczególną uwagę, aby zmapowane markery posiadały segregacje nie odbiegające od modelu jednogenowego, pomimo że populacje RIL charakteryzują się zwielenokrotnioną liczbą podziałów mejotycznych, a tym samym zwiększa się częstości genotypów pochodzenia rekombinacyjnego w porównaniu z pokoleniem F₂. Długości otrzymanych map genetycznych na podstawie populacji RIL były krótsze od mapy żyta populacji F₂, ale zawierały ponad 2,5-krotnie więcej markerów, co można tłumaczyć zastosowaniem przy ich konstruowaniu funkcji regresji (ang. regression mapping) zamiast powszechnie stosowanej funkcji największego prawdopodobieństwa (ang. maximum likelihood). Otrzymane cztery mapy genetyczne, mimo zastosowania jednakowego algorytmu do ich konstrukcji, różniły się między sobą długością, co jednak nie miało wpływu na liczbę markerów.

Należy podkreślić wysoką skuteczność mapowania, uzyskaną zarówno dla markerów DArT (77,4%), jak i dla markerów RAPD (75,8%). Z uzyskanych 66 markerów RAPD 11 wykazało niezgodność z jednogenowym modelem dziedziczenia, a kolejnych 5 wyeliminowano w procesie mapowania (nie zostały włączone w skład żadnej z grup sprzężeń). Uzyskane markery charakteryzowały się wysoką, wynoszącą 80,6%, transferowalnością, czyli skutecznością w ich przenoszeniu między różnymi mapami. Otrzymanie silnie zagęszczonych map genetycznych na podstawie czterech populacji o zróżnicowanym pochodzeniu stało się wartościowym i wydajnym narzędziem do analizy porównawczej QTL. Należy podkreślić, że na liczbę wykrywanych QTL istotny wpływ miał stopień pokrycia i zagęszczenia mapy genetycznej.

Geny kontrolujące wczesność u żyta zostały zlokalizowane na wszystkich chromosomach. Cennym odkryciem jest określenie obecności nowych genów i QTL wczesności zlokalizowanych na chromosomach 1R i 3R. Przedstawione wyniki badań pozwoliły na zmapowanie na chromosomie 1R, w zależności od populacji mapującej, od trzech do pięciu QTL wczesności. Spośród nich trzy QTL zawierały loci kontrolujące termin kwitnienia, a dwa wczesność kłoszenia. Ponieważ część QTL stanowiły fragmenty chromosomów wspólne dla dwóch lub trzech mieszańców, łącznie wykryto 10 różnych obszarów kontrolujących wczesność u żyta. Na mapie chromosomu 3R zlokalizowano natomiast od dwóch do pięciu regionów, zawierających loci związane z wczesnością kłoszenia. Potwierdzono ponadto obecność QTL wczesności na chromosomach 4R i 7R. Wykryto znacznie mniejszą liczbę QTL determinujących termin kłoszenia niż QTL warunkujących wczesność kłoszenia. Ponadto wykazano tylko częściowe pokrycie się QTL z obu grup, co wskazuje na istnienie znaczących różnic między zestawami genów kontrolujących termin kłoszenia i kwitnienia. Udało się także określić markery sprzężone z tymi loci, przy czym najbardziej powtarzalne były one dla wykrytych po raz pierwszy lokalizacji na chromosomie 1R. Najważniejsze dla determinacji wczesności są QTL z chromosomów 1R (QHe1R- L3 = QHe1R-M2 = QHe1R-S1), 2R (QHe2R-M1 = QHe2R-L4), 4R (QHe4R-L1 = QHe4R- S1) i 6R (QHe6R-K1 = QHe6R-M1 = QFt6R-S1).

W pracy wykazano, że porastanie późne jest bardzo złożonym procesem podlegającym silnemu modyfikującemu wpływowi środowiska, a jego prawidłowe i dokładne określenie w dużej mierze zależy o liczebności próby, w tym wypadku od liczby kłosów i ziaren. Próba dla populacji heterozygotycznych musi być liczniejsza niż dla linii wsobnych. Wyniki ocen fenotypowych mają więc odzwierciedlenie w różnych QTL kontrolujących porastanie w zależności od przyjętej metodyki jego określania. Nie wykazano wpływu sposobu zapylenia na ocenę zmienności i analizę QTL porastania przedźniwnego, to znaczy, że uzyskano podobne wyniki dla populacji swobodnie zapylianych i rozmnażanych wsobnie. Najistotniejsze dla kontroli porastania przedźniwnego są loci zlokalizowane na chromosomach 1R, 2R i 7R.

Na podkreślenie zasługuje wykazanie wspólnej lokalizacji QTL porastania przedźniwnego i wczesności na chromosomach 1R, 2R, 6R i 7R, co może wskazywać, że obie cechy znajdują się w dużej mierze pod kontrolą wspólnych obszarów genomu żyta. Szczególnie cenne z aplikacyjnego punktu widzenia jest określenie na chromosomie 2R dwóch markerów (Xpr162L250, Xpr366L570), które mogą być przydatne w programach hodowlanych żyta do selekcji wczesnych i zarazem odpornych na porastanie genotypów.

Na podkreślenie zasługuje doskonale opanowanie przez Kandydatkę warsztatu potrzebnego do analiz molekularnych, w tym także programów komputerowych umożliwiających konstruowanie map genetycznych i lokalizację na nich QTL oraz metod statystycznych potrzebnych do prawidłowego opracowywania i interpretacji uzyskanych wyników badań molekularnych i ocen fenotypowych.

Podsumowując przedstawione do oceny osiągnięcie naukowe przedstawione przez dr Beatę Myśków w postaci 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)” należy stwierdzić, że są one nowatorskie i wnoszą wiele nowych informacji do dotychczasowej wiedzy w dyscyplinie naukowej agronomii, a zwłaszcza na temat loci cech ilościowych kontrolujących genetyczne podłoże dziedziczenia wczesności i podatności na porastanie u żyta. Wyniki badań oprócz niewątpliwie wysokiej wartości naukowej posiadają także walory aplikacyjne i mogą zostać wykorzystane w programach hodowli żyta do uzyskania wysokoplennych odmian o podwyższonej odporności na porastanie.

- **Ocena aktywności naukowej**

Działalność naukowa Habilitantki związana jest ściśle z genetyką molekularną, a Jej głównym przedmiotem badań jest żyto. W dorobku naukowym dr Beaty Myśków znajdują się prace, wykonane głównie po uzyskaniu stopnia doktora, które dotyczą przede wszystkim poszukiwania markerów molekularnych genomu żyta i identyfikacja markerów ważnych cech użytkowych, ale także zróżnicowania genetycznego nicieni owadobójczych. Tematycznie obejmują one następujące zagadnienia:

- 1/ konstruowanie map genetycznych,
- 2/ identyfikacja loci cech ilościowych (QTL),
- 3/ badania z zastosowaniem markerów molekularnych,
- 4/ badanie podobieństwa genetycznego,
- 5/ charakterystyka molekularna nicieni owadobójczych.

Tematykę dotyczącą pierwszego zagadnienia Autorka opublikowała w 8 oryginalnych artykułach naukowych. Badania związane z konstruowaniem map genetycznych u żyta prowadziła na biparentalnych populacjach mapujących pokolenia F₂ różnych mieszańców oraz wyprowadzonych z tych mieszańców populacji rekombinacyjnych linii wsobnych (RIL). W początkowym okresie swoich badaniach stosowała techniki markerowe z wykorzystaniem

metody PCR starterów o losowych sekwencjach (RAPD, ISSR, AFLP), a następnie sekwencjach specyficznych dla żyta (SSR i STS). W pierwszej kolejności uzyskane wyniki pozwalały to na sukcesywne zgęszczanie mapy powstałej na podstawie pokolenia F₂ mieszańca DS2xRXL10. Dzięki tym badaniom uzyskano najsilniej zagęszczoną mapę genetyczną żyta, która była wykorzystywana jako referencyjna do tworzenia nowych map żyta i pszenżyta. Do konstruowania map wykorzystywała powszechnie wówczas stosowny program MAPMAKER 3.0.

Osiągnięciem, na które należy zwrócić uwagę było opracowanie i publikacja silnie zagęszczonej mapy genetycznej chromosomu żyta 6R, która powstała jako mapa zintegrowana z wykorzystaniem programu JoinMap 3.0.

Dr B. Myśków koordynowała prace nad tworzeniem nowej mapy genetyczną żyta na podstawie pokolenia F₂ mieszańca S120xS76. W konstrukcji mapy i identyfikacji grup sprzężeń wykorzystane były początkowo markery o charakterze losowym RAPD i ISSR. Mieszaniec ten posłużył także do utworzenia populacji RIL, która stała się materiałem badawczym wykorzystywanym w dalszych pracach. Powstała mapa była kolejno zagęszczana także markerami specyficznymi dla żyta (SSR i STS). Prace te jednak postępowały stosunkowo wolno, ze względu na małą liczbę uzyskiwanych markerów. Pojawienie się techniki DArT (Diversity Array Technology) umożliwiło przyspieszenie badań nad identyfikacją nowych markerów charakteryzujących genom żyta. Technologia mikromacierzy pozwala na szybkie uzyskanie informacji o segregacji tysięcy markerów, co pozwala na skonstruowanie w krótkim czasie silnie zagęszczonych map genetycznych. Zastosowanie tej techniki pozwoliło Kandydatce na silne zagęszczenie map powstałych na bazie populacji RIL i stworzenie najbardziej nasyconej mapy zintegrowanej żyta.

Posiadanie odpowiednio zagęszczonych map genetycznych umożliwiło identyfikację i lokalizację QTL cech użytkowych żyta. Ta tematyka badawcza realizowana jest przez Kandydatkę dla cech związanych z wczesnością, odpornością na porastanie oraz aktywnością α -amylazy i została opublikowana w 5 oryginalnych pracach naukowych oraz przedstawiona w postaci doniesienia naukowego. Tworzenie mapy genetycznej i analizy QTL przebiegały dwuetapowo, w pierwszym etapie bazowano na pokoleniu F₂, a w drugim na wyprowadzonej z niego populacji RIL. Populacja mapująca F₂ umożliwiła skonstruowanie mapy genetycznej złożonej ze 141 markerów, na której zidentyfikowano niewielką liczbę QTL kontrolujących podatność na porastanie i aktywność α -amylazy. Zagęszczenie mapy populacji RIL pozwoliło dodatkowo na lokalizację QTL wczesności oraz większej liczby QTL kontrolujących poprzednie dwie cechy. Analiza porównawcza QTL porastania wykazała, że wiele z nich

pokrywało się całkowicie lub częściowo z QTL wczesności, co pozwoliło na wykazanie współzależności dziedzicznego podłoża tych cech. Wyniki badań nad lokalizacją QTL pozwoliły Habilitantce na stwierdzenie, że możliwe jest prowadzenie selekcji w celu uzyskania form wczesnych, a jednocześnie odpornych na porastanie.

Kolejnymi zagadnieniami, którymi w swojej pracy naukowo-badawczej zajmowała się dr Beata Myśków to wykorzystanie markerów molekularnych do identyfikacji genów przywracających płodność u żyta ze sterylizującą cytoplazmą typu C oraz genów karłowatości Ddw3. Wyniki tych badań stanowiły podstawę publikacji naukowej i 6 doniesień konferencyjnych.

Markery molekularne posłużyły, oprócz mapowania, do analizy podobieństwa genetycznego i zróżnicowania genetycznego linii wsobnych żyta. Wyniki tych badań pozwoliły na uszeregowanie linii na dendrogramie według ich podobieństwa genetycznego i zostały zamieszczone w dwóch oryginalnych pracach naukowych. Mają one ogromne znaczenie poznawcze przy wyborze linii do tworzenia populacji mapujących oraz przy doborze komponentów do tworzenia odmian mieszańcowych.

Dr Beata Myśków uczestniczyła również w badaniach nad nicieniami z rodziny *Steinernematidae* i *Heterorhabditidae*, które są wykorzystywane do biologicznej walki ze szkodnikami glebowymi. Badania te prowadziła w ramach gartu NCN, a nawiązana współpraca zaowocowała dwoma oryginalnymi publikacjami naukowymi. W ramach projektu badawczego Kandydatka opracowała prostą, opartą na markerach RFLP metodę identyfikacji gatunkowej nicieni należących do analizowanych rodzin. Zastosowanie jednej pary starterów i dwóch enzymów restrykcyjnych pozwoliło na wykazanie odmienności wszystkich badanych gatunków, co może być wykorzystane w identyfikacji gatunkowej nicieni.

Dorobek naukowy Kandydatki stanowi 17 oryginalnych prac twórczych, w tym 9 opublikowanych w czasopiśmie z listy JCR łącznie wycenionych (zgodnie z listą MNiSW) na 250 punktów. Spośród nich 16 zostało napisanych po uzyskaniu stopnia naukowego doktora. Sumaryczny impact factor publikacji naukowych dr Beaty Myśków według listy Journal Citation Reports wynosi 20,335, liczba cytowań według bazy Web of Science wynosi 49 (bez autocytowań 36), a indeks Hirscha 2. Stanowi to podstawę do stwierdzenia, że dorobek naukowy Kandydatki jest znaczący. Ponadto Habilitantka jest współautorką 32 prac i doniesień konferencyjnych, w tym 25 po uzyskaniu stopnia doktora.

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

Dr Beata Myśków wykazuje aktywność w upowszechnianiu wyników swoich badań. Prezentowała wyniki swoich prac w formie posterów oraz ustnych prezentacji na międzynarodowych i krajowych konferencjach naukowych oraz spotkaniach towarzystw naukowych.

Dorobek Kandydatki powiększa aktywny udział w projektach badawczych finansowanych ze źródeł Komitetu Badań Naukowych (4 projekty), Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi (1 projekt), Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego (4 projekty), Agencji Własności Rolnej Skarbu Państwa (1 projekt) oraz grantów wewnętrznych Uczelni (6 projektów). Dr Beata Myśków kierowała w latach 2010-2013 projektem badawczym MNiSW (NN310 067639) pt. „Poszukiwanie OTL i markerów molekularnych terminu kłoszenia u czterech mieszańców międzyliniowych żyta *Secale cereale* L.” oraz dwoma projektami finansowanymi ze środków przeznaczonych na badania własne Uczelni.

Dr B. Myśków posiada dobre przygotowanie dydaktyczne zdobyte na studiach uniwersyteckich oraz studium doskonalenia pedagogicznego ukończonego na Akademii Rolniczej w Szczecinie.

W trakcie pracy na uczelni prowadziła zajęcia dydaktyczne na kierunku Biotechnologia z przedmiotów: Biologia molekularna (ćwiczenia), Aktualne trendy biologii molekularnej (wykłady i ćwiczenia), Genetyka odporności na stresy w ujęciu klasycznym i molekularnym (wykłady i ćwiczenia), Biotechnologia w kosmetologii (Wykłady), Biotechnologia w hodowli roślin (ćwiczenia), Metody inżynierii genetycznej (ćwiczenia), na kierunku Biologia: Biologia molekularna (ćwiczenia), Ewolucjonizm (wykłady i ćwiczenia), na kierunku Ochrona Środowiska: Genetyka (wykłady i ćwiczenia), Genetyczne aspekty ochrony środowiska (ćwiczenia), na kierunku Ogrodnictwo: Biologia molekularna (ćwiczenia), Rośliny genetycznie modyfikowane (wykłady) oraz na kierunku Rolnictwo: Genetyka (wykłady i ćwiczenia). Ponadto prowadziła seminaria dla magistrantów. Do tej pory była promotorem 11 prac magisterskich i 3 prac inżynierskich na kierunku Biotechnologia oraz recenzentem prac magisterskich. Bierze także czynny udział w pracach na rzecz Wydziału i Uczelni między innymi jako członek komisji egzaminacyjnych, czy opiekun roku na kierunku Rolnictwo. Brała także czynny udział w organizowanym przez Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny Festiwalu Nauki prowadząc zajęcia pokazowe z biologii molekularnej. W przedstawionych do oceny materiałach brak jest informacji o odbytych stażach w zagranicznych placówkach naukowych oraz współpracy międzynarodowej.

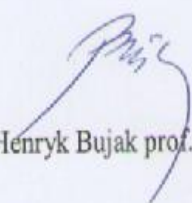
Kandydatka jest członkiem Polskiego Towarzystwa Genetycznego, gdzie w obecnej kadencji objęła stanowisko sekretarza Oddziału Szczecińskiego.

Za osiągnięcia naukowe dr Beata Myśków została dwukrotnie wyróżniona nagrodami J. M. Rektora Akademii Rolniczej w Szczecinie.

• **Wniosek końcowy**

Po szczegółowym przeanalizowaniu dostarczonych bogatych i starannie przygotowanych materiałów pozytywnie opiniuję wniosek dr Beaty Myśków o nadanie jej stopnia doktora habilitowanego nauk rolniczych w dyscyplinie agronomii.

Na podstawie analizy: osiągnięcia naukowego, aktywności naukowej, dorobku dydaktycznego i popularyzatorskiego oraz współpracy międzynarodowej stwierdzam, 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 przepisów 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. Henryk Bujak prof. nadzw. UP

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 agronomii

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.

Przegląd 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

My

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.

M

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 przedźniwne.

Do najważniejszych osiągnięć pracy należy zaliczyć identyfikację nowych QTL wczesności na chromosomach 1R i 3R żyta, ustalenie zależności pomiędzy wczesnością a porastaniem przedźniwnym 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



Prof. dr hab. Sławomir Stankowski

Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny

w Szczecinie

O c e n a

osiągnięć naukowo-badawczych, dorobku dydaktycznego i działalności organizacyjnej rozprawy dr Beaty Myśków ubiegającej się o nadanie stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk rolniczych, w dyscyplinie agronomii

Dr Beata Myśków urodziła się w Szczecinie w 1969 r. Po ukończeniu Liceum Ogólnokształcącego podjęła w 1988 roku naukę w Studium Medycznym. W 1990 roku rozpoczęła studia na Uniwersytecie Szczecińskim – kierunek Biologia. Od 1995 roku była słuchaczem studiów doktoranckich w Akademii Rolniczej w Szczecinie. Pracę doktorską na temat „Konstruowanie mapy genetycznej żyta przy wykorzystaniu markerów molekularnych – RAPD i izoenzymów” wykonała pod kierunkiem prof. dr hab. Piotra Masojcia. Od 2010 roku pracuje do dnia dzisiejszego na stanowisku adiunkta w Katedrze Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin ZUT w Szczecinie.

Ocena osiągnięcia naukowego przedstawionego w formie monografii

Przedstawioną do oceny pracę 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)” wydano w Wydawnictwie Uczelnianym Zachodniopomorskiego Uniwersytetu Technologicznego w Szczecinie w roku 2012. Obejmuje ona łącznie 84 strony tekstu, w tym 22 tabele i 8 rysunków. Wykaz zacytowanych pozycji literatury obejmuje 119 dobrze dobranych prac, z czego znaczna część jest obcojęzyczna. Rozprawa zawiera również 1 stronicowe streszczenia w języku angielskim i niemieckim.

Autorka podjęła w swojej rozprawie habilitacyjnej aktualny i ważny z punktu widzenia naukowego i praktycznego temat odporności na porastanie ziarna żyta ozimego. Proces ten jest zjawiskiem bardzo złożonym, uzależnionym od wielu czynników zarówno genetycznych jak i morfologicznych, fizjologicznych, biochemicznych oraz środowiskowych (głównie ilości opadów jak i temperatury w okresie poprzedzającym zbiór). Obserwuje się również

wpływ stosowanych technologii uprawy. Genetyczne podłoże porastania ziarna jest złożone i ma charakter poligonowy. Najczęstszą metodą jego analizy jest poszukiwanie regionów genomu zawierających QTL kontrolujące PHS lub QTL okresu spoczynku, liczby opadania czy aktywności alfa-amylazy. Uzyskanie odmian odpornych na porastanie ziarniaków w kłosach jest jednym z głównych kierunków hodowli żyta, jak również pszenżyta czy pszenicy.

Głównym celem przeprowadzonych badań było wykorzystanie map genetycznych do poznania dziedzicznego podłoża cech najważniejszych z praktycznego punktu – czyli wczesności i porastania. Cele zostały sformułowane w czterech głównych punktach: identyfikacji QTL odpowiedzialnych za wczesność dojrzewania żyta, identyfikacja QTL kontrolujących porastanie przedzmiwny ziarniaków, wytypowanie markerów molekularnych sprzężonych z genami warunkującymi wczesność i odporność na porastanie żyta oraz ocena pomiędzy wczesnością dojrzewania a porastaniem ziarniaków w okresie przed zbiorem. Przedstawione powyżej cele Autorka konsekwentnie realizuje w przedstawionej do recenzji pracy.

Materiał do badań stanowiły cztery populacje rekombinacyjne linii wsobnych żyta otrzymane w Katedrze Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin ZUT w Szczecinie. Na tym materiale przeprowadziła w latach 2007-2010 doświadczenia mikropoletkowe i wazonowe. Wykonała analizy fenotypowe dotyczące wczesności kłoszenia i kwitnienia, przedzmiwnego porastania oraz analizy molekularne. Wyniki opracowała statystycznie przy zastosowaniu właściwych do tego celu testów, z uwzględnieniem wyliczenia minimalnej wielkości próby metoda dwustopniową Steina. Jedyną moją uwagę to, że wartość d we wzorze powinna być określona jako dopuszczalny błąd szacunku a nie margines błędu wyrażony w procentach. Dalszą część analiz stanowiło mapowanie genetyczne i identyfikacja QTL.

W przeglądzie literatury wstępie Autorka omówiła zasadnicze zagadnienia związane z tematyką pracy, dzieląc je na 8 podrozdziałów. Zrobiła to w sposób syntetyczny, przedstawiając aktualną wiedzę a równocześnie wskazując na zagadnienia wymagające rozwiązania czy uściślenia. Wyniki przedstawione są w czytelnych tabelach i na wykresach. Sposób omówienia jest zwięzły i zawiera jedynie treści które służą opisowi danych zawartych w materiale ilustracyjnym. Rozdział napisany jest poprawnym językiem, zrozumiałym dla czytelnika, pomimo że dotyczy zagadnień dość skomplikowanych. Dyskusja jest uporządkowana, zawiera dużą liczbę cytowanych pozycji literatury i nie ma charakteru powielonego opisu wyników. Odnosi się do wszystkich postawionych celów pracy. Praca

zakończona jest 9 zwięzłymi wnioskami, dotyczącymi najważniejszych zagadnień. jest to również zaleta, gdyż często liczba wniosków jest zbyt duża i dotyczą one mało ważnych elementów pracy.

Do najważniejszych osiągnięć uzyskanych w przedstawionej pracy możemy zaliczyć:

1. Opracowanie złożonej z markerów molekularnych mapy genetycznej żyta w populacji RIL mieszańca międzyliniowego S120 x S76
2. Zidentyfikowanie QTL dla wczesności kłoszenia i odporności na porastanie
3. Stwierdzenie częściowego podobieństwa podłoża genetycznego wczesności kłoszenia i porastania

Reasumując powyższe stwierdzam, że niniejsza praca spełnia wszystkie wymagania stawiane rozprawom habilitacyjnym, wnosi nowe elementy do nauk agrotechnicznych, charakteryzuje się wysokim poziomem merytorycznym i może stanowić podstawę dalszego toku przewodu habilitacyjnego dr Beaty Myśków.

Ocena aktywności naukowej

Dorobek naukowy dr Beaty Myśków składa się z (poza monografią habilitacyjną) 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 przyznaniem IF. Wartość sumaryczna IF pięcioletniego dla Jej 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 jest współautorką 32 prac i doniesień konferencyjnych (w tym 25 po uzyskaniu stopnia doktora). Wyniki swoich badań prezentowała biorąc udział w konferencjach naukowych. Znaczna część dorobku jest dziełem współautorskim co świadczy o umiejętności dr współpracy z pracownikami naukowymi zarówno z innych jednostek organizacyjnych ZUT jak i z innych ośrodków naukowych w kraju. O jej znaczącej pozycji w zespołach badawczych świadczy to, iż w wielu pracach pełni rolę wiodącą, jako pierwszy autor. Do wspomnianych wyżej oryginalnych opracowań należałoby, w moim odczuciu, zaliczyć większą część prac opublikowanych w materiałach konferencji międzynarodowych i krajowych. Noszą one bowiem w większości znamiona oryginalnych prac naukowych, jak można sądzić po ich tytułach.

Zainteresowania naukowe dr Beaty Myśków związane są z badaniami genetycznymi.

Predyspozycje do tego typu badań i duże umiejętności warsztatowe wynikają jednoznacznie z jej z jej wykształcenia (Studium Medyczne ze specjalnością analityka medyczna, Uniwersytet Szczeciński – diagnostyka laboratoryjna, oraz praca pod kierunkiem prof. dr hab. Piotra Masojcia w Katedrze Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin ZUT w Szczecinie (wcześniej Akademia Rolnicza, przed połączeniem z Politechniką Szczecińską).

Główny zakres badań naukowych to prace nad:

- konstruowaniem map genetycznych,
- identyfikacją QTL,
- identyfikacja genów przywracających męską płodność żyta z cytoplazmą sterylizującą CMS-C (we współpracy z dr hab. Stefanem Stojałowskim),
- badania podobieństwa genetycznego,
- charakterystyka molekularna nicieni owadobójczych (we współpracy z dr Magdaleną Dziegielewską z Zakładu Ochrony Roślin ZUT w Szczecinie).

Na uwagę zasługuje również udział Habilitantki w realizacji projektów badawczych. Była wykonawcą w dziesięciu projektach naukowych, finansowanych przez krajowe instytucje (KBN, Ministerstwo Rolnictwa, MNiSW, NCN). Od 2010 roku kieruje trzyletnim grantem przyznany przez MNiSW, przejętym przez NCN. Jest także współwykonawcą w trzyletnim projekcie „Opracowanie markerów molekularnych karłowego 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). Brała również udział w realizacji sześciu grantów wewnętrznych; w dwóch jako kierownik i w czterech jako wykonawca.

Tak szeroki udział w zewnętrznych projektach jest z jednej strony zasługą Habilitantki i jej aktywności oraz wiedzy, z drugiej niewątpliwie pracy w zespole pracowników kierowanym przez kierownika Katedry prof. Masojcia.

Reasumując mogę stwierdzić, że dorobek naukowy Habilitantki jest duży i merytorycznie wyraźnie określony. Na osobne podkreślenie zasługuje Jej aktywne uczestnictwo w grantach KBN, co świadczy o dojrzałości naukowej. Uczestniczy także aktywnie w wymianie myśli naukowych, czego efektem jest szereg opracowań na konferencjach krajowych i zagranicznych.

Ocena w zakresie dorobku dydaktycznego i organizacyjnego

Dr Beata Myśków prowadzi różne formy zajęć akademickich – od ćwiczeń laboratoryjnych i wykładów do zajęć seminaryjnych i pracowni dyplomowej dla magistrantów. Jako nauczyciel akademicki realizuje zajęcia na następujących kierunkach studiów: rolnictwo, ogrodnictwo, biologia, biotechnologia i ochrona środowiska. Realizowane przez nią w czasie pracy w Zachodniopomorskim Uniwersytecie Technologicznym przedmioty to między innymi: genetyka, biologia molekularna, ewolucjonizm, rośliny modyfikowane genetycznie czy metody inżynierii genetycznej w hodowli roślin. Prowadzone przez dr Myśków zajęcia charakteryzują się wysokim poziomem naukowym a równocześnie przystępnością (jest to wynikiem jej dużej wiedzy i dobrego przygotowania do prowadzenia zajęć – ukończone Studium Doskonalenia Pedagogicznego w Akademii Rolniczej w Szczecinie). Jest promotorem 11 prac magisterskich i 3 inżynierskich. Była również recenzentem 3 prac magisterskich na kierunku Biotechnologia. Biegle zna język angielski. Umożliwiło jej to zapoznawanie się z literaturą angielskojęzyczną oraz udział w szeregu konferencjach międzynarodowych.

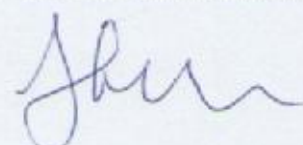
Aktywnie uczestniczy w pracach związanych z działalnością organizacyjną Wydziału i Katedry. W 2006 roku pełniła funkcję sekretarza wydziałowej komisji rekrutacyjnej, w latach 2007-2009 była opiekunem roku na kierunku Rolnictwo. Od 2011 jest sekretarzem szczecińskiego oddziału Polskiego Towarzystwa Genetycznego na kadencję 2011-2014. Za osiągnięcia naukowe otrzymała dwukrotnie nagrodę JM Rektora - indywidualną (2011) oraz zespołową, razem z dr Milczarskim i dr Stojałowskim (2003)

Wniosek końcowy

Oceniając przedłożone do recenzji materiały pozytywnie opiniuję wniosek dr Beaty Myśków o nadanie jej stopnia doktora habilitowanego nauk rolniczych w dyscyplinie agronomii. Po przeanalizowaniu: osiągnięcia naukowego w formie monografii, dorobku naukowego, organizacyjnego i dydaktycznego stwierdzam, 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 przepisów wykonawczych - Rozporządzenie Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 1 września 2011 roku (Dz. U. Nr 196, poz. 1165) i jest dobrze przygotowana do samodzielnej pracy naukowej.

Prof. dr hab. Sławomir Stankowski

Schem 8.04.2015r



Uchwała nr 142
Rady Wydziału Kształtowania Środowiska i Rolnictwa
Zachodniopomorskiego Uniwersytetu Technologicznego w Szczecinie
z 17 maja 2013 r.

w sprawie nadania stopnia naukowego doktora habilitowanego dr Beacie Myśków

§ 1.

Na podstawie art. 18a ust. 11 ustawy z dnia 14 marca 2003 r. o stopniach i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. Nr 65, poz. 595, z późn. zm.) w brzmieniu nadanym ustawą z dnia 18 marca 2011 r. (Dz. U. Nr 84, poz. 455), Rada Wydziału Kształtowania Środowiska i Rolnictwa Zachodniopomorskiego Uniwersytetu Technologicznego w Szczecinie nadaje

dr Beacie Myśków
stopień doktora habilitowanego nauk rolniczych
w dyscyplinie: agronomia
specjalność: genetyka roślin

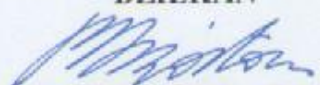
§ 2.

Uchwała wchodzi w życie z dniem jej podjęcia.

UZASADNIENIE

Rada Wydziału Kształtowania Środowiska i Rolnictwa Zachodniopomorskiego Uniwersytetu Technologicznego w Szczecinie przychyliła się do uchwały Komisji habilitacyjnej z dnia 19 kwietnia 2013 r., dzieląc pozytywną opinię i zasadność wniosku o nadanie dr Beacie Myśków stopnia doktora habilitowanego nauk rolniczych w dyscyplinie agronomia. Habilitantka najważniejsze osiągnięcia naukowe przedstawiła w 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)**, które stanowią znaczny wkład w rozwój dyscypliny naukowej agronomia, szczególnie do genetyki molekularnej i hodowli roślin. Dorobek naukowy jest nowatorski i wartościowy, a ich ocena bibliometryczna jest wysoka. Kandydatka spełnia wymogi przewidziane w art. 16 ustawy z dnia 14.03.2003 r. o stopniach i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. Nr 65, poz. 595, z późn. zm.) w brzmieniu nadanym ustawą z dnia 18 marca 2011 r. (Dz. U. Nr 84, poz. 455).

Przewodniczący Rady Wydziału
DZIEKAN


prof. dr hab. Aleksander Brzostowicz

**Harmonogram przebiegu postępowania habilitacyjnego dr Beaty Myśków
w dziedzinie nauk rolniczych, dyscyplinie agronomia prowadzonego przez
Radę Wydziału Kształtowania Środowiska i Rolnictwa
Zachodniopomorskiego Uniwersytetu Technologicznego w Szczecinie**

Data	Opis czynności	Realizator/Odpowiedzialny
08.10.2012	Wszczęcie postępowania habilitacyjnego	Centralna Komisja ds. Stopni i Tytułów
26.10.2012	Wyrażenie zgody na przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego	Rada Wydziału Kształtowania Środowiska i Rolnictwa ZUT w Szczecinie
14.12.2012	Wyznaczenie trzech członków komisji habilitacyjnej	Rada Wydziału Kształtowania Środowiska i Rolnictwa ZUT w Szczecinie
11.02.2013	Powołanie komisji habilitacyjnej w celu przeprowadzenia postępowania habilitacyjnego	Centralna Komisja ds. Stopni i Tytułów
22.02.2013	Powiadomienie członków komisji habilitacyjnej o powołaniu ich w skład przedmiotowej komisji oraz przekazanie dokumentacji Kandydatki	Dziekan WKŚiR - z upoważnienia Centralnej Komisji ds. Stopni i Tytułów
19.04.2013	Podjęcie uchwały zawierającej opinię w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego	Komisja habilitacyjna
17.05.2013	Podjęcie uchwały o nadaniu stopnia doktora habilitowanego nauk rolniczych w dyscyplinie naukowej agronomii	Rada Wydziału Kształtowania Środowiska i Rolnictwa ZUT w Szczecinie