Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie
ul. Nowoursynowska 166
02-787 WARSZAWA
za pośrednictwem:
Rady Doskonałości Naukowej
pl. Defilad 1
00-901 Warszawa
(Pałac Kultury i Nauki, p. XXIV, pok. 2401)

Anita Wiśniewska
(imię i nazwisko wnioskodawcy)
Katedra Fizjologii Roślin, Instytut Biologii,
Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie
(miejsce pracy/jednostka naukowa)

Wniosek

z dnia 18.04.2025

o przeprowadzenie postępowania w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie **nauk ścisłych i przyrodniczych** w dyscyplinie **nauki biologiczne**[1]

Określenie osiągnięcia naukowego będącego podstawą ubiegania się o nadanie stopnia doktora habilitowanego – cykl powiązanych tematycznie artykułów naukowych pt. **„Charakterystyka genetyczna roślin poddanych działaniu stresu abiotycznego (susza) lub biotycznego (mątwik burakowy) z uwzględnieniem analizy funkcjonalnej wybranych genów”**.

Wnioskuję - na podstawie art. 221 ust. 10 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (t.j. Dz. U. z 2021 poz. 478 zm.) - aby komisja habilitacyjna podejmowała uchwałę w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego w głosowaniu ~~**tajnym**~~**/jawnym**[2]

Jako wybrany podmiot habilitujący wskazuję Szkołę Główną Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie. Informuję, że zapoznałem się z treścią Regulaminu nadawania stopnia doktora habilitowanego w Szkole Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie i zobowiązuję się do jego przestrzegania.

Zostałem poinformowany, że:
Administratorem w odniesieniu do danych osobowych pozyskanych w ramach postępowania w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego jest jednostka habilitująca oraz Przewodniczący Rady Doskonałości Naukowej z siedzibą w Warszawie (pl. Defilad 1, XXIV piętro, 00-901 Warszawa).
Kontakt za pośrednictwem e-mail: kancelaria@rdn.gov.pl , tel. 22 656 60 98 lub w siedzibie organu.
Dane osobowe będą przetwarzane w oparciu o przesłankę wskazaną w art. 6 ust. 1 lit. c) Rozporządzenia UE 2016/679 z dnia z dnia 27 kwietnia 2016 r. w związku z art. 220 - 221 oraz art. 232 – 240 ustawy z dnia 20 lipca 2018 roku - Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce, w celu przeprowadzenie postępowania o nadanie stopnia doktora habilitowanego oraz realizacji praw i obowiązków oraz środków odwoławczych przewidzianych w tym postępowaniu.
Szczegółowa informacja na temat przetwarzania danych osobowych w postępowaniu dostępna jest na stronie www.rdn.gov.pl/klauzula-informacyjna-rodo.html
Szczegółowe informacje dotyczące przetwarzania danych osobowych przez SGGW znajdują się w załączniku nr 15 do Regulaminu nadawania stopnia doktora habilitowanego w Szkole Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie.

Anita Wiśniewska
(podpis wnioskodawcy)

[1] Klasyfikacja dziedzin i dyscyplin wg. rozporządzenia Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 20 września 2018 r. w sprawie dziedzin nauki i dyscyplin naukowych oraz dyscyplin w zakresie sztuki (Dz. U. z 2018 r. poz. 1818).
[2] Niepotrzebne skreślić

Załączniki do wniosku:

1. Formularz danych wnioskodawcy;
2. Kopia dokumentu potwierdzającego posiadanie stopnia doktora;
3. Autoreferat;
4. Wykaz osiągnięć naukowych stanowiących znaczny wkład w rozwój dyscypliny nauki biologiczne;
5. Oświadczenia habilitanta i współautorów publikacji wykazanych jako osiągnięcie naukowe, w przypadku o którym mowa § 6 ust. 2 i 3;
6. Kopie dokumentów.

Anita Wiśniewska
(podpis wnioskodawcy)

Potwierdzam zgodność wydruku z dokumentem wydanym w postaci elektronicznej:

Identyfikator dokumentu	782127.1707802.2899920
Nazwa dokumentu	Wniosek_Przewodni_podpis (Załącznik - RPW_10639_2025).pdf
Skrót dokumentu	E464B89388DC76AE28181392AECB55BD327497A9
Wersja dokumentu	1.0
Data podpisu	18.04.2025
Sygnatariusz	ANITA WIŚNIEWSKA
Rodzaj certyfikatu	Certyfikat kwalifikowany podpisu elektronicznego
	EZD 3.126.43.43.
Data wydruku:	06.05.2025 09:55:53
Autor wydruku:	Karolak Aleksandra w zastępstwie za Biuro Obsługi Nauki BON

Załącznik nr 3.

AUTOREFERAT

Dr inż. Anita Wiśniewska

Katedra Fizjologii Roślin

Instytut Biologii

Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

Warszawa, 2025

1. Imię i nazwisko.

Anita Wiśniewska

2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe lub artystyczne – z podaniem podmiotu nadającego stopień, roku ich uzyskania oraz tytułu rozprawy doktorskiej.

1995-2000 (obrona 07.07.2000) – magister inżynier biotechnologii w zakresie biotechnologii w produkcji roślinnej, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Międzywydziałowe Studium Biotechnologii, Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin. Temat: „*Poziom ekspresji genu taumatyny II w transgenicznych roślinach ogórka*"

2000-2005 (obrona 23.03.2005) – doktor nauk rolniczych w zakresie ogrodnictwo, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Wydział Ogrodnictwa i Architektury Krajobrazu, Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin. Temat: „*Analiza molekularna wybranych genów ogórka ulegających ekspresji podczas embriogenezy somatycznej*"

3. Informacja o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych lub artystycznych.

15.07.2005-30.09.2019 – adiunkt, Katedra Fizjologii Roślin, Wydział Rolnictwa i Biologii, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

01.10.2019-obecnie – adiunkt, Katedra Fizjologii Roślin, Instytut Biologii, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

4. Omówienie osiągnięć, o których mowa w art. 219 ust. 1 pkt. 2 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce.

4.1. Osiągnięcie naukowe 1.

4.1.1. Tytuł osiągnięcia naukowego 1.

Charakterystyka genetyczna roślin poddanych działaniu stresu abiotycznego (susza) lub biotycznego (mątwik burakowy) z uwzględnieniem analizy funkcjonalnej wybranych genów

4.1.2. Publikacje wchodzące w skład osiągnięcia naukowego 1.
(*autorzy, rok wydania, tytuł publikacji, nazwa wydawnictwa*)

Oznaczenia:
- ***autor korespondencyjny**
- IF – Impact Factor
- Pkt.– punkty według wykazu czasopism naukowych Ministra Nauki (obejmujące Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego oraz Ministerstwo Edukacji i Nauki)
- Liczba cytowań i kwartyl zostały podane wg Web Of Science Core Collection 12.03.2025

H1.1. Chołuj D, **Wiśniewska A***, Szafrański KM, Cebula J, Gozdowski D, Podlaski S **(2014)** Assessment of the physiological responses to drought in different sugar beet genotypes in connection with their genetic distance. *J Plant Physiol* 171: 1221-1230. https://doi.org/10.1016/j.jplph.2014.04.016

IF $_{2014}$ = 2,557	Pkt.$_{2014}$ = 35	Kwartyl – Q1
IF $_{2023}$ = 4,0	Pkt.$_{2024}$ = 100	Liczba cytowań: 37

Współopracowanie koncepcji badań, udział w przygotowaniu wniosku o finansowanie projektu badawczego, zaplanowanie eksperymentów, współudział w eksperymentach polowych, przeprowadzenie analizy dystansu genetycznego, opracowanie wyników, współudzial w tworzeniu rozdziałów manuskryptu i napisanie manuskryptu, kontakt z wydawnictwem i udzielenie odpowiedzi na recenzje.

H1.2. Wiśniewska A*, Andryka-Dudek P, Czerwiński M, Chołuj D (**2019**) Fodder beet is a reservoir of drought tolerance alleles for sugar beet breeding. *Plant Physiol Bioch* 145: 120–131. https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2019.10.031

IF $_{2019}$ = 3,720	Pkt.$_{2019}$ = 70	Kwartyl – Q1
IF $_{2023}$ = 6,1	Pkt.$_{2024}$ = 70	Liczba cytowań: 12

Współopracowanie koncepcji badań, udział w przygotowaniu wniosku o finansowanie projektu badawczego, zaplanowanie eksperymentów, współudział w eksperymentach polowych, przeprowadzenie analizy dystansu genetycznego, wybranie genów do analizy poziomu ekspresji genów i zaprojektowanie starterów, opracowanie wyników, współudział w tworzeniu rozdziałów manuskryptu i napisanie manuskryptu, kontakt z wydawnictwem i udzielenie odpowiedzi na recenzje.

H1.3. Wiśniewska A*, Wojszko K, Różańska E, Lenarczyk K, Kuczerski K, Sobczak M (**2021**) *Arabidopsis thaliana Myb59* gene is involved in the response to *Heterodera schachtii* infestation, and its overexpression disturbs regular development of nematode-induced syncytia. *Int J Mol Sci* 22, 6450. https://doi.org/10.3390/ijms22126450

IF $_{2021}$ = 6,208	Pkt.$_{2021}$ = 140	Kwartyl – Q1
IF $_{2023}$ = 4,9	Pkt.$_{2024}$ = 140	Liczba cytowań: 16

Opracowanie koncepcji badań, przygotowanie wniosku o finansowanie projektu badawczego, zaplanowanie eksperymentów, współudział w eksperymentach (projektowanie starterów, analiza ekspresji genu, przygotowanie konstrukcji genowych, genotypowanie mutantów, transformacja roślin, analiza bioinformatyczna i aktywności promotora genu, testy infekcyjne, analiza statystyczna), opracowanie wyników, zaplanowanie manuskryptu i napisanie manuskryptu, kontakt z wydawnictwem i udzielenie odpowiedzi na recenzje.

H1.4. Wiśniewska A*, Wojszko K, Różańska E, Lenarczyk K, Sobczak M (**2022**) *Arabidopsis thaliana AtHRS1* gene is involved in the response to *Heterodera schachtii* infection and its overexpression hampers development of syncytia and involves a jasmonic acid-dependent mechanism. *J Plant Physiol* 272, 153680. https://doi.org/10.1016/j.jplph.2022.153680

IF $_{2022}$ = 4,300	Pkt.$_{2022}$ = 100	Kwartyl – Q1
IF $_{2023}$ = 4,0	Pkt.$_{2024}$ = 100	Liczba cytowań: 6

Opracowanie koncepcji badań, przygotowanie wniosku o finansowanie projektu badawczego, zaplanowanie eksperymentów, współudział w eksperymentach (projektowanie starterów, analiza ekspresji genu, przygotowanie konstrukcji genowych, genotypowanie mutantów, transformacja roślin, testy infekcyjne, analiza statystyczna), opracowanie wyników, zaplanowanie manuskryptu i napisanie manuskryptu, kontakt z wydawnictwem i udzielenie odpowiedzi na recenzje.

H1.5. Różańska E, Krępski T, **Wiśniewska A*** (**2023**) Mutations in selected ABA-related genes reduce level of *Arabidopsis thaliana* susceptibility to the beet cyst nematode *Heterodera schachtii*. *Plants* 12, 2299. https://doi.org/10.3390/plants12122299

IF $_{2023}$ = 4,0	Pkt.$_{2023}$ = 70	Kwartyl – Q1
	Pkt.$_{2024}$ = 70	Liczba cytowań: 2

Opracowanie koncepcji badań, przygotowanie wniosku o finansowanie projektu badawczego, zaplanowanie eksperymentów, współudział w eksperymentach (projektowanie starterów, analiza ekspresji genu, genotypowanie mutantów, testy infekcyjne, analiza zawartości ABA, analiza statystyczna), opracowanie wyników, zaplanowanie manuskryptu i napisanie manuskryptu, kontakt z wydawnictwem i udzielenie odpowiedzi na recenzje.

H1.6. Wojszko K, Różańska E, Sobczak M, Kuczerski K, Krępski T, **Wiśniewska A*** (**2023**) The role of *AtPP2-A3* and *AtPP2-A8* genes encoding Nictaba-related lectin domains in the defense response of *Arabidopsis thaliana* to *Heterodera schachtii*. *Planta* 258, 40. https://doi.org/10.1007/s00425-023-04196-y

IF $_{2023}$ = 3,600	Pkt.$_{2023}$ = 100	Kwartyl – Q1
	Pkt.$_{2024}$ = 100	Liczba cytowań: 1

Opracowanie koncepcji badań, przygotowanie wniosku o finansowanie projektu badawczego, zaplanowanie eksperymentów, współudział w eksperymentach (projektowanie starterów, genotypowanie mutantów, testy infekcyjne, analiza statystyczna), opracowanie wyników, zaplanowanie manuskryptu i napisanie manuskryptu, kontakt z wydawnictwem i udzielenie odpowiedzi na recenzje.

4.1.3. Omówienie celu naukowego osiągnięcia naukowego 1. i uzyskanych wyników wraz z omówieniem ich ewentualnego wykorzystania.

Rośliny, będące organizmami osiadłymi, nie posiadają możliwości przemieszczania się w celu uniknięcia skutków działania niekorzystnych czynników abiotycznych i biotycznych. Rośliny występujące w warunkach naturalnych w przeciwieństwie do odmian gatunków uprawnych posiadają wytworzoną podczas ewolucji szeroką gamę mechanizmów obronnych. U roślin uprawnych, z jednej strony w wyniku ich genetycznego doskonalenia nastąpiła poprawa cech dotyczących jakości i ilości plonu, ale z drugiej utrata alleli warunkujących przystosowanie do różnych i zmiennych czynników stresowych. W praktyce rolniczej utratę alleli warunkujących tolerancję na patogeny rekompensuje się zastosowaniem środków ochrony roślin nie zawsze obojętnych dla środowiska i zdrowia człowieka. Z tego powodu zgodnie z zasadami postępującej ekologizacji produkcji rolnej następuje zmniejszanie ilości stosowanych pestycydów lub częściej całkowite ich wycofanie z użycia. Stosowanie środków ochrony roślin dodatkowo podwyższa ekonomiczne koszty produkcji roślinnej. Z tego względu, jak również z powodu nabywania przez patogeny i szkodniki odporności na pestycydy, najlepszym rozwiązaniem pozostaje uzyskiwanie nowych odmian roślin odpornych lub tolerancyjnych na niekorzystne czynniki biotyczne i abiotyczne. Obecnie w postępie biologicznym dużą rolę odgrywają badania podstawowe prowadzące do identyfikacji nowych genów, nadających odporność lub poprawiających tolerancję roślin, których źródłem mogą być gatunki dzikie i prymitywne czy też formy pastewne, oraz identyfikacja genów podatności występujących u odmian uprawnych. Wprowadzanie lub modyfikacja genów odporności czy podatności (lub zmiana wzoru lub poziomu ich ekspresji) może następować na drodze krzyżowania lub przy wykorzystaniu mutagenezy, w tym z użyciem nowych technologii modyfikacji i/lub edycji genomów.

Cel naukowy osiągnięcia naukowego 1.

Celem przedstawianego osiągnięcia naukowego była identyfikacja wskaźników genotypowych tolerancji na suszę, identyfikacja obiektów buraka, które mogą służyć jako źródła alleli tolerancji na suszę oraz identyfikacja i analiza funkcjonalna genów, które są istotne w interakcji roślina - nicień pasożytniczy. Cel przeprowadzonych badań wynikał z konieczności poprawy tolerancji odmian buraka cukrowego na wybrane czynniki biotyczne lub abiotyczne.

Niniejszy cel został zrealizowany w kilku etapach obejmujących ocenę różnorodności zasobów genetycznych buraka, w tym buraka cukrowego, identyfikacja wskaźników genotypowych tolerancji na suszę oraz genów o zmiennym poziomie ekspresji skorelowanym z tolerancją na suszę (**prace H1.1. i H1.2.**). Identyfikacja i analiza funkcjonalna genów, których produkty są zaangażowane w odpowiedź rośliny na atak mątwika burakowego została przeprowadzona na modelu eksperymentalnym opartym na interakcji rzodkiewnik pospolity – mątwik burakowy (**prace H1.3. – H1.6.**). Do analizy funkcjonalnej wykorzystano mutanty i transformanty z nadekspresją wybranych genów rzodkiewnika pospolitego.

I. Charakterystyka genetyczna roślin buraka poddanych działaniu stresu suszy

I.1. Wstęp

Burak cukrowy, który jest jedną z form uprawnych buraka zwyczajnego (*Beta vulgaris* L. ssp. *vulgaris*), jest dwuletnią rośliną okopową o dużym znaczeniu gospodarczym w Polsce i na świecie. Polska znajduje się na szóstym miejscu na świecie i trzecim w Unii Europejskiej pod względem wielkości produkcji buraka cukrowego (http://faostat.fao.org, dane za 2022 r.). Cukier uzyskiwany z buraka cukrowego stanowi 20% światowej produkcji cukru i jest istotny w krajach, gdzie trzcina cukrowa nie może być uprawiana ze względu na warunki klimatyczne (http://agriculture.ec.europa.eu). W 2024 r. w Polsce powierzchnia uprawy buraka cukrowego sięgała około 0,3 mln ha, zbiory buraków cukrowych oceniono na ok. 18,5 mln t (Główny Urząd Statystyczny, www.stat.gov.pl), natomiast produkcja cukru wyniosła 2,4 mln t (http://agriculture.ec.europa.eu). Burak cukrowy jest również szeroko wykorzystywany jako pasza dla zwierząt gospodarskich oraz surowiec do produkcji energii, w szczególności bioetanolu (Mall i wsp. 2024).

Jednym z najważniejszych czynników abiotycznych ograniczających plonowanie buraków cukrowych w Europie, a szczególnie w Polsce jest susza. Wykazano, że może ona być przyczyną utraty od 15 do 30% plonów (Pidgeon i wsp. 2001; Jones i wsp. 2003, Mall i wsp. 2024). W Polsce w ciągu ostatnich 15 lat susze występowały coraz częściej w porównaniu do lat poprzednich i obejmowały znaczą część kraju (https://susza.iung.pulawy.pl/). Nasilanie się tego zjawiska spowodowało konieczność rozpoczęcia prac nad nowymi odmianami buraka cukrowego o zwiększonej tolerancji na suszę.

Tolerancja na suszę jest cechą złożoną warunkowaną *loci* cech ilościowych (ang. *quanititative trait loci*, QTL). Hodowla prowadzona w kierunku poprawy cech warunkowanych wieloma genami jest bardziej skomplikowana i dłuższa niż prowadzona w kierunku poprawy cech jednogenowych. Ocena tolerancji na suszę najczęściej przebiega w warunkach sztucznie stworzonej suszy poprzez rozpinanie nad roślinami rosnącymi w warunkach polowych zasłon foliowych (przy jednoczesnym wykluczeniu podsiąku z otaczających namiot warstw gleby), a następnie porównywaniu plonów uzyskanych z roślin rosnących w warunkach kontrolnych i suszy. Inną cechą wskazującą na tolerancję roślin na suszę jest stopień rozwinięcia systemu korzeniowego. Jednak, aby dokładnie ocenić system korzeniowy należy zastosować do wzrostu roślin odpowiednie pojemniki (rizoboksy), pozwalające na dokładną ocenę systemu korzeniowego. Zastosowanie rizoboksów ma zalety, jak łatwość obserwacji wzrostu korzenia i pomiary całego organu, ale z kolei ogranicza liczbę roślin, które można jednocześnie ocenić w danym okresie wegetacyjnym. Te uciążliwości podczas selekcji roślin tolerancyjnych na suszę stały się powodem poszukiwania innych cech wskaźnikowych tolerancji na suszę i skorelowanych z plonem.

W przypadku stosunkowo wąskiej puli genetycznej gatunku lub form uprawnych roślin w ich hodowli podejmuje się badania dotyczące różnorodności genetycznej w obrębie rodzaju, do którego roślina należy. Szerszy zakres różnorodności genetycznej rodzaju jest często punktem wyjściowym programów hodowlanych i daje możliwość identyfikacji genotypu innego gatunku mogącego być dawcą alleli warunkujących korzystne cechy dla odmiany uprawnej. Zmienność genetyczna w obrębie buraka cukrowego jest raczej wąska. Hodowcy zwykle oczekują, że gatunki dzikie lub prymitywne posiadają szeroki zasób potencjalnych korzystnych alleli, które można wprowadzić do odmian uprawnych. Dlatego określenie zmienności genetycznej, cech fizjologicznych, morfologicznych i molekularnych u różnych form buraka w kontekście ich tolerancji na suszę stało się jednym z priorytetów hodowli buraka cukrowego w Polsce.

Jednym ze zjawisk wykorzystywanych w hodowli roślin (w tym szczególnie buraków cukrowych) jest heterozja, czyli wigor mieszańców F1 wykazujących wyższą wartość danej cechy niż wartość u jednej (lepszej) formy rodzicielskiej (*best parent heterosis*, BPH) lub niż średnia wartości cechy u obu form rodzicielskich (ang. *midparent heterosis*, MPH) (Hochholdinger i Hoecker 2007). Do cech tych zalicza się m. in. ogólną biomasę, wysokość roślin, plon, tempo rozwoju, czy tolerancję na czynniki biotyczne i abiotyczne. Jednakże pomimo intensywnych badań nad heterozją od ponad stu lat (East i Hayes 1912), jej podłoże genetyczne pozostaje nadal niewyjaśnione. Istniejące hipotezy: dominacji (u mieszańca allele dominujące różnych genów pochodzące od jednego rodzica maskują szkodliwe działanie alleli recesywnych drugiego rodzica i odwrotnie), naddominacji (interakcja pomiędzy różnymi allelami tego samego genu, w jednym lub wielu *loci*, prowadząca do efektu heterozji w przeciwieństwie do stanu homozygotycznego danego genu) oraz epistazy (interakcja pomiędzy allelami w dwóch lub więcej różnych *loci*) nie wykluczają się wzajemnie, ale są słuszne przy założeniu, że krzyżowane formy różnią się genetycznie (Hochholdinger i Hoecker 2007). Zakłada się również, że istnieje pozytywny związek między heterozją występującą u potomstwa a dystansem genetycznym homozygotycznych form rodzicielskich. Przy czym nadal nie udało się ustalić optymalnego zakresu dystansu genetycznego i jego punktów progowych powyżej lub poniżej których efekt heterozji znacznie spada (Würschum i wsp. 2023).

Reakcja roślin na stres suszy opiera się głównie na systemie antyoksydacyjnym i osmoregulacyjnym. Susza często wiąże się z intensywnym promieniowaniem słonecznym i wysoką temperaturą powietrza. Warunki te zaburzają równowagę między produkcją reaktywnych form tlenu (ROS), niezbędnych do regulacji różnych ścieżek przekazywania sygnału podczas aklimatyzacji roślin do stresu abiotycznego, a mechanizmami odpowiedzi antyoksydacyjnej, powodując stres oksydacyjny (Sies, 2018). Burak cukrowy charakteryzuje się wysoką zdolnością do regulacji osmotycznej. Przy obniżonej dostępności wody w komórkach gromadzone są rozpuszczalne substancje osmotycznie czynne (osmoprotektanty), co powoduje obniżenie potencjału osmotycznego w komórkach i jest też wskaźnikiem aklimatyzacji rośliny do stresu. Obniżenie potencjału osmotycznego powoduje napływ wody do komórki i utrzymanie jej turgoru (Chołuj i wsp, 2008). Do substancji osmotycznie czynnych zalicza się między innymi: prolinę, trehalozę, czwartorzędowe związki amonowe np. glicyna betaina (Ashraf i wsp. 2007). Susza wpływa również na poziom ekspresji genów i aktywność głównych enzymów antyoksydacyjnych, takich jak dysmutaza ponadtlenkowa, katalaza, peroksydazy askorbinianowe i inne (Noctor i wsp. 2014).

I.2. Omówienie wyników i ich ewentualnego wykorzystania

Celem pracy H1.1. (**Chołuj i wsp. 2014**) była ocena zasobów genetycznych buraka cukrowego oraz opracowanie kompleksowego systemu wskaźników genotypowych tolerancji na suszę. W badaniach wykorzystano formy ojcowskie będące podwojonymi haploidami (ang. *double haploid*, DH) (linie P), męskosterylne formy mateczne (MS) oraz ich potomstwo F1 (MS×P) uzyskane z Kutnowskiej Hodowli Buraka Cukrowego w Straszkowie. Cechy fizjologiczne i morfologiczne były mierzone w trakcie wzrostu roślin w tunelach foliowych w doświadczeniach polowych prowadzonych w kolejnych dwóch latach. Warunki suszy były symulowane poprzez ograniczenie podlewania roślin do 30-35% pojemności wodnej gleby przez trzy miesiące, podczas gdy rośliny kontrolne były podlewane optymalnie do 60% pojemności wodnej gleby. Po trzech miesiącach optymalne podlewanie roślin rosnących w warunkach suszy było przywracane, co umożliwiło analizę stopnia regeneracji roślin - bardzo istotnego wskaźnika w ocenie tolerancji roślin na suszę. Po zbiorze oceniono parametry plonu

korzeni i cukru, a także jego jakość (ocena zawartości potasu, sodu i azotu α-aminowego). Długoterminowa susza spowodowała wzrost wartości współczynnika więdnięcia (Wilt.), specyficznej masy liścia (SLW), współczynnika sukulentności (Suc.I), przyśpieszyła procesy starzenia się liści oraz wpłynęła na wzrost stopnia uszkodzenia błon komórkowych (El-l). Niedobór wody powodował obniżenie potencjału osmotycznego liści (ψ_s), wskaźnika powierzchni liści łanu (LAI), absorbcji promieniowania fotosyntetycznie czynnego (PAR) i wydajności aparatu fotosyntetycznego (ΦPSII). Badane formy charakteryzowały się zróżnicowaną i genotypowo specyficzną odpowiedzią fizjologiczną na stres suszy.

W omawianej pracy **H1.1.** (**Chołuj i wsp. 2014**) oszacowano dystans genetyczny dla trzech potomstw wykazujących efekt heterozji (wybranych spośród badanych wcześniej potomstw F1 ośmiu krzyżowań) MS1×P1, MS2×P2 i MS2×P3 oraz ich form rodzicielskich (formy mateczne MS1 i MS2, formy ojcowskie P1, P2 i P3) za pomocą techniki losowej amplifikacji polimorficznych fragmentów DNA (ang. *Random Amplified Polymorphic DNA*, RAPD). Efekt heterozji (jako MPH) był obliczany dla cech roślin rosnących zarówno w warunkach kontrolnych jak i w warunkach suszy. U osobników, stanowiących wspomniane trzy potomstwa, poddanych stresowi suszy stwierdzono wzmocnienie efektu heterozji dla plonu korzenia i cukru w porównaniu do roślin rosnących w warunkach kontrolnych. Wartość dystansu genetycznego form rodzicielskich wahała się w granicach 0,29 do 0,44. Największy dystans genetyczny od pozostałych form rodzicielskich wykazała linia P3. Dystans genetyczny pomiędzy krzyżowanymi parami MS1 i P1, MS2 i P2 oraz MS2 i P3 wyniósł odpowiednio 0,29, 0,28 i 0,37. W warunkach kontrolnych i suszy najwyższy efekt heterozji dla plonu korzeni i cukru stwierdzono dla potomstwa powstałego z krzyżowania pary rodzicielskiej MS1 i P1 wykazującej dystans genetyczny 0,29.

W omawianej pracy dokonano wyboru morfologicznych i fizjologicznych cech wskaźnikowych wraz z oceną różnorodności zasobów genetycznych buraka cukrowego. Uzyskane wyniki pozwoliły ustalić, że cechami statystycznie istotnie pozytywnie skorelowanymi z plonem korzeni i cukru są: podobieństwo genetyczne, ΦPSII, LAI, absorpcja PAR i ψ_s oraz, że mogą być one wykorzystane jako potencjalne kryteria selekcji w hodowli odmian buraka cukrowego tolerancyjnych na suszę. **Wyniki uzyskanych badań zawartych w pracy H1.1. pozwoliły także wytypować genotypy tolerancyjne na suszę, które zostały włączone do programów hodowlanych buraka cukrowego.**

Celem kolejnej pracy H1.2. (**Wiśniewska i wsp. 2019**) było sprawdzenie, czy wśród obiektów rodzaju *Beta* sp., które mogłyby być wykorzystane do krzyżowania z burakiem cukrowym, mogą występować potencjalne źródła korzystnych alleli, które kodują białka odpowiadające za podwyższenie tolerancji na suszę.

W badaniach wykorzystano podwojone haploidy (DH) buraka cukrowego: dwa o podwyższonej (DH0734, DH0962) i dwa o obniżonej tolerancji (DH0726, DH0960) na suszę oraz męskosterylną linię O (NO0835) charakteryzującą się średnim poziomem tolerancji na suszę. Linie podwojonych haploidów zostały wyselekcjonowane spośród 12 linii DH należących do kolekcji Kutnowskiej Hodowli Buraka Cukrowego w Straszkowie w oparciu o wcześniejsze badania wstępne przeprowadzone w warunkach polowych. Oprócz linii buraka cukrowego w eksperymencie przeprowadzonym w warunkach szklarniowych wykorzystano dwa obiekty dzikiego buraka (*Beta vulgaris* ssp. *maritima*) (187786, 187794) oraz sześć obiektów buraka pastewnego (*B. vulgaris* ssp. *vulgaris*) (188285, 188286, 188287, 188288, 188294 i 188655) różniących się plonem i zawartością cukru oraz kształtem i kolorem korzenia. Do analizy dystansu genetycznego wykorzystano dodatkowo dwa gatunki dzikiego buraka: *Patellifolia patellaris* Moq. i *Beta vulgaris* ssp. *macrocarpa*, które ze względu na bardzo słaby wzrost w wazonach mogły być użyte tylko do tej analizy. Zastosowanie gatunków dzikich pozwoliło na oszacowanie zakresu zmienności genetycznej form buraków cukrowych

i pastewnych na tle ich dzikich krewnych. Buraki dzikie i pastewne zostały udostępnione przez Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych, IHAR-PIB, Oddział w Bydgoszczy. Rośliny rosnące w szklarni były podlewane optymalnie do 60% pojemności wodnej gleby, następnie w stadium trzech liści zostały poddane stresowi suszy (podlewanie do 30% pojemności wodnej gleby). Podczas i po zakończeniu wzrostu roślin w warunkach kontrolnych i w suszy wykonano pomiary cech morfologicznych (suchej masy korzeni, suchej masy ogonków liściowych, suchej masy liści, powierzchni blaszki liściowej, specyficznej masy liścia (SLW)) i fizjologicznych (współczynnika sukulentności (Suc.I), potencjału osmotycznego liści (ψ_s), względnej zawartości chlorofilu, względnej zawartości flawonoidów, fluorescencji chlorofilu *a*, absorbcji promieniowania fotosyntetycznie czynnego (PAR) oraz wydajności aparatu fotosyntetycznego (ΦPSII)). Pobrano również materiał do analizy dystansu genetycznego za pomocą techniki RAPD i oszacowania poziomu ekspresji wybranych genów za pomocą techniki reakcji łańcuchowej polimerazy z odwrotną transkrypcją RT-PCR (ang. *reverse-transcription polymerase chain reaction*, RT-PCR).

Na podstawie wyników pomiarów badanych cech morfologicznych i fizjologicznych ustalono wskaźniki tolerancji na suszę (ang. *drought tolerance index*, DTI) i wykazano, że zróżnicowanie genetyczne odpowiedzi na suszę badanych obiektów buraka przejawiało się najsilniej w cechach takich jak powierzchnia liścia, względna zawartość flawonoidów, suche masy poszczególnych organów i specyficzna masa liścia (SLW). Najmniejsze zróżnicowanie genetyczne wykazano dla wydajności aparatu fotosyntetycznego (ΦPSII). Wskaźnik tolerancji na suszę (DTI) jest to stosunek wartości danej cechy uzyskanej w suszy dla pojedynczego genotypu do wartości cechy w warunkach kontrolnych znormalizowany względem stosunku średniej wartości cechy ze wszystkich genotypów uzyskanej w suszy do średniej wartości cechy wszystkich genotypów w warunkach kontrolnych. Opierając się na wskaźnikach DTI do genotypów najbardziej tolerancyjnych na suszę, spośród badanych form buraka, zaliczono dwa genotypy buraka pastewnego (188288, 188655) oraz jedną linię DH (DH0962). Natomiast wśród najmniej tolerancyjnych znalazły się dwie linie DH (DH0726, DH0960) oraz *B. vulgaris* ssp. *maritima* (187786). Ze względu na brak możliwości wskazania jednej lub kilku cech morfologicznych lub fizjologicznych jednoznacznie charakteryzujących genotyp tolerancyjny na suszę podjęto próbę wyłonienia genu/ów, których zmienny poziom ekspresji byłby skorelowany z tolerancją na suszę.

W reakcję roślin na stres suszy zaangażowane są głównie systemy antyoksydacyjny i osmoregulacyjny. Dlatego do analizy poziomów ekspresji genów wybrano piętnaście genów, których produkty uczestniczą w syntezie lub transporcie osmoprotektantów, systemie antyoksydacyjnym i regulacji transkrypcji genów. Analizę przeprowadzono na obiektach wybranych w oparciu o wskaźniki DTI: dwóch tolerancyjnych liniach DH buraka cukrowego (DH0734, DH0962), dwóch liniach podatnych (DH0726, DH0960), linii męskosterylnej O (NO0835), buraku dzikim *B. vulgaris* ssp. *maritima* (187794) i buraku pastewnym (188655).

W warunkach suszy linia DH0962 buraka cukrowego charakteryzowała się podwyższonym poziomem ekspresji genu *BvBADH1*, kodującego dehydrogenazę aldehydu betainy 1 oraz obniżonym poziomem ekspresji genu *BvSD1*, kodującego dysmutazę ponadtlenkową 1, natomiast pozostałe trzynaście badanych genów nie wykazywało istotnych zmian poziomów ekspresji. Podobnie tylko jeden gen, *BvTPP2*, kodujący fosfatazę fosforanu trehalozy 2 ulegał zróżnicowanej ekspresji u buraka pastewnego linii 188655, a pozostałe czternaście nie. Dla linii DH0726 i DH0960, dla których wykazano najniższą tolerancję na suszę, stwierdzono istotne różnice poziomów ekspresji kilku genów (ośmiu i czterech, odpowiednio) pomiędzy warunkami suszy a kontrolnymi. Geny te kodują białka, uczestniczące w syntezie glicyny betainy lub trehalozy, a także dysmutazę ponadtlenkową. Każdy z siedmiu badanych genotypów charakteryzował się unikalnym wzorem zmian ekspresji piętnastu analizowanych w tej pracy genów.

Na podstawie wyników analizy dystansu genetycznego, do której wykorzystano 15 obiektów rodzaju *Beta* sp. stwierdzono, że dystans genetyczny pomiędzy nimi wynosi od 17% do 87%. Dziki gatunek *P. patellaris* wykazywał największy dystans genetyczny wynoszący od 73% do 87% w stosunku do innych obiektów, natomiast gatunek *B. vulgaris* ssp. *macrocarpa* wykazał mniejszy dystans genetyczny pomiędzy 55% a 75%. Zróżnicowanie genetyczne w obrębie genotypów buraka cukrowego wyniosło od 28% do 34%. Najmniejszy dystans genetyczny wynoszący 17% do 34 % stwierdzono dla genotypów buraka pastewnego. Najbardziej tolerancyjna linia buraka cukrowego DH0962 wykazała największe podobieństwo genetyczne do *B. vulgaris* ssp. *maritima* oraz buraka pastewnego 188288. Dystans genetyczny pomiędzy dwoma genotypami *B. vulgaris* ssp. *maritima* (jeden pochodzący z Japonii, a drugi z Holandii) był niski i wynosił 26%. Podobieństwo genetyczne pomiędzy formami buraka cukrowego a pastewnego było wysokie i wyniosło od 68% do 79%. Wyniki te wskazują na dość niską różnorodność genetyczną pomiędzy tymi dwoma formami uprawnymi buraka, a zakres zmienności pomiędzy nimi pokrywa się ze zróżnicowaniem pomiędzy genotypami *B. vulgaris* ssp. *maritima*.

Na podstawie wyników uzyskanych w przedstawianej pracy H1.2., w tym wskaźniki DTI wskazano trzy obiekty buraka pastewnego (188286, 188288 i 188655), które mogą być wykorzystane do krzyżowania z linią tolerancyjną buraka cukrowego celem kumulacji *loci* cech ilościowych i poprawy tolerancji na suszę w ich potomstwie. Krzyżowanie wybranych genotypów buraka cukrowego i buraka pastewnego, o wyższej tolerancji na suszę, jest niewątpliwie łatwiejsze niż krzyżowanie buraka cukrowego z dzikimi formami *B. vulgaris* ssp. *maritima*, a także bardziej opłacalne ze względu na niekorzystne cechy korzeni i inne niepożądane efekty pojawiające się u mieszańców powstałych w wyniku krzyżowania genotypów buraka cukrowego z dzikimi formami *B. vulgaris* ssp. *maritima*. Poza tym, badane obiekty dzikich gatunków buraka charakteryzowały się jednak niższą tolerancją na suszę niż badane formy buraka pastewnego.

II. Analiza funkcjonalna wybranych genów biorących udział w odpowiedzi rzodkiewnika pospolitego na infekcję mątwika burakowego

II.1. Wstęp

Oprócz stresów abiotycznych takich jak susza, wysoka/niska temperatura czy zalanie burak cukrowy jest również narażony i podatny na liczne czynniki stresu biotycznego (Mall i wsp. 2024). Do najważniejszych szkodników buraka cukrowego żerujących i uszkadzających korzenie należą nicienie, a w szczególności mątwik burakowy (*Heterodera schachtii* Schmidt). Odpowiadają one za poważne straty w światowej produkcji buraków cukrowych, a ich masowe pojawienie się jest przyczyną tzw. „wyburaczenia", czyli masowego zamierania porażonych roślin buraka (Thurau i wsp. 2010, Mall i wsp. 2024). Szkody powodowane przez mątwika burakowego w Europie szacuje się na około 90 milionów euro rocznie (Müller 1999). Ten negatywny wpływ na produkcję buraka cukrowego stał się przyczyną mojego zainteresowania się mątwikiem burakowym będącym osiadłym pasożytem korzeni roślin.

Grupa pasożytniczych nicieni glebowych obejmuje ponad cztery tysiące gatunków nicieni o różnym sposobie żerowania, różnym spektrum roślin gospodarzy i różnych cyklach rozwojowych (Wyss 1997). Bez wyjątku, ze względu na środowisko życia (glebę) i brak skutecznych metod ochrony roślin są one bardzo uciążliwymi szkodnikami roślin, w tym uprawnych. Szkody powodowane przez pasożytnicze nicienie glebowe szacuje się, w skali globalnej, na 157 - 358 miliardów dolarów rocznie (Abad i wsp. 2008, Abd-Elgawad i Askary, 2015). Za większość strat w plonach odpowiadają osiadłe nicienie cystowe (mątwiki:

Globodera spp. i *Heterodera* spp.) i guzaki (*Meloidogyne* spp.). Do gatunków nicieni cystowych powodujących największe straty ekonomiczne zalicza się mątwika ziemniaczanego (*G. rostochiensis*) i mątwika agresywnego (*G. pallida*), które atakują rośliny z rodziny psiankowatych (*Solanaceae* Juss.), mątwika sojowego (*H. glycines*) atakującego soję (*Glycine max* (L.) Merr.) i mątwika burakowego (*H. schachtii*) pasożytującego na formach uprawnych buraka i innych szarłatowatych (*Amaranthaceae* Juss.) oraz na roślinach z rodziny kapustowatych (*Brassicaceae* Burnett) (takich jak np. kapusta (*Brassica oleracea* L.), rzepak (*Brassica napus* L.), gorczyca (*Sinapis alba* L.)) w tym na powszechnie występujących chwastach. Spektrum żywicieli mątwika burakowego obejmuje łącznie ponad 200 gatunków (Thurau i wsp. 2010).

Nicienie cystowe (mątwiki), to pasożyty osiadłe, które po wniknięciu do korzenia indukują w nim rozwój wielojądrowego syncytium, które stanowi dla nich jedyne źródło pokarmu. Syncytium powstaje w wyniku częściowej hydrolizy ścian komórkowych prowadzącej do zlewania się protoplastów sąsiadujących komórek (nawet ponad dwustu). Komórki włączane do syncytium są hipertroficznie powiększone i przebudowane ultrastrukturalnie: wzrasta w nich ilość cytoplazmy oraz liczba rybosomów, ciał tłuszczowych, mitochondriów i plastydów. Centralna wakuola zostaje zastąpiona przez liczne małe wakuole. Jądro komórkowe powiększa się i przyjmuje nieregularne kształty. Ściana komórkowa ulega pogrubieniu i tworzą się na niej lokalnie wyrosty transferowe (Sobczak i Golinowski 2011).

W cyklu życiowym nicieni cystowych wyróżnia się cztery stadia larwalne (J1-J4) i zdolne do rozrodu stadium dojrzałe. Larwy stadium J1 rozwijają się wewnątrz jaj i przekształcają w larwy stadium J2, które są jedynym stadium inwazyjnym. Larwy J2 opuszczają osłonki jajowe i rozpoczynają wędrówkę w poszukiwaniu korzeni gospodarza. Infekują korzenie i po dotarciu poprzez wewnętrzne warstwy kory pierwotnej do walca osiowego wybierają pojedynczą komórkę inicjalną syncytium. Po zaindukowaniu zmian metabolicznych w komórce inicjalnej prowadzących do rozwoju syncytium larwy inwazyjne tracą zdolność lokomocji i stają się osiadłe. Wraz z rozwojem syncytium nicienie przechodzą kolejne trzy wylinki i osiągają postać dojrzałą. Dojrzałe samce odzyskują zdolność lokomocji i opuszczają korzeń w poszukiwaniu samic. Samice powiększają swoje wymiary i stają się widoczne na powierzchni korzenia, ale cały czas pobierają pokarm z syncytium. Po kopulacji samice zaczynają produkować jaja, a po zakończeniu owipozycji zamierają. Ich oskórek twardnieje stając się ochronnym workiem (cystą) wypełnionym setkami jaj. Cysty na ogół odpadają od korzenia i mogą pozostawać w glebie w nienaruszonym stanie przez wiele lat (Golinowski i wsp. 1996).

Za indukcję i prawidłowy rozwój syncytium odpowiadają wydzieliny nicieni, które bezpośrednio lub pośrednio zmieniają profil ekspresji genów gospodarza i modyfikują program morfogenetyczny komórek korzenia. W wydzielinach nicienia znajdują się białka (efektory), które są produkowane w gruczołach gardzielowych, ulokowanych po stronie brzusznej i grzbietowej nicienia. Są to zarówno białka modyfikujące i rozluźniające ścianę komórkową (endoglukanazy, pektynazy, ksylanazy czy ekspansyny), białka ochronne nicienia związane z detoksykacją reaktywnych form tlenu, białka hamujące reakcję obronną gospodarza, białka modyfikujące roślinne szlaki transdukcji sygnałów i regulujące transkrypcję genów roślinnych (Haegeman i wsp. 2012). Poznane dotychczas geny roślin, których poziom ekspresji ulega zmianie w wyniku infekcji pasożyta są związane, między innymi, z: reakcjami obronnymi i odpowiedzią roślin na zranienie, cyklem komórkowym, regulacją transkrypcji, modyfikacjami ściany komórkowej, regulacją potencjału osmotycznego, metabolizmem podstawowym i wtórnym oraz syntezą i percepcją hormonów roślinnych (Gheysen i Fenoll 2002, Szakasits i wsp. 2009). Za regulację transkrypcji odpowiadają białka, czynniki transkrypcyjne, posiadające domenę wiążącą do DNA, a dokładnie do krótkich specyficznych regulatorowych sekwencji nukleotydowych *cis*, znajdujących się w promotorach genów (Feller i wsp. 2011).

Nicienie cystowe posiadając zdolność manipulowania ekspresją genów kodujących regulatory transkrypcji, jednocześnie za ich pośrednictwem regulują ekspresję wielu innych genów gospodarza, co jest konieczne dla prawidłowego rozwoju nicieni i syncytium.

Hormony roślinne odgrywają ważną rolę w regulacji procesów rozwojowych, jak również w transdukcji sygnałów związanych z odpowiedzią roślin na stresy biotyczne i abiotyczne. Z odpowiedzią obronną roślin najczęściej związane są kwasy salicylowy (SA) i jasmonowy (JA) oraz etylen (Et) (Wiśniewska i wsp. 2015). Natomiast kwas abscysynowy (ABA) najczęściej jest powiązany z reakcją rośliny na stresy abiotyczne. Rola SA i JA w regulacji odporności uruchamianej wzorcem molekularnym (ang. *pattern-triggered immunity*, PTI) oraz odporności indukowanej efektorami (ang. *effector triggered immunity*, ETI) (opisanych poniżej) została stosunkowo dobrze scharakteryzowana w przypadku patogennych bakterii i grzybów. SA odgrywa znaczącą rolę podczas odpowiedzi roślin na infekcję patogenami biotroficznymi, natomiast JA podczas infekcji patogenami nekrotroficznymi (Glazebrook 2005). Rola ABA w odpowiedzi roślin na czynniki biotyczne jest stosunkowo słabo poznana. Zawartość ABA w korzeniach *A. thaliana* zainfekowanych mątwikiem burakowym została oszacowana przez Kammerhofera i wsp. (2015), którzy wykazali obniżenie stężenia tego hormonu już w pierwszym dniu po infekcji.

Rośliny odporne mogą uaktywniać dwa rodzaje mechanizmów obronnych. Jednym z nich jest odpowiedź obronna (odporność podstawowa, ang. *basal resistance*), PTI, która hamuje rozwój i rozprzestrzenianie się patogenu. Należą tu białka PRRs (ang. *pattern-recognition receptors*) stanowiące pierwszą linię obrony i będące receptorami zlokalizowanymi na powierzchni komórek. Białka te charakteryzują się posiadaniem m. in. domen bogatych w powtórzenia reszt leucynowych (ang. *leucine-rich repeat*, LRR), które rozpoznają wzorce molekularne wytwarzane przez infekujące patogeny (ang. *pathogen-associated molecular patterns*, PAMPs) np. białka wydzielane przez patogen albo produkty rozpadu ścian komórkowych gospodarza (Nürnberger i Lipka, 2005). Ta pierwsza linia obrony może zostać przełamana dzięki efektorom wytwarzanym przez patogeny (Dangl i wsp. 2013). W odpowiedzi na efektory rośliny w ewolucji wytworzyły białka odporności R, będące receptorami wewnątrzkomórkowymi. Białka R posiadają charakterystyczne domeny takie jak NBS-LRR (ang. *nucleotide-binding site-leucine-rich repeats*), NB-ARC (ang. *nucleotide-binding adaptor shared by Apaf-1, R proteins, and CED-4*), a także wysoce zróżnicowane domeny na końcach aminowych jak TIR (ang. *Toll-like/interleukin receptor*), CC (ang. *coiled coil*), RPW8 (ang. *resistance to powdery mildew 8*), AIG1-type G (ang. *avrRpt2-induced*) i inne (Reuber i Ausubel 1996, Arya i Acharya 2018, Dangl i wsp. 2013). Rozpoznanie efektorów przez odpowiednie białka NBS-LRR uruchamia ETI (Dangl i wsp. 2013).

Domeny występujące na końcach aminowych białek R są obecne również w innych białkach, jak np. białkach podobnych do aglutyniny z tytoniu (*Nicotiana tabacum* L.), zwanych również Nictaba (PP2-like) występujących u *A. thaliana* i należących do rodziny lektyn (Eggermont i wsp. 2017). Dla niektórych z nich potwierdzono rolę w odpowiedzi na stresy (Eggermont i wsp. 2018). Poziom ekspresji genów kodujących białka PP2-like ulegał też istotnym zmianom w korzeniach *A. thaliana* zainfekowanych mątwikiem burakowym (Szakasits i wsp. 2009).

Powszechnie stosowane zabiegi agrotechniczne (ugorowanie, zatapianie pól, płodozmian, stosowanie roślin pułapkowych) w walce z nicieniami są nieefektywne i najczęściej nieopłacalne (na przykład przez wyłączenie areału z produkcji). Płodozmian w przypadku zwalczania *H. schachtii* jest wysoce problematyczny biorąc pod uwagę, że 75% roślin kapustowatych i szarłatowatych jest porażanych przez tego szkodnika, w tym ekonomicznie ważne gatunki jak rzepak, kapusta i szpinak (*Spinacia oleracea* L.) (Thurau i wsp. 2010). Poza tym w praktyce rolniczej występuje tendencja do skracania płodozmianu w związku z czym gatunki roślin są uprawiane częściej np. co trzy a nie pięć lat. Metody

chemicznie są wysoce szkodliwe dla środowiska i człowieka a przy tym również mało wydajne, ze względu na bardzo niską przenikalność oskórka nicieni dla związków chemicznych i fakt, że mątwiki pobierają pokarm jedynie z komórek roślinnych. Obecnie nematocydy są wycofane z użycia. Także metody walki biologicznej polegające na stosowaniu naturalnych wrogów nicieni tj. bakterii i grzybów nematofagicznych nie przyniosły, jak dotąd, oczekiwanych efektów (Thurau i wsp. 2010).

Inną metodą walki z nicieniami jest uprawa odmian posiadających naturalne geny odporności *R* (ang. *resistance*), których działanie polega na zahamowaniu rozwoju struktur odżywiających zaindukowanych przez nicienia w korzeniach roślin. Odpowiedź obronna opiera się na reakcji nadwrażliwości prowadzącej do nekrozy komórek wokół nicienia i/lub jego struktury odżywiającej. Jednak dotychczas zmapowano i/lub sklonowano jedynie kilka genów odporności na nicienie z różnych gatunków roślin (Gommers i Bakker 1993, Cai i wsp. 1997, Milligan i wsp. 1998, Van der Vossen i wsp. 2000, Ernst i wsp. 2002, Bakker i wsp. 2004, Paal i wsp. 2004). W hodowli ziemniaka (*Solanum tuberosum* L.) powszechnie wykorzystywany jest gen odporności *H1* warunkujący odporność na *G. rostochiensis* (Bakker i wsp. 2004). Mniej powszechnie wykorzystywane są geny *Gpa2* niosący odporność na *G. pallida* (Van der Vossen i wsp. 2000) oraz *Gro1-4* warunkujący odporność na *G. rostochiensis* (Paal i wsp. 2004). Niestety, odporność warunkowana przez te geny jest gatunkowo wąsko specyficzna i dodatkowo przełamywana przez niektóre populacje nicieni (np. patotyp Ro5; Gommers i Bakker 1993). Pomidor (*Solanum lycopersicum* L.) posiada gen *Mi-1.2* niosący odporność na trzy różne gatunki guzaków z rodzaju *Meloidogyne* (Milligan i wsp. 1998), a także gen *Hero* warunkujący odporność na różne patotypy *G. rostochiensis* i *G. pallida* (Ernst i wsp. 2002).

U buraka cukrowego brak jest genów odporności na *H. schachtii*, ale do jego genomu przeniesiono gen odporności $Hs1^{pro-1}$ z *B. procumbens* (Cai i wsp. 1997). Białko kodowane przez gen $Hs1^{pro-1}$ nie ma budowy typowej dla białek R i działa przypuszczalnie jako receptorowe białko błonowe rozpoznające efektory wytwarzane przez nicienia. Mieszańce pomiędzy *B. vulgaris* a *B. procumbens* pomimo wielokrotnych krzyżowań wstecznych charakteryzowały się znacznie obniżonym wigorem oraz obniżoną wielkością i jakością plonu. Dodatkowo niektóre z wyselekcjonowanych linii o pozytywnych cechach korzeni nie wykazywały pełnej odporności na nicienie (Thurau i wsp. 2010). Dostępne są odmiany buraka cukrowego o podwyższonej tolerancji na nicienie uzyskane dzięki przeniesieniu genów z *B. vulgaris* ssp. *maritima*, ale wytwarzają one niższy plon w porównaniu do odmian całkowicie podatnych (Thurau i wsp. 2010).

Badanie podstaw molekularnych mechanizmów interakcji pomiędzy nicieniem a rośliną jest konieczne do uzyskania roślin tolerancyjnych lub odpornych na szkodniki. Poznanie funkcji genów (genomika funkcjonalna) o ekspresji zmienionej w wyniku pasożytowania szkodnika i odkrycie zależności pomiędzy produktem danego genu, a zdolnością nicienia do rozwoju w korzeniach jest potrzebne do wytypowania genów istotnych dla interakcji roślina - patogen (tzw. genów podatności *S*). Geny podatności *S* (ang. *susceptible*), nazwane tak od reakcji podatnej rośliny żywicielskiej i pełniące w tej reakcji istotną rolę, są przydatne w hodowli odpornościowej roślin. Geny *S* są odpowiedzialne za reakcję kompatybilną, natomiast mutacja w tych genach lub zaburzenie wzoru ich ekspresji może prowadzić do obniżenia podatności roślin. Jednocześnie zmiana wzoru ich ekspresji w strukturach odżywiających nicienie nie może mieć negatywnego wpływu na wielkość i jakość plonu roślin uprawnych. Van Schie i Takken (2014) wyróżniają trzy grupy genów *S*: 1. geny związane z podstawową kompatybilnością (ang. *basic compatibility-related*), odgrywające rolę w pierwszej fazie interakcji roślina - patogen, 2. geny kodujące negatywne regulatory obronnej ścieżki sygnalnej, 3. geny ułatwiające pełny rozwój patogenu. Zasadniczo wszystkie geny rośliny, które ułatwiają infekcję i rozwój patogenów mogą być uznane za geny *S*.

Doskonalenie genotypów i uzyskiwanie nowych odmian roślin wymaga zwiększenia zmienności genetycznej w populacji osobników poddanych selekcji pod względem pożądanej cechy. Zmienność genetyczną można uzyskać na dwa sposoby poprzez krzyżowanie wybranych genotypów wykorzystując zmienność rekombinacyjną albo za pomocą mutagenezy. Mutagenezę przeprowadza się poprzez zastosowanie czynników chemicznych lub fizycznych albo przy pomocy metod inżynierii genetycznej. Obecne technologie pozwalają na wprowadzanie konstrukcji genowych (mutageneza insercyjna), które mogą prowadzić do nadekspresji genu, wyciszenia genu lub uszkodzenia genu (mutacja). Nowe technologie, jak edycja genomu za pomocą specyficznych nukleaz, pozwalają w efekcie końcowym poprzez segregację alleli na wyprowadzenie linii nie zawierających transgenu (Wang i Doudna 2022). Jednakże jakiekolwiek zmiany w obrębie genomu nadające nowe, korzystne cechy roślinom uprawnym muszą być poprzedzone wieloletnimi pracami badawczymi nad ustaleniem funkcji genów.

Badania podstawowe z zakresu genomiki funkcjonalnej zawarte w kolejnych pracach naukowych włączonych do **osiągnięcia naukowego 1. (H1.3. – H1.6.)**. zostały przeprowadzone na roślinie modelowej rzodkiewniku pospolitym (*Arabidopsis thaliana* ekotyp Columbia, Col-0), który jest od wielu lat wykorzystywany w badaniach podłoża genetycznego i molekularnego odpowiedzi roślin w czasie kompatybilnej interakcji z mątwikiem burakowym.

II.2. Omówienie wyników i ich ewentualnego wykorzystania

Celem prac naukowych **H1.3. – H1.6.** była analiza funkcjonalna wybranych genów, które zidentyfikowano jako potencjalne geny podatności *S*. Geny te wybrano w oparciu o wyniki analizy porównawczej transkryptomów syncytiów zaindukowanych w korzeniach *A. thaliana* przez *H. schachtii* (Szakasits i wsp. 2009). Spośród genów, których ekspresja zmienia się w czasie infekcji korzeni przez mątwika burakowego wybrano geny kodujące czynniki transkrypcyjne *AtMyb59* (**H1.3.**) oraz *AtHRS1* (**H1.4.**), geny kodujące białka związane z metabolizmem i szlakiem przekazywania sygnału ABA (**H1.5.**) oraz geny *AtPP2-A3* i *AtPP2-A8*, kodujące domenę lektynową i domeny charakterystyczne dla białek R (**H1.6.**). Wybrane geny charakteryzowały się zróżnicowanym poziomem ekspresji w korzeniach podczas rozwoju syncytium i nicienia w porównaniu do korzeni nieinfekowanych. W badaniach roli wybranych genów w odpowiedzi na atak mątwika wykorzystano mutanty insercyjne T-DNA i/lub rośliny transgeniczne z konstrukcjami nadekspresyjnymi lub konstrukcjami z genami reporterowymi pozwalającymi na analizę aktywności promotorów badanych genów. Podatność linii transgenicznych *A. thaliana* na mątwika burakowego szacowano w oparciu o liczbę samic, które były w stanie przejść cały cykl rozwojowy żywiąc się na ich korzeniach w porównaniu do liczby samic rozwijających się w korzeniach roślin typu dzikiego.

W pracy **H1.3.** (**Wiśniewska i wsp. 2021**) badano rolę genu *AtMYB59,* kodującego przypuszczalny czynnik transkrypcyjny z rodziny MYB, w interakcji *A. thaliana – H. schachtii*. Potwierdzono, że poziom jego ekspresji ulega obniżeniu w syncytiach po 5 i 15 dniach po infekcji (dpi). Na podstawie wyników analizy aktywności dwóch fragmentów promotora genu *AtMYB59* stwierdzono, że jest on indukowany głównie w korzeniach, a w korzeniach zainfekowanych nicieniem aktywność promotora genu *AtMYB59* jest hamowana w rozwijającym się syncytium. Rośliny z nadekspresją genu *AtMYB59* charakteryzowały się obniżoną podatnością, a także zaburzonym rozwojem syncytiów, natomiast mutanty tego genu były bardziej podatne na mątwika burakowego. Dodatkowo potwierdzono, że transkrypcja genu *AtMYB59* jest indukowana w liściach po traktowaniu roślin ABA. Na podstawie analiz ultrastruktury syncytiów rozwijających się w korzeniach linii z nadekspresją o obniżonej podatności wykazano, że nadekspresja tego genu powoduje zahamowanie wzrostu syncytium

oraz degradację jego organelli komórkowych. Podsumowując, stwierdzono, że obniżenie poziomu ekspresji genu *AtMYB59* ma istotne znaczenie dla prawidłowego rozwoju syncytiów indukowanych przez *H. schachtii* w korzeniach *A. thaliana*.

W publikacji **H1.4.** (**Wiśniewska i wsp. 2022**) opisano wyniki dotyczące analizy funkcji genu *AtHRS1*, kodującego czynnik transkrypcyjny (zawierający domenę podobną do MYB) z rodziny GARP w odpowiedzi *A. thaliana* na porażenie *H. schachtii*. Poziom transkrypcji *AtHRS1* ulegał obniżeniu w korzeniach infekowanych nicieniem w 5 i 15 dpi. Nadekspresja genu *AtHRS1* prowadziła do zaburzenia rozwoju syncytiów i powodowała znaczący spadek liczby samic. Mutant *hrs1* wykazał natomiast podwyższoną podatność. Analiza ekspresji genu *AtHRS1* w liściach i w korzeniach roślin nieinfekowanych, traktowanych hormonami roślinnymi wykazała, że poziom transkrypcji genu *AtHRS1* ulega podwyższeniu w korzeniach po potraktowaniu ich estrem metylowym kwasu jasmonowego (MeJA). Analizie ekspresji poddano więc wybrane geny, których produkty są związane z metabolizmem i transdukcją sygnału kwasu jasmonowego (JA), *AtAOC1* (*ALLENE OXIDE CYCLASE 1*), *AtAOC2* (*ALLENE OXIDE CYCLASE 2*), *At2OG* (*2-OXO GLUTARATE* (*2OG*) i *Fe*(*II*)*-DEPENDENT OXYGENASE SUPERFAMILY PROTEIN*), *AtJAZ10* (*JASMONATE ZIM-DOMAIN 10*) i *AtJRG21* (*JASMONATE-REGULATED GENE 21*). Białka AtAOC1 i AtAOC2 uczestniczą w ostatnim etapie syntezy JA w chloroplastach, podczas gdy oksygenazy At2OG (JOX4) i AtJRG21 (JOX3) hydroksylują JA do 12OH-JA zapobiegając akumulacji JA (Caarls i wsp. 2017). Natomiast białka JAZ są negatywnymi regulatorami genów indukowanych przez JA (Cerrudo i wsp. 2012). Wymienione geny miały podwyższony poziom ekspresji w 10-dniowych syncytiach rozwijających się na korzeniach roślin typu dzikiego i mutanta, w przeciwieństwie do korzeni z nadekspresją genu *AtHRS1*, w których nie stwierdzono akumulacji ich transkryptów. Analiza ultrastruktury syncytiów w korzeniach roślin typu dzikiego i mutantów wykazała, że są one zbudowane i rozwijają się podobnie. Natomiast syncytia zaindukowane w korzeniach roślin z nadekspresją *AtHRS1* były zahamowane w rozwoju z powodu niższej liczby komórek włączanych do syncytium, ich słabszej hipertrofii i niższej liczbie otworów powstających w ścianach komórkowych pomiędzy elementami syncytium. Na podstawie wyników badań zawartych w pracy **H1.4.** stwierdzono, że obniżenie poziomu transkrypcji genu *AtHRS1* jest niezbędne do prawidłowego rozwoju syncytium.

Celem pracy naukowej **H1.5.** (**Różańska i wsp. 2023**) było zbadanie czy mutacje wybranych genów związanych z katabolizmem i szlakiem transdukcji sygnału ABA mają wpływ na wczesne etapy infekcji korzeni *A. thaliana* przez mątwika burakowego w 2 i 4 dpi. Aby odpowiedzieć na to pytanie przeprowadzono testy infekcyjne na roślinach typu dzikiego i mutantach genów *ABI1* (*ABA-INSENSITIVE 1*), *ABI2* (*ABA-INSENSITIVE 2*), *ABI5* (*ABA-INSENSITIVE 5*), *PYL5* (*PYRABACTIN RESISTANCE 1* (*PYR1*)*-like 5*), *PYL6* (*PYRABACTIN RESISTANCE 1* (*PYR1*)*-like*), *CYP707A1* (*CYTOCHROME P450 MONOOXYGENASE 707A1*) i *CYP707A4* (*CYTOCHROME P450 MONOOXYGENASE 707A4*) oraz analizowano poziom ich ekspresji w zainfekowanych korzeniach. Na podstawie wyników badań stwierdzono, że poziom akumulacji transkryptów genów *ABI2*, *ABI5* (kodujących białka uczestniczące w ścieżce sygnalnej ABA) i *CYP707A4* (kodujący enzym biorący udział w metabolizmie ABA) był podwyższony w strukturach odżywiających nicienia w 4 dpi, natomiast poziom ekspresji genów *PYL5* i *PYL6* (kodujących receptory ABA) był obniżony. Mutacje w genach *ABI1*, *ABI2, ABI5*, *CYP707A1* i *CYP707A4* prowadziły do obniżenia podatności roślin, natomiast mutacje w genach *PYL5* i *PYL6* nie miały wpływu na liczbę rozwijających się samic mątwika. W oparciu o uzyskane wyniki stwierdzono, że zmiany w poziomach ekspresji genów *ABI1*, *ABI2, ABI5*, *CYP707A1* i *CYP707A4* mają znaczenie dla właściwego rozwoju mątwika burakowego w korzeniach *A. thaliana*.

Rola białek PP2-like w odpowiedzi roślin na nicienie pasożytnicze nie jest dokładnie poznana, dlatego też **celem pracy** badawczej **H1.6.** (**Wojszko i wsp. 2023**) była szczegółowa analiza funkcjonalna genów *AtPP2-A3* i *AtPP2-A8* u *A. thaliana* w odpowiedzi na infekcję mątwikiem burakowym. Spośród 30 genów kodujących białka Nictaba występujących u *A. thaliana* wybrano dwa do szczegółowej analizy w oparciu o występowanie domen (oprócz domeny lektynowej) charakterystycznych dla białek R oraz ich obniżoną ekspresję w syncytiach: *AtPP2-A3* i *AtPP2-A8*. Białko AtPP2-A3 wykazuje podobieństwo do białka związanego z odpowiedzią obronną AIG1, które zawiera domenę G (ang. *AIG1-type G domain*) występującą w GTPazach (Reuber i Ausubel 1996). Białko AtPP2-A8 posiada domenę Toll/Il-1R (TIR) wykazującą wysokie podobieństwo do domeny TIR występującej u białka N nadającego odporność na wirusa mozaiki tytoniu (TMV) u *Nicotiana glutinosa* (Whitham i wsp. 1994). Do analiz wykorzystano transgeniczne linie *A. thaliana* z nadekspresją wybranych genów, ich mutanty, a także linie z konstrukcją reporterową *GFP* lub β-glukuronidazą pod kontrolą promotora natywnego danego genu. Poziom ekspresji obu genów *AtPP2-A3* i *AtPP2-A8* ulegał istotnemu obniżeniu w korzeniach zainfekowanych. Poziom akumulacji transkryptów *AtPP2-A3* i *AtPP2-A8* badano również w korzeniach nieinfekowanych potraktowanych hormonami. Akumulacja transkryptów *AtPP2-A3* obniżała się istotnie po traktowaniu roślin JA, MeJA i ABA w porównaniu z kontrolą. Poziom ekspresji genu *AtPP2-A8* nie zmieniał się po traktowaniu JA i MeJA, natomiast wzrastał w korzeniach traktowanych SA i ABA. Wyniki te sugerują, że regulacja ekspresji badanych genów jest odmienna. Przestrzenny wzór ekspresji genów *AtPP2-A3* i *AtPP2-A8* był podobny w organach i tkankach nieinfekowanych siewek *A. thaliana*. Promotory obu genów nie były aktywne w liściach, pędach kwiatostanowych, pąkach kwiatowych, kwiatach i łuszczynach. W nieinfekowanych korzeniach aktywność promotorów obu genów była wysoka. W korzeniach zainfekowanych nie stwierdzono aktywności promotorów obu genów w miejscach infekcji i rozwijających się syncytiach. Zastosowanie konstrukcji genowych, dzięki którym powstawały białka fuzyjne pozwoliło na określenie lokalizacji białek bardziej szczegółowo. W roślinach nieinfekowanych obecność białka AtPP2-A3-GFP stwierdzono w cytoplazmie komórek ryzodermy, natomiast białko AtPP2-A8-GFP było obecne w cytoplazmie i jądrach komórkowych komórek ryzodermy i miękiszu kory pierwotnej korzeni *A. thaliana*. Po infekcji synteza białek była obniżona w elementach syncytiów i w komórkach je otaczających. Obecność białka AtPP2-A8 w jądrach komórkowych może sugerować jego rolę w regulacji transkrypcji. Mutacje w genach *AtPP2-A3* i *AtPP2-A8* powodowały obniżenie liczby infekcji w 5 dpi oraz liczby samic w 15 dpi w porównaniu do roślin typu dzikiego. Natomiast nadekspresja tych genów powodowała wzrost liczby samic w 15 dpi. Na podstawie uzyskanych wyników stwierdzono, że obniżenie poziomu ekspresji obu genów obniża podatność *A. thaliana* na infekcję mątwikiem burakowym i że geny te mają istotne znaczenie w interakcji pomiędzy rośliną a mątwikiem burakowym.

Dzięki przeprowadzeniu analizy funkcjonalnej wybranych genów i uzyskaniu wyników opisanych w artykułach naukowych **H1.3. – H1.6.**, ustalono, że dziewięć genów spośród zbadanych jedenastu odgrywa istotną rolę w odpowiedzi *A. thaliana* (rośliny modelowej) na atak mątwika burakowego. **Wiedza ta może być wykorzystana do dalszych badań ortologów u roślin użytkowych, takich jak burak cukrowy czy roślin z rodziny kapustowatych.** W pierwszej kolejności należałoby przetestować geny, których mutacje powodują obniżenie podatności *A. thaliana* na mątwika (*ABI1*, *ABI2, ABI5*, *CYP707A1*, *CYP707A4*, *AtPP2-A3* i *AtPP2*-A8), aby potwierdzić ich rolę u innego gatunku w interakcji roślina - patogen i sprawdzić czy nie powodują one niepożądanych efektów ubocznych w postaci strat w plonach. Kumulacja mutacji kilku genów może znacząco obniżyć podatność

roślin użytkowych na atak mątwika burakowego, co przy dotychczasowym stanie naszej wiedzy wydaje się być jednym z lepszych rozwiązań otrzymywania odmian o podwyższonej tolerancji na patogeny.

Podsumowując, do najważniejszych dokonań uzyskanych dzięki pracom badawczym zawartym w osiągnięciu naukowym 1. zaliczam:

- ustalenie potencjalnych wskaźników pozytywnie skorelowanych z plonem korzeni i cukru, które mogą być wykorzystane w selekcji form buraka cukrowego tolerancyjnych na suszę: podobieństwo genetyczne, ΦPSII, LAI, absorpcja PAR i ψ_s oraz wytypowanie genotypów tolerancyjnych, które mogły być włączone do programu hodowlanego,

- ustalenie zakresu dystansu genetycznego: 0,28 - 0,37 dla form rodzicielskich buraka cukrowego, w którego obrębie potomstwo wykazało efekt heterozji, co może być wykorzystywane w dobrze genotypów do krzyżowania w hodowli heterozyjnej,

- identyfikację różnic pomiędzy formami tolerancyjnymi i podatnymi buraka cukrowego na suszę w postaci unikalnych zmian wzorów ekspresji genów w warunkach kontrolnych i suszy,

- oszacowanie dystansu genetycznego pomiędzy formami buraka dzikiego, pastewnego i cukrowego oraz wykazanie, że zakres zmienności genetycznej pomiędzy burakiem cukrowym a pastewnym i *B. maritima* jest stosunkowo wąski.

- wskazanie genotypów buraka pastewnego, które potencjalnie mogą być wykorzystane do krzyżowania z linią tolerancyjną buraka cukrowego dla uzyskania kumulacji *loci* cech ilościowych i poprawy tolerancji na suszę,

- potwierdzenie za pomocą metod genomiki funkcjonalnej roli następujących genów *A. thaliana*: *AtMYB59*, *AtHRS1*, *AtABI1*, *AtABI2*, *AtABI5*, *AtCYP707A1*, *AtCYP707A4*, *AtPP2-A3* i *AtPP2-A8* w interakcji *A. thaliana* z mątwikiem burakowym,

- potwierdzenie udziału hormonów stresowych: JA, SA i ABA w regulacji transkrypcji genów *AtMYB59*, *AtHRS1*, *AtPP2-A3* i *AtPP2-A8*,

- potwierdzenie roli ABA w interakcji *A. thaliana* – mątwik burakowy,

- potwierdzenie roli genu *AtHRS1* w regulacji wybranych elementów syntezy i transdukcji sygnału JA: *AtAOC1*, *AtAOC2*, *At2OG*, *AtJAZ10* i *AtJRG21*.

Literatura

Abad P, Gouzy J, Aury JM, Castagnone-Sereno P, Danchin EG i wsp. (2008) Genome sequence of the metazoan plant-parasitic nematode *Meloidogyne incognita*. *Nat Biotechnol* 26: 909-915.

Abd-Elgawad MMM, Askary TH (2015) Impact of phytonematodes on agriculture economy. W: Biocontrol Agents of Phytonematodes (red Askary TH i Martinelli PRP), str. 3–49, CAB International.

Arya P, Acharya V (2018) Plant STAND P-loop NTPases: a current perspective of genome distribution, evolution, and function. *Mol Genet Genom* 293: 17-31.

Ashraf M, Foolad MR (2007) Roles of glycine betaine and proline in improving plant abiotic stress resistance. *Environ Exp Bot* 59: 206-216.

Bakker E, Achenbach U, Bakker J, van Vliet J, Peleman J, Segers B, van der Heijden S, van der Linde P, Graveland R, Hutten R, van Eck H, Coppoolse E, van der Vossen E, Bakker J, Goverse A (2004) A high-resolution map of the *H1* locus harbouring resistance to the potato cyst nematode *Globodera rostochiensis*. *Theor Appl Genet* 109: 146-152.

Cai D, Kleine M, Kifle S, Harloff HJ, Sandal NN, Marcker KA, Klein-Lankhorst RM, Salentijn EM, Lange W, Stiekema WJ, Wyss U, Grundler FM, Jung C (1997) Positional cloning of a gene for nematode resistance in sugar beet. *Science* 275: 832-834.

Caarls L, Elberse J, Awwanah M, Ludwig NR, de Vries M, Zeilmaker T, Van Wees SCM, Schuurink RC, Van den Ackerveken G (2017) *Arabidopsis* JASMONATE-INDUCED OXYGENASES down-regulate plant immunity by hydroxylation and inactivation of the hormone jasmonic acid. *Proc Natl Acad Sci USA* 114: 6388-6393.

Cerrudo I, Keller MM, Cargnel MD, Demkura PV, de Wit M, Patitucci MS, Pierik R, Pieterse CMJ, Ballare CL (2012) Low red/far-red ratios reduce *Arabidopsis* resistance to *Botrytis cinerea* and jasmonate responses via a COI1-JAZ10- dependent, salicylic acid-independent mechanism. *Plant Physiol* 158: 2042-2052.

Chołuj D, Karwowska R, Ciszewska A, Jasińska M (2008) Influence of long-term drought stress on osmolyte accumulation in sugar beet (*Beta vulgaris* L.) plants. *Acta Physiol Plant* 30: 679-687.

Dangl JL, Horvath DM, Staskawicz BJ (2013) Pivoting the plant immune system from dissection to deployment. *Science* 341: 746-751.

East EM, Hayes HK (1912) Heterozygosis in evolution and in plant breeding. U.S. Government Printing Office: Washington, WA, USA.

Eggermont L, Verstraeten B, Van Damme EJM (2017) Genome-wide screening for lectin motifs in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Genome* 10(2).

Eggermont L, Stefanowicz K, Van Damme EJM (2018) Nictaba homologs from *Arabidopsis thaliana* are involved in plant stress responses. *Front Plant Sci* 8: 02218.

Ernst K, Kumar A, Kriseleit D, Kloos DU, Phillips MS, Ganal MW (2002) The broad-spectrum potato cyst nematode resistance gene (*Hero*) from tomato is the only member of a large gene family of NBS-LRR genes with an unusual amino acid repeat in the LRR region. *Plant J* 31: 127-136.

Feller A, MacHemer K, Braun EL, Grotewold E (2011) Evolutionary and comparative analysis of MYB and bHLH plant transcription factors. *Plant J* 66: 94-116.

Francis SA (2006) Development of sugar beet. W: Sugar beet (red. Draycott AP), str. 9-29, Blackwell Publishing Ltd, Oxford, UK.

Glazebrook J (2005) Contrasting mechanisms of defense against biotrophic and nectrophic pathogens. *Annu Rev Phytopathol* 43: 205-227.

Gheysen G, Fenoll C (2002) Gene expression in nematode feeding sites. *Annu Rev Phytopathol* 40: 191-219.

Golinowski W, Grundler FMW, Sobczak M (1996) Changes in the structure of *Arabidopsis thaliana* during female development of the plant-parasitic nematode *Heterodera schachtii*. *Protoplasma* 194: 103-116.

Gommers FJ, Bakker J (1993) Biotechnology in nematology. W: Modern crop protection: developments and perspectives (red. Zadoks JC), Wageningen Press, Wageningen.

Haegeman A, Mantelin S, Jones JT, Gheysen G (2012) Functional roles of effectors of plant-parasitic nematodes. *Gene* 492: 19-31.

Hochholdinger F, Hoecker N (2007) Towards the molecular basis of heterosis. *Trends Plant Sci* 12: 427-432.

Jones PD, Lister DH, Jaggard KW, Pidgeon JD (2003) Future climate impact on the productivity of sugar beet (*Beta vulgaris* L.) in Europe. *Climatic Change* 58: 93-108.

Kammerhofer N, Radakovic Z, Regis JMA, Dobrev P, Vankova R, Grundler FM, Siddique S, Hofmann J, Wieczorek K (2015) Role of stress-related hormones in plant defence during early infection of the cyst nematode *Heterodera schachtii* in *Arabidopsis*. *New Phytol* 207: 778-789.

Mall AK, Srivastava S, Mulet JM i wsp. (2024) Sugar beet special issue: Biotechnology and breeding techniques for stress-resistant sugar beet. *Sugar Tech* 26: 1195-1198.

Milligan SB, Bodeau J, Yaghoobi J, Kaloshian I, Zabel P, Williamson VM (1998) The root knot nematode resistance gene *Mi* from tomato is a member of the leucine zipper, nucleotide binding, leucine-rich repeat family of plant genes. *Plant Cell* 10: 1307-1319.

Müller J (1999) The economic importance of *Heterodera schachtii* in Europe. *Helminthologia* 36: 205–213.

Noctor G, Mhamdi A, Foyer C (2014) The roles of reactive oxygen metabolism in drought: not so cut and dried. *Plant Physiol* 164: 1636-1648.

Nürnberger T, Lipka V (2005) Non-host resistance in plants: new insights into an old phenomenon. *Mol Plant Pathol* 6: 335-345.

Paal J, Henselewski H, Muth J, Meksem K, Menendez CM, Salamini F, Ballvora A, Gebhardt C (2004) Molecular cloning of the potato *Gro1-4* gene conferring resistance to pathotype Ro1 of the root cyst nematode *Globodera rostochiensis,* based on a candidate gene approach. *Plant J* 38: 285-297.

Pidgeon JD, Werker AR, Jaggard KW, Richter GM, Lister DH, Jones PD (2001) Climatic impact on the productivity of sugar beet in Europe, 1961–1995. *Agr Forest Meteor* 109: 27-37.

Reuber TL, Ausubel FM (1996) Isolation of *Arabidopsis* genes that differentiate between resistance responses mediated by the *RPS2* and *RPM1* disease resistance genes. *Plant Cell* 8: 241-249.

Sies H (2018) On the history of oxidative stress: Concept and some aspects of current development. *Curr. Opin. Toxicol.* 7: 122-126.

Sobczak M, Golinowski W (2011) Cyst nematodes and syncytia. W: Genomics and molecular genetics of plant-nematode interactions (red. Gheysen G, Fenoll C, Jones JT), str. 61-82, Springer, Berlin.

Szakasits D, Heinen P, Wieczorek K, Hofmann J, Wagner F, Kreil DP, Sykacek P, Grundler FM, Bohlmann H (2009) The transcriptome of syncytia induced by the cyst nematode *Heterodera schachtii* in *Arabidopsis* roots. *Plant J* 57: 771-784.

Thurau T, Ye W, Menkhaus J, Knecht K, Tand G, Cai D (2010) Plant nematode control. *Sugar Tech* 12: 229-237.

Whitham S, Dinesh-Kumar SP, Choi D i wsp. (1994) The product of the tobacco mosaic virus resistance gene *N*: similarity to toll and the interleukin-1 receptor. *Cell* 78: 1101-1115.

Wiśniewska A, Kamińska K, Nawrocka K, Sobczak M (2015) Rola kwasów salicylowego i jasmonowego w odpowiedzi roślin na mątwiki i guzaki. *Postępy Biol. Komórki* 42: 743-764.

Würschum T, Zhu X, Zhao Y, Jiang Y, Reif JC, Maurer HP (2023) Maximization through optimization? On the relationship between hybrid performance and parental genetic distance. *Theor Appl Genet* 136, 186.

Wyss U (1997) Root parasitic nematodes: an overview. W: Cellular and molecular aspects of plant nematode interactions (red. Fenoll C, Grundler FMW, Ohl SA), str. 5-24, Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, The Netherlands.

Van der Vossen EA, van der Voort JN, Kanyuka K, Bendahmane A, Sandbrink H, Baulcombe DC, Bakker J, Stiekema WJ, Klein-Lankhorst RM (2000) Homologues of a single resistance-gene cluster in potato confer resistance to distinct pathogens: a virus and a nematode. *Plant J* 23: 567-576.

Van Schie CC, Takken FL (2014) Susceptibility genes 101: How to be a good host. *Annu Rev Phytopathol* 52: 551-581.

4.2. Osiągnięcie naukowe 2.

4.2.1. Tytuł osiągnięcia naukowego 2.
Analiza promotorów genów pomidora indukowanych podczas interakcji roślina – nicień i ich potencjalne biotechnologiczne zastosowanie

4.2.2. Publikacja wchodząca w skład osiągnięcia naukowego 2.
(*autorzy, rok wydania, tytuł publikacji, nazwa wydawnictwa*)

Oznaczenia:
- ***autor korespondencyjny**
- IF – Impact Factor
- Pkt.– punkty według wykazu czasopism naukowych Ministra Nauki (obejmujące Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego oraz Ministerstwo Edukacji i Nauki)
- Liczba cytowań i kwartyl zostały podane wg Web Of Science Core Collection 12.03.2025

H2.1. Wiśniewska A*, Dąbrowska-Bronk J, Szafrański K, Fudali S, Swięcicka M, Czarny M, Wilkowska A, Morgiewicz K, Matusiak J, Sobczak M, Filipecki M **(2013)** Analysis of tomato gene promoters activated in syncytia induced in tomato and potato hairy roots by *Globodera rostochiensis*. *Transgenic Res* 22: 557-569. https://doi.org/10.1007/s11248-012-9665-4

IF $_{2013}$ = 2,281	Pkt.$_{2013}$ = 25	Kwartyl – Q2
IF $_{2023}$ = 2,7	Pkt.$_{2024}$ = 70	Liczba cytowań: 11

Opracowanie koncepcji badań, przygotowanie wniosku o finansowanie projektu badawczego, zaplanowanie eksperymentów, koordynowanie eksperymentów, udział w eksperymentach (transformacja roślin, infekcja korzeni mątwikiem ziemniaczanym, analiza aktywności β-glukuronidazy, projektowanie starterów, obserwacje i wykonanie fotografii), opracowanie wyników, zaplanowanie manuskryptu i napisanie manuskryptu, kontakt z wydawnictwem i udzielenie odpowiedzi na recenzje.

4.2.3. Omówienie celu naukowego osiągnięcia naukowego 2. i uzyskanych wyników wraz z omówieniem ich ewentualnego wykorzystania

Wstęp

Uzyskanie odporności lub podwyższenie tolerancji roślin na patogeny i szkodniki można otrzymać poprzez wprowadzenie genów odporności, genów związanych z patogenezą lub też genów kodujących białka toksyczne dla patogenu na drodze modyfikacji genetycznej. Takie podejście musi opierać się na kompleksowej wiedzy dotyczącej nie tylko roli białka, którego sekwencja kodująca jest wprowadzana do genomu rośliny, ale także na temat mechanizmów działania sekwencji regulatorowych genów (promotorów) oraz określenia miejsca i siły ich aktywności. Promotory genów, posiadając odpowiedni i unikatowy zestaw elementów regulatorowych *cis*, do których wiążą się białka regulatorowe (czynniki transkrypcyjne), odpowiadają za regulację ekspresji genów. Promotory genów wykorzystywane do tworzenia konstrukcji genowych do transformacji roślin, w zależności od potrzeb mogą być konstytutywne lub specyficzne. Promotory konstytutywne genów (jak np. *35S*, *rol*, czy *T-cyt*) są najczęściej wykorzystywane do uzyskiwania roślin transgenicznych, ale nie zawsze są aktywowane w miejscach infekcji (Goddijn i wsp. 1993).

Promotory tkankowo- i czasowo-specyficzne posiadają aktywność ograniczoną czasowo i przestrzennie do określonych organów i komórek. Promotory indukowane są aktywowane specyficznymi czynnikami np. obecnością patogena. Promotory indukowane i tkankowo-specyficzne mają dodatkową zaletę, polegającą na uniknięciu skutków ubocznych w przypadku konieczności użycia genu związanego z odpornością, ale zaburzającego w pewnym stopniu metabolizm komórek, w tym komórek niezainfekowanych. Poznanie sekwencji regulatorowych określonych genów pozwala także na wykorzystanie ich fragmentów do tworzenia sztucznych promotorów o innym wzorze ekspresji niż ich formy wyjściowe (Rushton i wsp. 2002, Gurr i Rushton 2005).

Promotory tkankowo-specyficzne mogą być też wykorzystane w metodach służących do analizy ekspresji genów jak np. TRAP-seq (ang. *translating ribosome affinity purification* (TRAP) *followed by RNA sequencing*) i INTAC (ang. *isolation of nuclei tagged in specific cell types*) (Deal i Henikoff 2011, Sablok i wsp. 2017). Metody te pozwalają na badanie translatomów, czyli ustaleniu, które transkrypty zsyntetyzowane w komórce rzeczywiście ulegają translacji. Do genomu rośliny wprowadza się konstrukcję genową zawierającą sekwencję kodującą białko znakowane etykietą (stanowiące element dużej podjednostki rybosomu lub otoczki jądrowej) będącą pod kontrolą promotora specyficznego dla komórek, dla których przeprowadza się analizę zróżnicowanej ekspresji genów. Poprzez izolację rybosomów ze związanym mRNA lub jąder komórkowych zawierających mRNA uzyskuje się pulę RNA specyficzną dla konkretnych komórek (Deal i Henikoff 2011, Reynoso i wsp. 2022). Do zastosowania metod TRAP-seq i INTAC w przypadku analizy genów ulegających ekspresji w komórkach korzeni, czy w miejscach infekcji powodowanych przez patogeny i szkodniki mogą być wykorzystane korzenie włośnikowate pomidora uzyskiwane poprzez transformację za pomocą *Agrobacterium rhizogenes* (obecnie *Rhizobium rhizogenes*) (Ron i wsp. 2014).

Mątwik ziemniaczany jest szkodnikiem kwarantannowym powodującym poważne straty w uprawach ziemniaka (*Solanum tuberosum* L.), pomidora i innych gatunków roślin psiankowatych (*Solanaceae* Juss.). Znaczenie nicieni pasożytujących na roślinach, cykl rozwojowy nicieni cystowych oraz poznane do tej pory geny odporności *R* i mechanizmy odporności na patogeny u roślin typu PTI i ETI zostały opisane powyżej przy omawianiu prac **H1.3. – H1.6** zawartych w **osiągnięciu naukowym 1**.

<u>Celem naukowym osiągnięcia naukowego 2.</u> była analiza aktywności promotorów genów pomidora (*Solanum lycopersicum* L.) w syncytiach zaindukowanych przez mątwika ziemniaczanego (*Globodera rostochiensis*) w korzeniach pomidora lub korzeniach ziemniaka oraz ewaluacja ich potencjalnego zastosowania w udoskonalaniu roślin na drodze transformacji genetycznej oraz w nowych technologiach badania zróżnicowanej ekspresji genów.

Omówienie wyników i ich ewentualnego wykorzystania

W pracy **H2.1. <u>(Wiśniewska i wsp. 2013)</u>** do analiz wybrano promotory genów *CYP97A29* (*CYTOCHROME P450 MONOOXYGENASE 97A29*), *DFR* (*DIHYDROFLAVONOL-4-REDUCTASE*), *FLS* (*FLAVONOL SYNTHASE / FLAVANONE 3-HYDROXYLASE*), *NIK* (*NEMATODE INDUCED KINASE PROTEIN*) i *PMEI* (*INVERTASE / PECTIN METHYLESTERASE INHIBITOR*) w oparciu o wyniki wcześniejszych badań dotyczących interakcji pomidor – mątwik ziemniaczany (Swiecicka i wsp. 2009) oraz podobieństwo do białek biorących udział w odpowiedzi roślin na czynniki stresowe. Gen *CYP97A29* koduje monooksygenazę P450, biorącą udział w syntezie m. in. flawonoidów i antyoksydantów oraz bierze udział w odpowiedzi obronnej (Kahn i Durst 2000, Hwang i Hwang 2010). Geny *DFR*, *FLS*, *NIK* i *PMEI* nie były opisane wcześniej w literaturze

naukowej dla pomidora i kodują odpowiednio przypuszczalne białka: reduktazę dihydroflawonolową, hydroksylazę flawanonu/syntazę flawonolu, białko z domeną kinazy oraz inhibitor metyloesterazy/inwertazy pektynowej. DFR i FLS są enzymami biorącymi udział w syntezie flawonoidów, wtórnych metabolitów biorących udział w odpowiedzi obronnej roślin na patogeny (Wasson i wsp. 2006), a także akumulowanych w odpowiedzi na nicienie (Hutangura i wsp. 1999, Jones i wsp. 2007). Wykazano również pozytywną rolę białek PMEI w odpowiedzi obronnej na patogenne grzyby (Lionetti i wsp. 2007, An i wsp. 2008). Sekwencje DNA promotorów wspomnianych genów zostały sklonowane metodą gniazdowego PCR (ang. *nested PCR*), zsekwencjonowane, a następnie poddane analizie bioinformatycznej mającej na celu identyfikację elementów regulatorowych *cis*. Konstrukcje genowe do transformacji roślin zawierały gen kodujący β-glukuronidazę (GUS) pod kontrolą jednego z wymienionych promotorów genów.

Analiza bioinformatyczna sekwencji promotorowych wykazała obecność w nich elementów regulatorowych *cis* związanych z odpowiedzią obronną na patogeny, hormony roślinne i stresy abiotyczne i stanowiły one od 19,5 do 29% wszystkich zidentyfikowanych elementów *cis*. Analiza aktywności promotorów wybranych genów została przeprowadzona w korzeniach włośnikowatych pomidora i ziemniaka, które uzyskano metodą transformacji roślin przy użyciu *Agrobacterium rhizogenes*. Korzenie włośnikowate są doskonałym materiałem do badań patogenów i pasożytów korzeniowych, gdyż nie wymagają regeneracji całych roślin transgenicznych. Aktywność β-glukuronidazy (GUS) pod kontrolą poszczególnych promotorów została stwierdzona w nieinfekowanych korzeniach włośnikowatych pomidora i ziemniaka. Aktywność GUS była również badana po 7, 14, 21 i 90 dniach po infekcji (dpi) korzeni włośnikowatych larwami J2 mątwika ziemniaczanego. W terminie 7 dpi aktywność promotora stwierdzono w syncytiach tylko dla genu *NIK* w korzeniach pomidora i *CYP97A29* w korzeniach ziemniaka. W terminie 14 i 21 dpi aktywność GUS stwierdzono w syncytiach zaindukowanych we wszystkich liniach transgenicznych zawierających konstrukcje genowe z badanymi promotorami genów u obu gatunków roślin. W terminie 90 dpi aktywność GUS stwierdzono tylko dla promotora genu *NIK* w transgenicznych korzeniach ziemniaka. Na podstawie wyników analizy aktywności promotorów badanych w tej pracy genów pomidora stwierdzono, że ich wzór aktywności jest podobny w infekowanych korzeniach pomidora i ziemniaka, co wskazuje na podobny sposób regulacji badanych genów u obu gatunków roślin.

W wyniku przeprowadzonych analiz w omawianej pracy potwierdzono zaangażowanie badanych genów w interakcję roślina – nicień, a także określono wzór przestrzennej i czasowej aktywności ich sekwencji regulatorowych w czasie rozwoju syncytium w korzeniach pomidora i ziemniaka.

Podsumowując, najważniejszym dokonaniem w osiągnięciu naukowym 2. było uzyskanie narzędzia biotechnologicznego w postaci puli promotorów genów pomidora indukowanych w syncytiach przez mątwika ziemniaczanego, które mogą być wykorzystane do kontroli poziomu ekspresji genów u transgenicznych roślin pomidora i ziemniaka celem zwiększenia tolerancji na nicienia, a także w metodach służących do precyzyjnej analizy ekspresji genów w syncytiach.

Literatura

An SH, Sohn KH, Choi HW, Hwang IS, Lee SC, Hwang BK (2008) Pepper pectin methylesterase inhibitor protein CaPMEI1 is required for antifungal activity, basal disease resistance and abiotic stress tolerance. *Planta* 228: 61–78.

Deal RB, Henikoff S (2011) The INTACT method for cell type-specific gene expression and chromatin profiling in *Arabidopsis thaliana*. *Nat Protoc* 6: 56-68.

Goddijn OJM, Lindsey K, van der Lee FM, Klap JC, Sijmons PC (1993) Differential gene expression in nematode-induced feeding structures of transgenic plants harbouring promoter- *gusA* fusion constructs. *Plant J* 4: 863-873.

Gurr SJ, Rushton PJ (2005) Engineering plants with increased disease resistance: how are we going to express it? *Trends Biotechnol* 23: 283-290.

Hutangura P, Mathesius U, Jones MGK, Rolfe BG (1999) Auxin induction is a trigger for root gall formation caused by root-knot nematodes in white clover and is associated with the activation of the flavonoid pathway. *Aust J Plant Physiol* 26: 221–231.

Hwang IS, Hwang BK (2010) Role of the pepper cytochrome P450 gene CaCYP450A in defense responses against microbial pathogens. *Planta* 232: 1409-1421.

Jones JT, Furlanetto C, Phillips MS (2007) The role of flavonoids produced in response to cyst nematode infection of *Arabidopsis thaliana*. *Nematology* 9: 671–677.

Kahn R, Durst F (2000) Function and evolution of plant cytochrome P450. *Rec Adv Phytochem* 34: 151-189.

Lionetti V, Raiola A, Camardella L, Giovane A, Obel N, Pauly M, Favaron F, Cervone F, Bellincampi D (2007) Overexpression of pectin methylesterase inhibitors in *Arabidopsis* restricts fungal infection by *Botrytis cinerea*. *Plant Physiol* 143: 1871–1880.

Sablok G, Powell JJ, Kazan K (2017) Emerging roles and landscape of translating mRNAs in plants. *Front Plant Sci* 8: 1443.

Reynoso MA, Borowsky AT, Pauluzzi GC, Yeung E, Zhang J, Formentin E, Velasco J, Cabanlit S, Duvenjian C, Prior MJ, Akmakjian GZ, Deal RB, Sinha NR, Brady SM, Girke T, Bailey-Serres J (2022) Gene regulatory networks shape developmental plasticity of root cell types under water extremes in rice. *Dev Cell* 57: 1177-1192.

Ron M, Kajala K, Pauluzzi G, Wang D, Reynoso MA, Zumstein K, Garcha J, Winte S, Masson H, Inagaki S, Federici F, Sinha N, Deal RB, Bailey-Serres J, Brady SM (2014) Hairy root transformation using *Agrobacterium rhizogenes* as a tool for exploring cell type-specific gene expression and function using tomato as a model. *Plant Physiol* 166: 455-469.

Rushton PJ, Reinstädler A, Lipka V, Lippok B, Somssich IE (2002) Synthetic plant promoters containing defined regulatory elements provide novel insights into pathogen- and wound-induced signaling. *Plant Cell* 14: 749-762.

Swiecicka M, Filipecki M, Lont D, Van Vliet J, Qin L, Goverse A, Bakker J, Helder J (2009) Dynamics in the tomato root transcriptome on infection with the potato cyst nematode *Globodera rostochiensis*. *Mol Plant Pathol* 10: 487-500.

Wang JY, Doudna JA (2023) CRISPR technology: A decade of genome editing is only the beginning. *Science* 379: eadd8643.

Wasson AP, Pellerone FI, Mathesius U (2006) Silencing the flavonoid pathway in *Medicago truncatula* inhibits root nodule formation and prevents auxin transport regulation by rhizobia. *Plant Cell* 18: 1617–1629.

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

W trakcie mojej kariery naukowej odbyłam jeden staż zagraniczny i trzy krótkie staże krajowe. Odbycie tych staży wpłynęło znacząco na dalszy mój rozwój naukowy. Umożliwiły mi one nie tylko poznanie lub doskonalenie stosowanych przeze mnie technik badawczych, wykonanie eksperymentów, ale też przyczyniły się do uzyskania umiejętności formułowania hipotez badawczych i odnajdywania sposobów ich weryfikacji. Efektem moich staży są cztery artykuły naukowe oraz uzyskanie funduszy na realizację dwóch własnych projektów naukowych.

5.1. Staż naukowy w Pracowni Patogenezy Roślin, Instytut Biochemii i Biofizyki, Polska Akademia Nauk, Warszawa (25-29 maja 1998).

Pierwszy staż w Pracowni Patogenezy Roślin odbyłam podczas wykonywania pracy magisterskiej. W pracy magisterskiej zajmowałam się charakterystyką molekularną transgenicznych linii ogórka, do którego genomu został wprowadzony gen kodujący słodkie białko taumatynę II. Eksperymenty zostały wykonane pod opieką prof. dr hab. Magdaleny Krzymowskiej w zespole prof. dr hab. Jacka Henniga. Podczas tego stażu poznałam technikę Western-blot, za pomocą której został oszacowany poziom taumatyny w liściach i owocach transgenicznego ogórka. Współpraca ta zaowocowała powstaniem wspólnego artykułu naukowego:

Szwacka M, Krzymowska M, **Osuch A**[1], Kowalczyk ME, Malepszy S (2002) Variable properties of transgenic cucumber plants containing the thaumatin II gene from *Thaumatococcus daniellii*. *Acta Physiol Plant* 24: 173-185. ([1]nazwisko panieńskie).

5.2. Staż naukowy w Pracowni Patogenezy Roślin, Instytut Biochemii i Biofizyki, Polska Akademia Nauk, Warszawa (16-20 sierpnia 2004).

Drugi staż w Pracowni Patogenezy Roślin odbyłam podczas wykonywania mojej pracy doktorskiej, która dotyczyła analizy molekularnej wybranych genów ogórka ulegających ekspresji podczas embriogenezy somatycznej. W Pracowni Patogenezy Roślin wykonałam eksperyment pozwalający na określenie liczby kopii badanych genów w genomie ogórka metodą Southern-blot (genom ogórka nie był wtedy jeszcze zsekwencjonowany) stosując nową technikę znakowania sond molekularnych. Wyniki badań uzyskane podczas stażu zostały zamieszczone w artykułach naukowych, które też powstały dzięki dyskusji i cennym wskazówkom prof. dr hab. Magdaleny Krzymowskiej i prof. dr hab. Jacka Henniga (dla których umieszczono podziękowania na końcu artykułów):

Wiśniewska A, Grabowska A, Pietraszewska-Bogiel A, Tagashira N, Zuzga S, Wóycicki R, Przybecki Z, Malepszy S, Filipecki M (2012) Identification of genes up-regulated during somatic embryogenesis of cucumber. *Plant Physiol Bioch* 50: 54-64.

Wiśniewska A, Pietraszewska-Bogiel A, Zuzga S, Tagashira N, Łotocka B, Malepszy S, Filipecki M (2013) Molecular characterization of *SCARECROW* (*CsSCR*) gene expressed during somatic embryo development and in root of cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Acta Physiol Plant* 35: 1483-1495.

5.3. Staż naukowy w Pracowni Patogenezy Roślin, Instytut Biochemii i Biofizyki, Polska Akademia Nauk, Warszawa (22-26 czerwca 2009).

Trzeci staż w Pracowni odbyłam już pod doktoracie wykonując eksperymenty do mojego nowego tematu naukowego dotyczącego analizy aktywności promotorów genów indukowanych podczas żerowania mątwika ziemniaczanego w korzeniach włośnikowatych pomidora i ziemniaka. W trakcie tego pobytu zapoznałam się z technikami mikroskopowymi i dokumentacji wyników reakcji histochemicznej, otrzymałam wiele porad i wskazówek odnośnie do prowadzonych badań. Ten pobyt w Pracowni umożliwił mi przygotowanie dokumentacji fotograficznej do artykułu, który okazał się bardzo ważny dla mojej kariery naukowej i stanowi osiągnięcie naukowe 2. (w artykule tym zawarto podziękowania dla prof. dr hab. Magdaleny Krzymowskiej i prof. dr hab. Jacka Henniga):

Wiśniewska A, Dąbrowska-Bronk J, Szafrański K, Fudali S, Swięcicka M, Czarny M, Wilkowska A, Morgiewicz K, Matusiak J, Sobczak M, Filipecki M (2013). Analysis of tomato gene promoters activated in syncytia induced in tomato and potato hairy roots by *Globodera rostochiensis*. *Transgenic Res* 22: 557-569.

5.4. Staż naukowy w Department of Plant Physiology, Faculty of Biology and Biotechnology, Ruhr-Universität Bochum, Germany (staż naukowy zagraniczny, 2 miesiące, 09.05.2012 – 08.07.2012).

Staż naukowy w Katedrze Fizjologii Roślin (obecnie Katedra Genetyki Molekularnej i Fizjologii Roślin) na Uniwersytecie Ruhr w Bochum odbyłam w zespole prof. dr Ute Krämer zajmującej się badaniami nad interakcją roślin ze środowiskiem, w tym głównie badaniami dotyczącymi oddziaływania metali ciężkich na rośliny. Badania prowadzone przez prof. Krämer są badaniami na pograniczu biologii molekularnej, genomiki funkcjonalnej i biologii ewolucyjnej.

Dzięki pobytowi na stażu naukowym na Uniwersytecie Ruhr w Bochum mogłam zapoznać się z najnowszymi (ówcześnie) technikami inżynierii genetycznej i biologii molekularnej, które następnie mogłam wdrożyć do własnych badań naukowych po powrocie do jednostki macierzystej. Do technik tych należały: klonowanie sekwencji nukleotydowych i przygotowywanie konstrukcji genowych do transformacji roślin w systemie Gateway® LR lub BP Clonase^{TM} II oraz przy wykorzystaniu techniki Fusion PCR, pozwalającej na łączenie dwóch fragmentów DNA różnego pochodzenia. W trakcie stażu przygotowałam również konstrukcje genowe zawierające sekwencje genów i ich promotorów, które ówcześnie leżały w kręgu moich zainteresowań naukowych.

Za najważniejszą korzyść uzyskaną z tego pobytu uważam nauczenie się stawiania odważnych hipotez, zadawania pytań naukowych, organizacji pracy i planowania eksperymentów, które mogą być pomocne w uzyskaniu odpowiedzi na postawione pytania i w weryfikacji hipotez. Ta wiedza była kluczowa podczas przygotowywania kolejnych projektów naukowych (których byłam kierownikiem) oraz ich realizacji:

- „Rola genów kodujących czynniki transkrypcyjne MYB oraz MYB-like w interakcji pomiędzy *Arabidopsis thaliana* a mątwikiem burakowym (*Heterodera schachtii*)" (NCN OPUS 5 nr 2013/09/B/NZ9/02381),

- „Identyfikacja mechanizmów molekularnych warunkujących podatność *Arabidopsis thaliana* na mątwika burakowego (*Heterodera schachtii*)" (NCN OPUS 9 nr 2015/17/B/NZ9/01767).

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

6.1. Osiągnięcia dydaktyczne

6.1.1. Członkostwo w Komisjach

Od 1 października 2016 do 30 września 2019 pełniłam funkcję Członka Komisji Dydaktycznej przy Wydziale Rolnictwa i Biologii, w tym w roku 2017 funkcję przewodniczącej podkomisji dydaktycznej ds. kierunku Biologia.

Pełniłam funkcję Członka Komisji do spraw Praktyk dla studentów kierunku Biologia w latach 2008-2016.

6.1.2. Podręczniki

Jestem współautorem nowego wydania recenzowanego podręcznika, który został poprawiony i wzbogacony o aktualną wiedzę z zakresu genetyki.

Orzeszko-Rywka A, **Wiśniewska A**, Chomontowski Ch, Rochalska M **(2025)**. Przewodnik do ćwiczeń z genetyki. *Wydawnictwo SGGW*, Warszawa (przyjęte do druku).

6.1.3. Promotorstwo i recenzje prac dyplomowych

Pełniłam rolę **promotora pomocniczego pracy doktorskiej** mgr Pauliny Andryka-Dudek pt.: „Molekularny mechanizm działania tlenku azotu, w podejściu transkryptomicznym i proteomicznym, podczas ustępowania spoczynku i kiełkowania nasion jabłoni", Instytut Biologii, Data obrony: 03.12.2020

Pod moim kierunkiem wykonanych zostało 5 prac licencjackich, 16 prac inżynierskich i 12 prac magisterskich. Łącznie 33.

Byłam recenzentem 17 prac inżynierskich, 14 prac licencjackich i 14 prac magisterskich. Łącznie 45.

6.1.4. Prowadzenie zajęć dydaktycznych

Zajęcia dydaktyczne prowadzę od rozpoczęcia studiów doktoranckich (ćwiczenia z przedmiotu **Inżynieria Genetyczna** dla Międzywydziałowego Studium Biotechnologii). W trakcie mojej pracy już jako nauczyciel akademicki sukcesywnie zaczęłam prowadzić **wykłady**, które samodzielnie opracowywałam, z następujących przedmiotów: **Ewolucjonizm** (współprowadzę część dotyczącą Ewolucjonizmu Molekularnego, dla kierunku Biologia, od 2005 r.), **Genetyka** (dla kierunku Rolnictwo, od 2005 r. na studiach niestacjonarnych, od 2015 r. na studiach stacjonarnych na kierunku Rolnictwo, w postaci e-learning w 2010 r.), **Hodowla Roślin i Nasiennictwo** (dla kierunku Rolnictwo, od 2005 r. na studiach niestacjonarnych, od 2018 r. na studiach stacjonarnych na kierunku Rolnictwo), **Genetyka Eksperymentalna i Stosowana** (dla kierunku Biologia, od 2018 r.), **Genetyka Ekologiczna** (dla kierunku Inżynieria Ekologiczna, w 2015 r.), **Organizmy Transgeniczne** (dla kierunku Biologia, od 2016 r.), **Podstawy Genetyki** (dla kierunku Inżynieria Ekologiczna, 2017–2024 r.), **Fizjologia Molekularna Roślin** (przedmiot kierunkowy dla kierunku Biologia, od 2023 r.), **Biotechnologia Roślin** oraz **Biotechnologia** (współprowadzenie, dla kierunku Ogrodnictwo, od 2023 r.), **Hodowla Roślin** (dla kierunku Ogrodnictwo, w 2023 r.).

Prowadziłam również ćwiczenia z następujących przedmiotów: Genetyka, Hodowla Roślin i Nasiennictwo, Hodowla Roślin, Genetyka Eksperymentalna i Stosowana, Genetyka Ekologiczna, Podstawy Genetyki i Organizmy Transgeniczne.

Opracowałam i prowadziłam/prowadzę też zajęcia w ramach autorskich fakultetów: **Ewolucjonizm Molekularny** (dla Międzywydziałowego Studium Biotechnologii oraz kierunku Biotechnologia, od 2008 r.), **Genetyka Rozwoju Roślin** (dla kierunku Biotechnologia, 2011 r.), **Zastosowanie Roślin Modelowych w Biologii Eksperymentalnej** (dla kierunku Biologia, od 2013 r.), **Różne Efekty Oddziaływania GMO na Ekosystemy Naturalne** (dla kierunku Inżynieria Ekologiczna, od 2014 r.), **GMO – uzyskiwanie, ekonomiczne i społeczne efekty uprawy roślin transgenicznych** (dla kierunku Rolnictwo, od 2016 r.), **Biologiczne Podstawy Hodowli Odpornościowej Roślin** (dla kierunku Rolnictwo 2022 r.).

Zajęcia dydaktyczne w formie wykładów, ćwiczeń i fakultetów prowadzę (lub prowadziłam) na kierunkach następujących Wydziałów: Wydziału Biologii i Biotechnologii, Wydziału Rolnictwa i Biologii (obecnie Wydział Rolnictwa i Ekologii), Wydziału Ogrodnictwa, Biotechnologii i Architektury Krajobrazu (obecnie Wydział Ogrodniczy) oraz dla Międzywydziałowego Studium Biotechnologii.

6.1.5. Udział w projektach dydaktycznych

PD1. Prowadziłam zajęcia dydaktyczne z wykorzystaniem platformy e-learning z przedmiotu Genetyka na kierunku e-Rolnictwo w ramach projektu SGGW w Warszawie nr KSI – POKL.04.01.01-00-232/08-00 „Program unowocześniania kształcenia w SGGW dla zapewnienia konkurencyjności oraz wysokiej kompetencji absolwentów", Poddziałanie 4.1.1. „Wzmocnienie potencjału dydaktycznego uczelni", Priorytet IV POKL (01.10.2010-28.02.2011).

PD2. Projekt "Sukces z natury – kompleksowy program podniesienia jakości zarządzania procesem kształcenia i jakości nauczania Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie", POWR.03.05.00-00-Z033/17. Mój udział w projekcie (01.02.2019-30.04.2019) polegał na modernizacji programu kształcenia studiów I stopnia na kierunku Biologia na Wydziale Rolnictwa i Biologii moduł 1, w ramach zadania 14 – Zmodernizowany program kształcenia studiów I stopnia na kierunku Biologia na Wydziale Rolnictwa i Biologii moduł 1. Projekt współfinansowany z Programu Operacyjnego Wiedza Edukacja Rozwój POWER na lata 2014-2020.

6.1.6. Szkolenia

S1. Szkolenie "Wdrażanie technologii e-learning", 2010, SGGW, realizowanego w ramach projektu: „Program unowocześniania kształcenia w SGGW dla zapewnienia konkurencyjności oraz wysokiej kompetencji absolwentów" (82 godziny), Projekt finansowany z Europejskiego Funduszu Społecznego w ramach Programu Operacyjnego Kapitał Ludzki 2007-2013, priorytet IV Szkolnictwo wyższe i nauka.

S2. Warsztat pt. „Jak wesprzeć studentów w kryzysie emocjonalnym", w ramach projektu współfinansowanego z Programu Operacyjnego Wiedza Edukacja Rozwój na lata 2014-2020 pt. „Zintegrowany Program Rozwoju SGGW na Rzecz Rozwoju Regionalnego" nr POWR.03.05.00-00-ZR14/18.

S3. Seminarium szkoleniowe: Generatywna SI w nauce i dydaktyce w SGGW. 22 października 2024. Organizacja Naukowa Sieć Informacyjna, Biblioteka SGGW.

6.2. Osiągnięcia organizacyjne oraz popularyzujące naukę

6.2.1. Osiągnięcia organizacyjne

Od 1 stycznia 2017 do 31 grudnia 2024 pełniłam funkcję **Kierownika Katedry** Fizjologii Roślin SGGW (w kadencjach: 01.2017-09.2019, 10.2019-12.2020, 01.2021-12.2024).

W trakcie pełnienia obowiązków Kierownika w Katedrze nastąpiła naturalna wymiana pokoleń spowodowana stopniowym przechodzeniem części pracowników na emeryturę i zatrudnianiem młodych nauczycieli akademickich. Spowodowało to zmianę profilu naukowego Katedry, podejmowanie tematyki badawczej zgodnej z najnowszymi trendami naukowymi i wprowadzenie wielu nowoczesnych technik badawczych. Jako Kierownik starałam się zapewnić przyjazne i motywujące warunki pracy. Laboratoria badawcze oraz laboratoryjne sale ćwiczeniowe zostały uzupełnione o nowszą aparaturę i drobny sprzęt laboratoryjny, starsza aparatura podlegała modernizacji w ramach środków katedralnych lub ministerialnych (w ramach dotacji na utrzymanie aparatury naukowo-badawczej, stanowiska badawczego). Pracownicy badawczo dydaktyczni (10-12 osób) z powodzeniem aplikowali o finansowanie projektów badawczych. W latach 2017-2024 w kierowanej przeze mnie Katedrze realizowano 11 projektów z Narodowego Centrum Nauki i jeden z Narodowej Agencji Wymiany Akademickiej. Dzięki doposażeniu laboratoriów w aparaturę i akcesoria laboratoryjne zajęcia dydaktyczne prowadzone przez pracowników Katedry zostały wzbogacone o najnowsze techniki badawcze, a studenci chętnie wybierają Katedrę do realizacji prac dyplomowych. Sale dydaktyczne zostały zaopatrzone w najnowszy sprzęt multimedialny. Dzięki moim wysiłkom powstały cztery nowe pracownie: biologii molekularnej, fotosyntezy, struktury białek oraz chromatografii. Jeszcze przed moim powołaniem na funkcję Kierownika przygotowałam i następnie już jako Kierownik realizowałam projekt finansowany przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego pt.: „Adaptacja i wyposażenie pomieszczenia laboratoryjnego na potrzeby prowadzenia kultur i upraw roślinnych na podłożach sterylnych w Katedrze Fizjologii Roślin SGGW na lata 2016-2017" (inwestycja budowlana).

W trakcie pełnienia funkcji Kierownika w 2022 r. przypadła rocznica 100-lecia Katedry Fizjologii Roślin. Z tej okazji współorganizowałam (jako Przewodnicząca Komitetu Organizacyjnego) Konferencję 100-lecia Katedry Fizjologii Roślin Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie „*Fizjologia roślin w XXI wieku*" 15-16 września 2022. Konferencja w dniu 16 września 2022 miała zasięg międzynarodowy i wzięło w niej udział wielu znakomitych badaczy z ośrodków naukowych na całym świecie.

Od 12 marca 2018 do 30 września 2019 byłam członkiem z wyboru Rady Wydziału Rolnictwa i Biologii SGGW.

Od 8 października 2019 do 31 grudnia 2024 byłam członkiem z wyboru Rady Dyscypliny Nauki Biologiczne SGGW.

Byłam członkiem Komisji Finansowej przy Instytucie Biologii w kadencjach 2019-2020 i 2021-2024.

Od styczna 2025 jestem członkiem z wyboru Rady Instytutu Biologii SGGW.

6.2.2 Osiągnięcia popularyzujące naukę

Prace popularno naukowe

PPN1. Kuczerski K, Nawrocka K, **Wiśniewska A** (2017) Mały sprzymierzeniec w walce z niewidzialnym wrogiem. agropolska.pl (https://www.agropolska.pl/o-firmach/maly-sprzymierzeniec-w-walce-z-niewidzialnym-wrogiem,1084.html)

PPN2. Podlaski S, Chołuj D, **Wiśniewska A** (2018). Plon buraka cukrowego a środowisko. *Poradnik Plantatora Buraka Cukrowego* nr 1: 31-35

Prace przeglądowe

PP1. Wiśniewska A, Filipecki M (2003) Wyciszanie genów jako strategia badania ich funkcji w roślinach. *Postępy Biol Komórki* 30: 339-358.

PP2. Yin Z, Pląder W, **Wiśniewska A**, Szwacka M, Malepszy S (2005) Transgenic cucumber – a current state. *Folia Hortic* 17/1: 73-90.

PP3. Wiśniewska A, Kamińska K, Nawrocka K, Sobczak M (2015) Rola kwasów salicylowego i jasmonowego w odpowiedzi roślin na mątwiki i guzaki. *Postępy Biol Komórki* 42 (4): 743–764.

PP4. Podlaski S, Chołuj D, **Wiśniewska A** (2017) Kształtowanie się plonu buraka cukrowego w zależności od wybranych czynników środowiskowych. *Zesz. Probl. Postęp. Nauk Rol.* nr 590: 59–71.

PP5. Kuczerski KS, Nawrocka K, **Wiśniewska A** (2018) Mutanty w badaniach funkcji genów u roślin. *Postępy Biol Komórki* 45 (1): 45-62.

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

7.1. Pozostała aktywność naukowa

W trakcie wykonywania pracy magisterskiej pt. „*Poziom ekspresji genu taumatyny II w transgenicznych roślinach ogórka*" w Katedrze Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin SGGW zajmowałam się analizą molekularną transgenicznych linii ogórka, do genomu których została wprowadzona sekwencja kodująca słodkie białko o nazwie taumatyna II. Praca obejmowała analizę liczby kopii transgenu i ich segregację w genomach transgenicznych roślin ogórka wybranych spośród kolejnych pokoleń generatywnych, a także analizę ekspresji transgenu na poziomie RNA i białka. Po uzyskaniu dyplomu magistra nadal przez kilka lat kontynuowałam współpracę z opiekunem mojej pracy magisterskiej dr hab. Marią Szwacką nad charakterystyką linii transgenicznych ogórka zawierających gen taumatyny II. Wyniki badań zostały opublikowane w artykułach naukowych, przeglądowych oraz pokonferencyjnych:

Szwacka M, Krzymowska M, Kowalczyk ME, **Osuch A**[1] (2000) Transgenic cucumber plants expressing the thaumatin gene. *Food Biotechnol* 17: 43-48. ([1]nazwisko panieńskie)

Szwacka M, Krzymowska M, **Osuch A**[1], Kowalczyk ME, Malepszy S (2002) Variable properties of transgenic cucumber plants containing the thaumatin II gene from *Thaumatococcus daniellii*. *Acta Physiol Plant* 24: 173-185. ([1]nazwisko panieńskie)

Yin Z, Pląder W, **Wiśniewska A**, Szwacka M, Malepszy S (2005) Transgenic cucumber – a current state. *Folia Hortic* 17/1: 73-90.

Szwacka M, Kielkiewicz M, Zawirska-Wojtasiak R, Gajc-Wolska J, Goslinski M, **Wiśniewska A** (2007) Attractiveness of transgenic cucumber plants containing a gene encoding sweet-tasting protein to consumers and pests. *J Biotechnol* 131S: S37.

Szwacka M, Tykarska T, **Wiśniewska A**, Kuraś M, Bilski H, Malepszy S (2009) Leaf morphology and anatomy of transgenic cucumber lines tolerant to downy mildew. *Biol Plantarum* 53: 697-701.

Pracę doktorską pt. „*Analiza molekularna wybranych genów ogórka ulegających ekspresji podczas embriogenezy somatycznej*" pod kierunkiem prof. dr hab. Stefana Malepszego wykonywałam w Katedrze Genetyki, Hodowli i Biotechnologii SGGW. W pracy doktorskiej zajmowałam się analizą funkcjonalną genów ulegających zróżnicowanej ekspresji podczas embriogenezy somatycznej u ogórka. Wyniki doświadczeń uzyskane w trakcie mojego doktoratu, a także we współpracy z zespołem prof. Malepszego zostały opublikowane w artykułach naukowych:

Malinowski R, Filipecki M, Tagashira N, **Wiśniewska A**, Gaj P, Pląder W, Malepszy S (2004) Xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase genes in cucumber (*Cucumis sativus*) - differential expression during somatic embryogenesis. *Physiol Plant*. 120: 678-685.

Grabowska A, **Wiśniewska A**, Tagashira N, Malepszy S, Filipecki M (2009) Characterization of CsSEF1 gene encoding putative CCCH-type zinc finger transcription factor expressed during cucumber somatic embryogenesis. *J Plant Physiol* 166: 310-323.

Wiśniewska A, Grabowska A, Pietraszewska-Bogiel A, Tagashira N, Zuzga S, Wóycicki R, Przybecki Z, Malepszy S, Filipecki M (2012) Identification of genes up-regulated during somatic embryogenesis of cucumber. *Plant Physiol Bioch* 50: 54-64.

Wiśniewska A, Pietraszewska-Bogiel A, Zuzga S, Tagashira N, Łotocka B, Malepszy S, Filipecki M (2013) Molecular characterization of *SCARECROW* (*CsSCR*) gene expressed during somatic embryo development and in root of cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Acta Physiol Plant* 35: 1483-1495.

Malinowski R, Fry SC, Zuzga S, **Wiśniewska A**, Godlewski M, Noyszewski A, Barczak-Brzyżek A, Malepszy A, Filipecki M (2018) Developmental expression of the cucumber *Cs-XTH1* and *Cs-XTH3* genes, encoding xyloglucan endotransglucosylase/hydrolases, can be influenced by mechanical stimuli, *Acta Physiol Plant* 40: 130.

W trakcie wykonywania eksperymentów do pracy doktorskiej włączyłam się również w prace badawcze prowadzone w zespole prof. dr hab. Stefana Malepszego dotyczące zmian metabolicznych w komórkach roślin transgenicznych i regenerowanych w roślinnych kulturach *in vitro*. Wyniki tej współpracy zostały przedstawione w artykułach:

Filipecki M, **Wiśniewska A**, Yin Z, Malepszy S (2005**) The heritable changes in metabolic profiles of plants regenerated in different types of *in vitro* culture.** *Plant Cell Tiss Org* 82: 349-356.

Tagashira N, Plader W, Filipecki M, Yin Z, **Wiśniewska A**, Gaj P, Szwacka M, Fiehn O, Hoshi Y, Kondo K, Malepszy S (2005) The metabolic profiles of transgenic cucumber lines vary with different chromosomal locations of the transgene. *Cell Mol Biol Lett* 10: 697-710.

Filipecki M, Yin Z, **Wiśniewska A**, Śmiech M, Malinowski R, Malepszy S (2006) Tissue-culture-responsive and autotetraploidy-responsive changes in metabolic profiles of cucumber (*Cucumis sativus* L.). *J Appl Genet* 47: 17-21.

Po uzyskaniu stopnia doktora i rozpoczęciu pracy w Katedrze Fizjologii Roślin SGGW, obok rozwijania moich głównych zainteresowań badawczych związanych z odpowiedzią roślin na atak pasożytniczych nicieni cystowych lub stres suszy, podjęłam współpracę z zespołem prof. dr hab. Renaty Bogatek-Leszczyńskiej w zakresie badań nad przełamywaniem spoczynku zarodków jabłoni lub mechanizmu działania cyjanamidu na wzrost korzeni pomidora. Wyniki uzyskane w ramach współpracy zostały zawarte w artykułach:

Soltys D, Rudzińska-Langwald A, Gniazdowska A, **Wiśniewska A**, Bogatek R (2012) Inhibition of tomato (*Solanum lycopersicum* L.) root growth by cyanamide is due to altered cell division, phytohormone balance and expansin gene expression. *Planta* 236: 1629-1638.

Andryka-Dudek P, Ciąćka K, **Wiśniewska A**, Bogatek R, Gniazdowska A (2019) Nitric oxide-induced dormancy removal of apple embryos is linked to alterations in expression of genes encoding ABA and JA biosynthetic or transduction pathways and RNA nitration, *Int J Mol Sci 20*(5), 1007.

7.2. Udział w projektach badawczych

Prowadzone przeze mnie badania, zarówno wchodzące w skład Osiągnięć Naukowych jak i pozostałe, były finansowane w ramach projektów badawczych przyznanych przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego, Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi oraz Narodowe Centrum Nauki. W projektach tych pełniłam rolę kierownika lub wykonawcy:

Kierownik projektu badawczego własnego nr 2 P06A 032 30. Tytuł projektu: „Analiza rejonów regulatorowych wybranych genów pomidora indukowanych przez mątwika ziemniaczanego i ocena ich przydatności dla biotechnologii", 2006-2009.

Kierownik projektu NCN OPUS 5 nr 2013/09/B/NZ9/02381. Tytuł projektu: „Rola genów kodujących czynniki transkrypcyjne MYB oraz MYB-like w interakcji pomiędzy *Arabidopsis thaliana* a mątwikiem burakowym (*Heterodera schachtii*)", 2014-2018.

Kierownik projektu NCN OPUS 9 nr 2015/17/B/NZ9/01767. Tytuł projektu: „Identyfikacja mechanizmów molekularnych warunkujących podatność *Arabidopsis thaliana* na mątwika burakowego (*Heterodera schachtii*)", 2016-2022.

Wykonawca projektu w ramach Subsydium dla uczonych FNP dla prof. dr hab. Stefana Malepszego pt. „Rola endotransglikozylaz ksyloglukanowych w somatycznej embriogenezie ogórka", 2000-2001.

Wykonawca w grancie promotorskim KBN nr 3P06A02425: „Izolacja i analiza sekwencji genomowej przypuszczalnego regulatora transkrypcji 4h6 u ogórka (*Cucumis sativus* L.)", 2003-2005.

Udział w projekcie zamawianym KBN nr PBZ/KBN/029/P06/2000: „Funkcjonalna i genetyczna analiza przypuszczalnych regulatorów transkrypcji o zmiennej ekspresji w trakcie somatycznej embriogenezy ogórka (*Cucumis sativus* L.)", 2001-2004.

Wykonawca w grancie zamawianym KBN nr PBZ-KBN-089/P06/2003. Tytuł projektu: „Wykorzystanie RNAi w genomice funkcjonalnej i biotechnologii roślin uprawnych" w zakresie: „Rozpoznanie nowych mechanizmów związanych z RNAi, ważnych z punktu widzenia aplikacji." pod szczegółowym tytułem autorskim: „Wykorzystanie RNAi do uzyskania roślin pomidora o zwiększonej odporności na nicienie", 2003-2006.

Wykonawca w projekcie badawczym nr N N310021833. Tytuł projektu: „Morfologiczne, fizjologiczne i molekularne kryteria oceny tolerancji genotypów buraka cukrowego na suszę i potencjalne możliwości ich wykorzystania w hodowli tej rośliny", 2007-2010.

Wykonawca w projekcie badawczym nr N N303 0905 34. Tytuł projektu: „Udział tlenku azotu w regulacji biosyntezy etylenu w kiełkujących zarodkach jabłoni", 2008-2011.

Wykonawca w projekcie badawczym nr N N302 593938. Tytuł projektu: „Mechanizmy indukcji degradacji roślinnej ściany komórkowej w patogenezie nicieni cystowych", 2010-2013.

Wykonawca w projekcie badawczym nr N N303821840. Tytuł projektu: „Udział poliamin i tlenku azotu w regulacji ustępowania spoczynku i kiełkowania zarodków jabłoni (*Malus domestica* Borkh.)", 2011-2014.

Wykonawca w projekcie badawczym NCN nr 2011/03/D/NZ9/04059. Tytuł projektu: „Rola ligaz ubikwitynowych E3 typu CUL4-DDB1 w regulacji kiełkowania i ustępowania spoczynku nasion z rodziny *Brassicace*", 2012-2015.

Wykonawca w projekcie MRiRW, Dz.U. z dn. 17.06.2014 r. poz. 796. Dotacja na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej. Tytuł: „Identyfikacja i zastosowanie fenotypowych i molekularnych markerów tolerancji na stres suszy u buraka cukrowego" 2014-2016.

7.3. Współpraca z sektorem gospodarczym

Prace badawcze dotyczące identyfikacji wskaźników tolerancji na suszę oraz analiza dystansu genetycznego różnych obiektów *Beta*, w tym genotypów buraka cukrowego, **były prowadzone w ramach współpracy naukowej z Kutnowską Hodowlą Buraka Cukrowego Sp. z o.o. w Straszkowie.**

7.4. Nagrody i wyróżnienia

N1. Dyplom uznania w konkursie na najlepszą prezentację Młodego Genetyka podczas Polskiego Kongresu Genetyki, Gdańsk, 6-9 września 2004 r. w sesji Genetyka Roślin

N2. Dyplom uznania za wyróżniającą pracę doktorską przyznany uchwałą Rady Wydziału Ogrodnictwa i Architektury Krajobrazu SGGW z dnia 23 marca 2005 r.

N3. Nagrody za osiągnięcia badawcze Rektora SGGW:
- indywidualne w 2009, 2014,
- zespołowe w 2010, 2013, 2015, 2020.

N4. Nagrody za osiągnięcia organizacyjne Rektora SGGW:
- indywidualne w 2017, 2019,
- zespołowe w 2023.

7.5. Uczestnictwo w zespołach oceniających wnioski o finansowanie badań

Z1. Członek Panelu Ekspertów NCN NZ9, 2020

Z2. Członek Panelu Ekspertów NCN NZ9B, 2019

Z3. Recenzja projektu w ramach Działania 1.3.2 Programu Operacyjnego Innowacyjna Gospodarka (PO IG), OPI, 2016

Z4. Recenzja projektu badawczego do program Ventures dla Fundacji na rzecz Nauki Polskiej, 2010

Anita Wiśniewska
(podpis wnioskodawcy)

Potwierdzam zgodność wydruku z dokumentem wydanym w postaci elektronicznej:

Identyfikator dokumentu	782127.1707799.2899917
Nazwa dokumentu	Załącznik_3_-_Autoreferat_-_podpis (Załącznik - RPW_10639_2025).pdf
Skrót dokumentu	2335DC5A16F5EDAF14C5EEDD86CB6C1D6ABD4EED
Wersja dokumentu	1.0
Data podpisu	18.04.2025
Sygnatariusz	ANITA WIŚNIEWSKA
Rodzaj certyfikatu	Certyfikat kwalifikowany podpisu elektronicznego
	EZD 3.126.43.43.
Data wydruku:	06.05.2025 10:05:22
Autor wydruku:	Karolak Aleksandra w zastępstwie za Biuro Obsługi Nauki BON

Załącznik nr 4.

WYKAZ OSIĄGNIĘĆ NAUKOWYCH STANOWIĄCYCH ZNACZNY WKŁAD W ROZWÓJ DYSCYPLINY NAUKI BIOLOGICZNE

I. WYKAZ OSIĄGNIĘĆ NAUKOWYCH, O KTÓRYCH MOWA W ART. 219 UST. 1. PKT 2 USTAWY

1. Cykl powiązanych tematycznie artykułów naukowych, zgodnie z art. 219 ust. 1. pkt 2b ustawy.

Osiągnięcie naukowe 1.

H1.1. Chołuj D, **Wiśniewska A***, Szafrański KM, Cebula J, Gozdowski D, Podlaski S **(2014)** Assessment of the physiological responses to drought in different sugar beet genotypes in connection with their genetic distance. *J Plant Physiol* 171: 1221-1230. https://doi.org/10.1016/j.jplph.2014.04.016

IF $_{2014}$ = 2,557	Pkt $_{2014}$ = 35	Kwartyl – Q1
IF $_{2023}$ = 4,0	Pkt $_{2024}$ = 100	Liczba cytowań: 37

H1.2. Wiśniewska A*, Andryka-Dudek P, Czerwiński M, Chołuj D (**2019**) Fodder beet is a reservoir of drought tolerance alleles for sugar beet breeding. *Plant Physiol Bioch* 145: 120–131. https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2019.10.031

IF $_{2019}$ = 3,720	Pkt $_{2019}$ = 70	Kwartyl – Q1
IF $_{2023}$ = 6,1	Pkt $_{2024}$ = 70	Liczba cytowań: 12

H1.3. Wiśniewska A*, Wojszko K, Różańska E, Lenarczyk K, Kuczerski K, Sobczak M (**2021**) *Arabidopsis thaliana Myb59* gene is involved in the response to *Heterodera schachtii* infestation, and its overexpression disturbs regular development of nematode-induced syncytia. *Int J Mol Sci 22*, 6450. https://doi.org/10.3390/ijms22126450

IF $_{2021}$ = 6,208	Pkt $_{2021}$ = 140	Kwartyl – Q1
IF $_{2023}$ = 4,9	Pkt $_{2024}$ = 140	Liczba cytowań: 16

H1.4. Wiśniewska A*, Wojszko K, Różańska E, Lenarczyk K, Sobczak M (**2022**) *Arabidopsis thaliana AtHRS1* gene is involved in the response to *Heterodera schachtii* infection and its overexpression hampers development of syncytia and involves a jasmonic acid-dependent mechanism. *J Plant Physiol* 272, 153680. https://doi.org/10.1016/j.jplph.2022.153680

IF $_{2022}$ = 4,300	Pkt $_{2022}$ = 100	Kwartyl – Q1
IF $_{2023}$ = 4,0	Pkt $_{2024}$ = 100	Liczba cytowań: 6

.

H1.5. Różańska E, Krępski T, **Wiśniewska A*** (**2023**) Mutations in selected ABA-related genes reduce level of *Arabidopsis thaliana* susceptibility to the beet cyst nematode *Heterodera schachtii*. *Plants 12*, 2299. https://doi.org/10.3390/plants12122299

IF $_{2023}$ = 4,0	Pkt $_{2023}$ = 70 Pkt $_{2024}$ = 70	Kwartyl – Q1 Liczba cytowań: 2

H1.6. Wojszko K, Różańska E, Sobczak M, Kuczerski K, Krępski T, **Wiśniewska A*** (**2023**) The role of *AtPP2-A3* and *AtPP2-A8* genes encoding Nictaba-related lectin domains in the defense response of *Arabidopsis thaliana* to *Heterodera schachtii*. *Planta* 258, 40. https://doi.org/10.1007/s00425-023-04196-y

IF $_{2023}$ = 3,600	Pkt $_{2023}$ = 100 Pkt $_{2024}$ = 100	Kwartyl – Q1 Liczba cytowań: 1

Osiągnięcie naukowe 2.

H2.1. Wiśniewska A*, Dąbrowska-Bronk J, Szafrański K, Fudali S, Swięcicka M, Czarny M, Wilkowska A, Morgiewicz K, Matusiak J, Sobczak M, Filipecki M **(2013)** Analysis of tomato gene promoters activated in syncytia induced in tomato and potato hairy roots by *Globodera rostochiensis*. *Transgenic Res* 22: 557-569. https://doi.org/10.1007/s11248-012-9665-4

IF $_{2013}$ = 2,281 IF $_{2023}$ = 2,7	Pkt $_{2013}$ = 25 Pkt $_{2024}$ = 70	Kwartyl – Q2 Liczba cytowań: 11

Oznaczenia:

- ***autor korespondencyjny**
- IF – Impact Factor
- Pkt – punkty według wykazu czasopism naukowych Ministra Nauki (obejmujące Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego oraz Ministerstwo Edukacji i Nauki)
- Liczba cytowań i kwartyl zostały podane wg Web Of Science Core Collection 12.03.2025

Oświadczenia habilitanta i współautorów publikacji znajdują się w Załączniku 5. do Wniosku Przewodniego.

II. WYKAZ AKTYWNOŚCI NAUKOWEJ

1. Wykaz opublikowanych monografii naukowych (z zaznaczeniem pozycji niewymienionych w pkt I.).

Po uzyskaniu stopnia doktora (pozycja niewymieniona w pkt I.)

Orzeszko-Rywka A, **Wiśniewska A**, Chomontowski Ch, Rochalska M (2025) Przewodnik do ćwiczeń z genetyki. *Wydawnictwo SGGW*, Warszawa (przyjęte do druku). Pkt $_{2024}$ = 80

2. Wykaz opublikowanych rozdziałów w monografiach naukowych.

Po uzyskaniu stopnia doktora (pozycje niewymienione w pkt I.)

RM1. Rybka K, Rybka Z, **Wiśniewska A** (2009) Chapter 7. Nucleic acids. In Plant Biochemistry. Eds. Narwal SS, Bogatek R, Zagdańska BM, Sampietro DA, Vattuone MA. *Studium Press*, LLC, USA, str.: 161-216.
Pkt $_{2012}$ = 4, Pkt $_{2024}$ = 5, liczba cytowań: 1

RM2. Nawrocka K, Kamińska K, **Wiśniewska A** (2016) Rola ekspansyn w interakcji roślina-nicień. W „Rośliny – przegląd wybranych zagadnień" (Red. Kropiwiec K, Szala M), *Wydawnictwo Naukowe TYGIEL*, Lublin 2016, str.: 130-140.
Pkt $_{2016}$ = 5, Pkt $_{2024}$ = 20, liczba cytowań: 0

3. Wykaz członkostwa w redakcjach naukowych monografii.

Nie dotyczy

4. Wykaz opublikowanych artykułów w czasopismach naukowych (z zaznaczeniem pozycji niewymienionych w pkt I.).

Pozycje niewymienione w pkt I. są oznaczone literą **A**.

Przed uzyskaniem stopnia doktora

A1. Szwacka M, Krzymowska M, Kowalczyk ME, **Osuch A**[1] (2000) Transgenic cucumber plants expressing the thaumatin gene. *Food Biotechnol* 17: 43-48. ([1]nazwisko panieńskie)
Pkt $_{2000}$ = 11, Pkt $_{2024}$ = 40, liczba cytowań: 2

A2. Szwacka M, Krzymowska M, **Osuch A**[1], Kowalczyk ME, Malepszy S (2002) Variable properties of transgenic cucumber plants containing the thaumatin II gene from *Thaumatococcus daniellii*. *Acta Physiol Plant* 24: 173-185. ([1]nazwisko panieńskie)
IF $_{2002}$ = 0,310, IF $_{2023}$ = 2,4, Pkt $_{2002}$ = 7, Pkt $_{2024}$ = 70, liczba cytowań: 46

A3. Wiśniewska A, Filipecki M (2003) Wyciszanie genów jako strategia badania ich funkcji w roślinach. *Postępy Biol Komórki* 30: 339-358
IF $_{2023}$ = 0,3, Pkt $_{2024}$ = 20, liczba cytowań: 0

A4. Malinowski R, Filipecki M, Tagashira N, **Wiśniewska A**, Gaj P, Pląder W, Malepszy S (2004) Xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase genes in cucumber (*Cucumis sativus*) - differential expression during somatic embryogenesis. *Physiol Plant*. 120: 678-685.
IF $_{2004}$ = 2,017, IF $_{2023}$ = 5,4, Pkt $_{2004}$ = 21, Pkt $_{2024}$ = 100, liczba cytowań: 30

A5. Filipecki M, **Wiśniewska A**, Yin Z, Malepszy S (2005) The heritable changes in metabolic profiles of plants regenerated in different types of *in vitro* culture**.** *Plant Cell Tiss Org* 82: 349-356.
IF $_{2005}$ = 1,113, IF $_{2023}$ = 2,3, Pkt $_{2005}$ = 20, Pkt $_{2024}$ = 100, liczba cytowań: 10

Po uzyskaniu stopnia doktora

A6. Tagashira N, Plader W, Filipecki M, Yin Z, **Wiśniewska A**, Gaj P, Szwacka M, Fiehn O, Hoshi Y, Kondo K, Malepszy S (2005) The metabolic profiles of transgenic cucumber lines vary with different chromosomal locations of the transgene. *Cell Mol Biol Lett* 10: 697-710.
IF $_{2005}$ = 0,829, IF $_{2023}$ = 9,2, Pkt $_{2005}$ = 10, Pkt $_{2024}$ = 100, liczba cytowań: 17

A7. Yin Z, Pląder W, **Wiśniewska A**, Szwacka M, Malepszy S (2005) Transgenic cucumber – a current state. *Folia Hortic* 17/1: 73-90.
Pkt $_{2024}$ = 40, liczba cytowań: 0

A8. Filipecki M, Yin Z, **Wiśniewska A**, Śmiech M, Malinowski R, Malepszy S (2006) Tissue-culture-responsive and autotetraploidy-responsive changes in metabolic profiles of cucumber (*Cucumis sativus* L.). *J Appl Genet* 47: 17-21.
IF $_{2007}$ = 0,967, IF $_{2023}$ = 2,0, Pkt $_{2007}$ = 10, Pkt $_{2024}$ = 140, liczba cytowań: 7

A9. Szwacka M, Kielkiewicz M, Zawirska-Wojtasiak R, Gajc-Wolska J, Goslinski M, **Wiśniewska A** (2007) Attractiveness of transgenic cucumber plants containing a gene encoding sweet-tasting protein to consumers and pests. *J Biotechnol* 131S: S37.
IF $_{2007}$ = 2,565, IF $_{2023}$ = 4,1, Pkt $_{2007}$ = 27, Pkt $_{2024}$ = 70, liczba cytowań: 2

A10. Grabowska A, **Wiśniewska A**, Tagashira N, Malepszy S, Filipecki M (2009) Characterization of CsSEF1 gene encoding putative CCCH-type zinc finger transcription factor expressed during cucumber somatic embryogenesis. *J Plant Physiol* 166: 310-323.
IF $_{2009}$ = 2,500, IF $_{2023}$ = 4,0, Pkt $_{2010}$ = 32, Pkt $_{2024}$ = 100, liczba cytowań: 34

A11. Szwacka M, Tykarska T, **Wiśniewska A**, Kuraś M, Bilski H, Malepszy S (2009) Leaf morphology and anatomy of transgenic cucumber lines tolerant to downy mildew. *Biol Plantarum* 53: 697-701.
IF $_{2009}$ = 1,656, IF $_{2023}$ = 0,8, Pkt $_{2010}$ = 27, Pkt $_{2024}$ = 70, liczba cytowań: 10

A12. Wiśniewska A, Grabowska A, Pietraszewska-Bogiel A, Tagashira N, Zuzga S, Wóycicki R, Przybecki Z, Malepszy S, Filipecki M (2012) Identification of genes up-regulated during somatic embryogenesis of cucumber. *Plant Physiol Bioch* 50: 54-64.
IF $_{2012}$ = 2,775, IF $_{2023}$ = 6,1, Pkt $_{2012}$ = 35, Pkt $_{2024}$ = 70, liczba cytowań: 13

A13. Soltys D, Rudzińska-Langwald A, Gniazdowska A, **Wiśniewska A**, Bogatek R (2012) Inhibition of tomato (*Solanum lycopersicum* L.) root growth by cyanamide is due to altered cell division, phytohormone balance and expansin gene expression. *Planta* 236: 1629-1638.
IF $_{2012}$ = 3,347, IF $_{2023}$ = 3,6, Pkt $_{2012}$ = 40, Pkt $_{2024}$ = 100, liczba cytowań: 56

H2.1. Wiśniewska A, Dąbrowska-Bronk J, Szafrański K, Fudali S, Swięcicka M, Czarny M, Wilkowska A, Morgiewicz K, Matusiak J, Sobczak M, Filipecki M (2013) Analysis of tomato gene promoters activated in syncytia induced in tomato and potato hairy roots by *Globodera rostochiensis*. *Transgenic Res*, 22: 557-569.
IF $_{2013}$ = 2,281, IF $_{2023}$ = 2,7, Pkt $_{2013}$ = 25, Pkt $_{2024}$ = 70, liczba cytowań: 11

A14. Wiśniewska A, Pietraszewska-Bogiel A, Zuzga S, Tagashira N, Łotocka B, Malepszy S, Filipecki M (2013) Molecular characterization of *SCARECROW* (*CsSCR*) gene expressed during somatic embryo development and in root of cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Acta Physiol Plant* 35: 1483-1495.
IF $_{2013}$ = 1,524, IF $_{2023}$ = 2,4, Pkt $_{2013}$ = 25, Pkt $_{2024}$ = 70, liczba cytowań: 9

A15. Długosz M, Wiktorowska E, **Wiśniewska A**, Pączkowski C (2013) Production of oleanolic acid glycosides by hairy root established cultures of *Calendula officinalis* L. *Acta Bioch Pol* 60: 467-473.
IF $_{2013}$ = 1,389, IF $_{2023}$ = 1,4, Pkt $_{2013}$ = 15, Pkt $_{2024}$ = 70, liczba cytowań: 18

H1.1. Chołuj D, **Wiśniewska A**, Szafrański KM, Cebula J, Gozdowski D, Podlaski S (2014) Assessment of the physiological responses to drought in different sugar beet genotypes in connection with their genetic distance. *J Plant Physiol* 171: 1221-1230.
IF $_{2014}$ = 2,557, IF $_{2023}$ = 4,0, Pkt $_{2014}$ = 35, Pkt $_{2024}$ = 100, liczba cytowań: 37

A16. Dąbrowska-Bronk J, Czarny M, **Wiśniewska A**, Fudali S, Baranowski Ł, Sobczak M, Święcicka M, Matuszkiewicz M, Brzyżek G, Wroblewski T, Dobosz R, Bartoszewski G and Filipecki M (2015) Suppression of *NGB* and *NAB/ERabp1* in tomato modifies root responses to potato cyst nematode infestation. *Mol Plant Pathol* 16: 334–348.
IF $_{2015}$ = 4,335, IF $_{2023}$ = 4,8, Pkt $_{2015}$ = 40, Pkt $_{2024}$ = 100, liczba cytowań: 2

A17. Wiśniewska A, Kamińska K, Nawrocka K, Sobczak M (2015) Rola kwasów salicylowego i jasmonowego w odpowiedzi roślin na mątwiki i guzaki. *Postępy Biol Komórki* 42 (4): 743–764.
IF $_{2023}$ = 0,3, Pkt $_{2015}$ = 5, Pkt $_{2024}$ = 20, liczba cytowań: 0

A18. Podlaski S, Chołuj D, **Wiśniewska A** (2017) Kształtowanie się plonu buraka cukrowego w zależności od wybranych czynników środowiskowych. *Zesz. Probl. Postęp. Nauk Rol.* 590: 59–71.
Pkt $_{2016}$ = 13, Pkt $_{2024}$ = 20, liczba cytowań: 0

A19. Malinowski R, Fry SC, Zuzga S, **Wiśniewska A**, Godlewski M, Noyszewski A, Barczak-Brzyżek A, Malepszy A, Filipecki M (2018) Developmental expression of the cucumber *Cs-XTH1* and *Cs-XTH3* genes, encoding xyloglucan endotransglucosylase/hydrolases, can be influenced by mechanical stimuli, *Acta Physiol Plant* 40: 130.
IF $_{2018}$ = 1,608, IF $_{2023}$ = 2,4, Pkt $_{2019}$ = 70, Pkt $_{2024}$ = 70, liczba cytowań: 5

A20. Kuczerski KS, Nawrocka K, **Wiśniewska A** (2018) Mutanty w badaniach funkcji genów u roślin. *Postępy Biol Komórki* 45 (1): 45-62.
IF $_{2018}$ = 0,158, IF $_{2023}$ = 0,3, Pkt $_{2019}$ = 20, Pkt $_{2024}$ = 20, liczba cytowań: 0

A21. Andryka-Dudek P, Ciąćka K, **Wiśniewska A**, Bogatek R, Gniazdowska A (2019) Nitric oxide-induced dormancy removal of apple embryos is linked to alterations in expression of

genes encoding ABA and JA biosynthetic or transduction pathways and RNA nitration, *Int J Mol Sci* 20(5), 1007.
IF $_{2019}$ = 4,556, IF $_{2023}$ = 4,9, Pkt $_{2019}$ = 140, Pkt $_{2024}$ = 140, liczba cytowań: 18

H1.2. Wiśniewska A, Andryka-Dudek P, Czerwiński M, Chołuj D (2019) Fodder beet is a reservoir of drought tolerance alleles for sugar beet breeding, *Plant Physiol Bioch* 145: 120–131.
IF $_{2019}$ = 3,720, IF $_{2023}$ = 6,1, Pkt $_{2019}$ = 70, Pkt $_{2024}$ = 70, liczba cytowań: 12

A22. Wiśniewska A, Chomontowski Ch, Dąbrowska-Bronk J, Podlaski S, Chołuj D (2021) Identyfikacja i zastosowanie fenotypowych i molekularnych markerów tolerancji na stres suszy u buraka cukrowego, *Biuletyn IHAR* 295: 333-337.
Pkt $_{2021}$ = 20, Pkt $_{2024}$ = 20, liczba cytowań: 0

H1.3. Wiśniewska A, Wojszko K, Różańska E, Lenarczyk K, Kuczerski K, Sobczak M (2021) *Arabidopsis thaliana Myb59* Gene Is Involved in the Response to *Heterodera schachtii* Infestation, and Its Overexpression Disturbs Regular Development of Nematode-Induced Syncytia. *Int. J. Mol. Sci.* 22, 6450.
IF $_{2021}$ = 6,208, IF $_{2023}$ = 4,9, Pkt $_{2021}$ = 140, Pkt $_{2024}$ = 140, liczba cytowań: 16

H1.4. Wiśniewska A, Wojszko K, Różańska E, Lenarczyk K, Sobczak M (2022) *Arabidopsis thaliana AtHRS1* gene is involved in the response to *Heterodera schachtii* infection and its overexpression hampers development of syncytia and involves a jasmonic acid-dependent mechanism. *J Plant Physiol* 272: 153680.
IF $_{2022}$ = 4,300, IF $_{2023}$ = 4,0, Pkt $_{2023}$ = 100, Pkt $_{2024}$ = 100, liczba cytowań: 6

H1.5. Różańska E, Krępski T, **Wiśniewska A** (2023) Mutations in selected ABA-related genes reduce level of *Arabidopsis thaliana* susceptibility to the beet cyst nematode *Heterodera schachtii*. *Plants* 12: 2299.
IF $_{2023}$ = 4,0, Pkt $_{2023}$ = 70, Pkt $_{2024}$ = 70, liczba cytowań: 2

H1.6. Wojszko K, Różańska E, Sobczak M, Kuczerski K, Krępski T, **Wiśniewska A** (2023) The role of *AtPP2-A3* and *AtPP2-A8* genes encoding Nictaba-related lectin domains in the defense response of *Arabidopsis thaliana* to *Heterodera schachtii*. *Planta* 258, 40.
IF $_{2023}$ = 3,6, Pkt $_{2023}$ = 100, Pkt $_{2024}$ = 100, liczba cytowań: 1

5. Wykaz osiągnięć projektowych, konstrukcyjnych, technologicznych (z zaznaczeniem pozycji niewymienionych w pkt I.).

Nie dotyczy

6. Wykaz publicznych realizacji dzieł artystycznych (z zaznaczeniem pozycji niewymienionych w pkt I.).

Nie dotyczy

7. Wykaz wystąpień na krajowych lub międzynarodowych konferencjach naukowych lub artystycznych, z wyszczególnieniem przedstawionych wykładów na zaproszenie i wykładów plenarnych.

7.1. Wystąpienia na konferencjach międzynarodowych

Przed uzyskaniem stopnia doktora

WM1. Wiśniewska A, Filipecki M, Pietraszewska A, Malepszy S. Characterization of new genes expressed during cucumber somatic embryogenesis. 1st Conference of the Polish Society for Plant Experimental Biology, *Pol J Nat Sci* supp. 1., 3-6 September 2003, Olsztyn.

Po uzyskaniu stopnia doktora

WM2. Szafrański K, **Wiśniewska A**, Krasuska U, Gniazdowska A, Bogatek R. NO modifies the expression of genes implicated in the ethylene biosynthesis and sygnaling pathway during dormancy alleviation of apple embryos. Experimental Plant Biology in 3P: Past, Present, Perspectives. The 5th Conference of Polish Society of Experimental Plant Biology, Streszczenia str. 20., 6-9 September 2011, Wrocław.

WM3. Wiśniewska A, Dąbrowska-Bronk J, Fudali S, Baranowski Ł, Sobczak M, Filipecki M. Identifying genes crucial for plant-nematode interaction and their use in biotechnology. International Conference. Biotechnology and Plant Breeding, Perspectives Towards Food Security and Sustainability. Plant Breeding and Acclimatization Institute. Book of Abstract: 56-57, 10-12 September 2012, Radzików.

WM4. Andryka P, **Wiśniewska A**, Gniazdowska A, Bogatek R. Phytohormonal signaling is modified by NO during dormancy removal of apple embryos. 3rd International Conference and Workshop. Plant – the source of research material, 16-18 October 2013, Lublin.

7.2. Wystąpienia na konferencjach krajowych

Przed uzyskaniem stopnia doktora

WK1. Wiśniewska A, Malinowski R, Filipecki M, Malepszy S. Isolation of gene encoding transcription factors expressed during cucumber somatic embryogenesis. VIII Ogólnopolska Konferencja Biologii Komórki, *Cell Mol Biol Lett*, vol. 7, suplement, 23-25 września 2002, Wrocław.

WK2. Wiśniewska A. Wykorzystanie RNAi do badań funkcji genów zaangażowanych w proces embriogenezy u ogórka (*Cucumis sativus* L.). „Panorama RNAi w Polsce", Instytut Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu oraz Uniwersytet im. Adam Mickiewicza, 29 maja 2003, Poznań.

WK3. Wiśniewska A, Zuzga S, Filipecki M, Malepszy S. The developmental regulation of cucumber *SCARECROW* gene expression during somatic embryogenesis. Polski Kongres Genetyki, Streszczenia str. 176, 6-9 września 2004, Gdańsk.

Po uzyskaniu stopnia doktora

WK4. Filipecki M, **Wiśniewska A**, Malepszy S. Metabolic profiling – the new experimental tool in plant systems biology. IX Konferencji Biologii Komórki, 15-17 września 2005, Łódź.

WK5. Wiśniewska A, Dąbrowska-Bronk J, Fudali S, Sobczak M, Filipecki M. Identyfikacja genów pomidora istotnych dla patogenezy mątwika ziemniaczanego i ich zastosowanie w biotechnologii. Zjazd Katedr Genetyki, Hodowli Roślin, Nasiennictwa i Biotechnologii. Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie, Streszczenia str. 11., 13-14 września 2012, Kraków.

WK6. Koter M, **Wiśniewska A**, Brzyżek G, Andrzejczak O, Matuszkiewicz M, Filipecki M. Transcriptional regulation of tomato cellulases in *Globodera rostochiensis* parasitism - promoter studies and proteomics. IV Kongres Genetyki Polskiego Towarzystwa Genetycznego, 10-13 września 2013, Poznań.

WK7. Wiśniewska A, Kamińska K, Nawrocka K. Analiza elementów regulatorowych *cis* genów pomidora (*Solanum lycopersicum*) indukowanych podczas ataku mątwika ziemniaczanego (*Globodera rostochiensis*). Zjazd Katedr Genetyki, Hodowli Roślin, Nasiennictwa i Biotechnologii. Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu. Streszczenia str. 44., 12-13 czerwca 2014, Poznań, RGD Dłoń.

WK8. Chołuj D, **Wiśniewska A**, Podlaski S. Morfologiczne, fizjologiczne i biochemiczne markery związane z tolerancją buraka na suszę. Konferencja: "Burak cukrowy, cukier, energia", Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, 26-27 czerwca 2014, Warszawa.

WK9. Nawrocka K, Kamińska K, **Wiśniewska A**. Ekspansyny – białka uczestniczące w interakcji roślina-nicień. VIII Interdyscyplinarna Konferencja Naukowa TYGIEL 2016. Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie. Abstrakty str. 352., 12-13 marca 2016, Lublin.

WK10. Wiśniewska A, Nawrocka K, Kamińska K, Różańska E, Sobczak M. Analiza molekularna genów MYB i ocena ich udziału w Interakcji *Arabidopsis thaliana* - mątwik burakowy. Konferencja naukowa pt. "Nowe osiągnięcia polskich zespołów badawczych w dziedzinie genetyki, hodowli i biotechnologii roślin". Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie. Streszczenia str. 76., 8-10 czerwca 2016, Międzyzdroje.

WK11. Wojszko K, Kuczerski K, **Wiśniewska A**. „Udział wybranych genów kodujących białka z domeną PP2-like w interakcji między *Arabidopsis thaliana* a *Heterodera schachtii*. IV Ogólnopolska Konferencja pt. Genetyka i Genomika w Doskonaleniu Roślin Uprawnych, Od Rośliny modelowej do Nowej Odmiany. Instytut Genetyki Roślin PAN, Streszczenia str. 9., 5-7 listopad 2019, Poznań.

WK12. Wiśniewska A. „Katedra Fizjologii Roślin Obecnie", Konferencja 100-lecie Katedry Fizjologii Roślin Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie „*Fizjologia roślin w XXI wieku*". SGGW, 15-16 września 2022, Warszawa.

7.3. Doniesienia na konferencjach międzynarodowych w formie plakatu naukowego

Przed uzyskaniem stopnia doktora

PM1. Szwacka M, Zhimin Y, **Osuch A[1]**. Transgenic cucumber plants expressing the thaumatin gene. 102nd Event of the European Federation of Biotechnology, 09-12 May 1999, Zakopane. ([1]nazwisko panieńskie)

PM2. Filipecki M, **Wiśniewska A**, Tagashira N, Grabowska A, Pietraszewska A, Boruc J, Malepszy S. The differential expression of transcription factors during cucumber somatic embryogenesis. 7th International Congress of Plant Molecular Biology (ISPMB), 23-28 June 2003, Barcelona, Spain.

PM3. Wiśniewska A, Tagashira N, Pietraszewska A, Filipecki M, Malepszy S. Molecular characterization of novel cucumber genes encoding transcription factors. Plant & Animal Genomes XII, 10-14 January 2004, San Diego, USA.

Po uzyskaniu stopnia doktora

PM4. Szwacka M, Kielkiewicz M, Zawirska-Wojtasiak R, Gajc-Wolska J, Goslinski M, **Wisniewska A**. Attractiveness of transgenic cucumber plants containing a gene encoding sweet-tasting protein to consumers and pests. Symbiosis. Science, Industry & Society, 13th European Congress on Biotechnology, *J Biotechnol* 131S: S37., 16-19 September 2007, Barcelona, Spain.

PM5. Wiśniewska A, Dąbrowska J, Łuniewska E, Wilkowska A, Woroniecka K, Matusiak J, Filipecki M. Cloning and analysis of tomato promoters induced by *Globodera rostochiensis*. 9th International Congress of Plant Pathology (ICPP 2008) Healthy and safe food for everybody. *J Plant Pathol*, 90(2, Supplement), S2.249. 24-29 August 2008, Torino, Italy.

PM6. Szafrański K, **Wiśniewska A**, Gniazdowska A, Bogatek R. Expansin gene expression in tomato roots is modified by m-tyrosine – non protein aminoacid. 4th Conference of Polish Society of Experimental Plant Biology, *Acta Biol Cracov*, vol. 51 suppl. 2: 68., 21-25 September 2009, Kraków, Poland.

PM7. Bogatek R, Szafrański K, **Wiśniewska A**, Krasuska U, Gniazdowska A. Expression of genes related to ethylene biosynthesis and signalling pathway is modified by NO Turing dormancy breakage and germination of Apple embryos. 10th Conference of the International Society for Seed Science, Associacao Brasileira de Tecnologia de Sementes, vol 21, no1. P186., 10-15 April 2011, Costa do Sauipe, Brasil.

PM8. Sołtys D, Rudzińska-Langwald A, Gniazdowska A, **Wiśniewska A**, Solecka D, Bogatek R. Phytotoxic effects of cyanamide on tomato (*Lycopersicon esculentum* L.) root growth – alterations in hormone balance and expansins expression. Experimental Plant Biology in 3P: Past, Present, Perspectives. The 5th Conference of Polish Society of Experimental Plant Biology, Streszczenia str.161., 6-9 September 2011, Wrocław.

PM9. Sołtys D, Rudzińska-Langwald A, Gniazdowska A, **Wiśniewska A**, Solecka D, Bogatek R. Phytotoxic effects of cyanide on tomato (Lycopersicon esculentum L.) root growth -

alterations in hormone balance and expansins expression. VI Światowy Kongres Allelopatii. 15-19 December 2011, Guanghzou, Chiny.

PM10. Andryka P, **Wiśniewska A**, Krasuska U, Gniazdowska A, Bogatek R. NO-induced modification of the expression of genes implicated in ABA and gibberellins biosynthesis or degradation and signaling pathways during dormancy removal of apple embryos. 4th Plant NO Club International Meeting, 26-27 July, 2012, Edinburgh, UK.

PM11. Filipecki M, Sobczak M, **Wiśniewska A**, Dąbrowska-Bronk J, Baranowski L, Skowron W, Fudali S. Silencing of tomato NGB and NAB genes disturbs the development of syncytia. 31st International Symposium of the European Society of Nematologists. 23-27 September 2012, Adana, Turkey.

PM12. Andryka P, **Wiśniewska A**, Krasuska U, Gniazdowska A, Bogatek R. NO modifies ABA- and GA-related gene expression in germinating apple (*Malus domestica* Borkh.) embryos. 11th International POG Conference. Reactive Oxygen and Nitogen Species in Plants. BioTechnologia 94(2), P10.2., 17-19 July 2013, Warsaw, Poland.

PM13. Koter M, **Wiśniewska A**, Brzyżek G, Filipecki M. The dynamics of protein complexes interacting with regulatory regions of genes regulated on nematode infection. The first annual meeting of COST Action FA1208 "Pathogen-informed strategies for sustainable broad-spectrum crop resistance", 9-11 October 2013, Birnam, Scotland.

PM14. Koter M, Matuszkiewicz M, Baranowski Ł, Sobczak M, **Wiśniewska A**, Dąbrowska-Bronk J, Święcicka M, Skowron W, Filipecki M. Interference of nematode parasitism by silencing of plant genes. Biotechnologia 94(3), 357, 2013, 6th Conference of Polish Society of Experimental Plant Biology, 16-19 September 2013, Łódź, Poland.

PM15. Andryka P, **Wiśniewska A**, Gniazdowska A, Krasuska U, Bogatek R. NO-induced alleviation of dormancy of apple embryos is related to modification of phytohormonal signaling pathways. Biotechnologia 94(3), 308, 2013. 6th Conference Of The Polish Society Of Experimental Plant Biology, 16-19 September 2013, Łódź, Poland.

PM16. Andryka P, **Wiśniewska A**, Gniazdowska A, Olechowicz J, Bogatek R. NO acts via ROS during seed dormancy alleviation and *"sensu stricto"* germination of apple embryos. 5th Plant NO Club Meeting. 24-25 July 2014, Munich, Germany.

PM17. Chołuj D, **Wiśniewska A**, Chomontowski Ch, Wagner D, Podlaski S. The morphological and physiological responses of sugar beet to drought. 10th International Conference "Plant Functioning Under Environmental Stress". 16-19 September 2015, Cracow, Poland.

PM18. Ciąćka K, Krasuska U, **Wiśniewska A**, Gniazdowska A. NO-polyamines cross-talk during germination "sensu stricto" of apple embryos. Plant Nitric Oxide International Meeting, str 58, 14-16 September 2016, Granada, Hiszpania.

PM19. Nawrocka K, Kuczerski K, Różańska E, **Wiśniewska A**. Interaction between stress hormones and expression level of two *Arabidopsis PP2-like* genes down-regulated during *Heterodera schachtii* infestation. 11th International Conference "Plant Functioning Under Environmental Stress", str 85., 12-15 September, 2018, Cracow, Poland. (nagroda)

PM20. Kuczerski KS, Nawrocka K, Różańska E, **Wiśniewska A**. Molecular analysis of *AtMlo12* and *AtNB-ARC* genes involved in beet cyst nematode (*Heterodera schachtii*) and *Arabidopsis thaliana* interaction. 11th International Conference "Plant Functioning Under Environmental Stress", str 77., 12-15 September 2018, Cracow, Poland.

PM21. Krępski T, Różańska E, **Wiśniewska A**. Differential expression of *Arabidopsis* genes involved in ABA synthesis, signaling and catabolism during an early infection stage of beet cyst nematode (*Heterodera schachtii*). 11th International Conference "Plant Functioning Under Environmental Stress", str 130., 12-15 September 2018, Cracow, Poland.

PM22. Nawrocka K, Kuczerski KS, Różańska E, **Wiśniewska A**. Characterisation of selected genes engaged in susceptibility of *Arabidopsis thaliana* to the beet cyst nematode (*Heterodera Schachtii*). Integrative Plant Biology Conference IPG PAS, Bio-Talent. 7-9 November 2018, Poznań, Poland. (nagroda)

7.4. Doniesienia na konferencjach krajowych w formie plakatu naukowego

Przed uzyskaniem stopnia doktora

PK1. Szwacka M, Zhimin Y, **Osuch A[1]**. Characteristic of T_2 progeny of cucumber plants transformed with sense construct of thaumatin II cDNA. The 13th Symposium of the Polish Genetics Society, 22-25 September 1998, Warszawa. ([1]nazwisko panieńskie)

PK2. Wiśniewska A, Szwacka M, Malepszy S. Transgeniczne rośliny ogórka *Cucumis sativus* L. wykazujące ekspresję genu taumatyny II. XIV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetycznego, Genetyka w służbie człowieka, 11-13 czerwca 2001, Poznań.

PK3. Wiśniewska A, Malinowski R, Filipecki M, Malepszy S. Isolation of gene encoding transcription factors expressed during cucumber somatic embryogenesis. VIII Ogólnopolska Konferencja Biologii Komórki, *Cell Mol Biol Lett*, vol. 7, 2002 supplement, 23-25 września 2002, Wrocław.

PK4. Malinowski R, **Wiśniewska A**, Filipecki M, Malepszy S. Isolation of two xyloglucan endotransglycosylase genes that are expressed during cucumber somatic embryogenesis. VIII Ogólnopolska Konferencja Biologii Komórki, *Cell Mol Biol Lett*, vol. 7, 2002 supplement, 23-25 września 2002, Wrocław.

PK5. Szwacka M, Gajc-Wolska J, Ładyżyński M, **Wiśniewska A**, Malepszy S. Stable expression of the thaumatin gene encoding sweet protein in cucumber fruits. Konferencja organizowana przez Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii (MWB) Uniwersytetu Gdańskiego i Akademii Medycznej w Gdańsku: „Biotechnologia w Polsce", 25-28 września 2002, Gdańsk.

Po uzyskaniu stopnia doktora

PK6. Gniazdowska A, Dobrzyńska U, **Wiśniewska A**, Bogatek R. HCN- and NO- mediated dormancy removal of apple embryos involves stimulation of ethylene biosynthesis. 9th ISSS Conference on Seed Biology, Polish Journal of Natural Sciences, supp. 5/2008, 6-11 July, 2008, Olsztyn.

PK7. Szafrański K, **Wiśniewska A**, Gniazdowska A, Bogatek R. Allelopathic effect of m-tyrosine on expansin gene expression in tomato roots. The Conference to Honor Professor Maria J. Olszewska on Her Jubilee. The challenges of contemporary cell biology: molecular genetics, system biology, bioinformatics. Uniwersytet Łódzki, 2-21 April 2009, Łódź.

PK8. Sołtys D, **Wiśniewska A**, Gniazdowska A, Bogatek R. Cyanamide allelopathic action on root growth of tomato (Lycopersicon esculenetum) and maize (Zea mays). 55th Meeting Of Polish Botanical Society "Planta – in vivo, in vitro et in silico", *Acta Soc Bot Pol* 79, Suppl 1: 92, 6-12 September 2010, Warszawa.

PK9. Chołuj D, **Wiśniewska A**, Gozdowski D, Podlaski S. The relationship between the genetic distance and selected drought-related physiological traits of different sugar beet genotypes. IV Kongres Genetyki Polskiego Towarzystwa Genetycznego, 10-13 września 2013, Poznań.

PK10. Nawrocka K, Kuczerski K, **Wiśniewska A**. Analiza ekspresji genów *AtPP2A3* i *AtPP2A8* w korzeniach rzodkiewnika pospolitego (*Arabidopsis thaliana*) zainfekowanych przez nicienia mątwika burakowego (*Heterodera schachtii*). VI Międzyuczelniane Sympozjum Biotechnologiczne „Symbioza" im. Prof. Krzysztofa W. Szewczyka, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, 26-28 maja 2017, Warszawa.

PK11. Kuczerski K, Nawrocka K, **Wiśniewska A**. Analiza poziomu ekspresji genów *AtMlo12* oraz *AtNB-ARC* w korzeniach *Arabidopsis thaliana* infekowanych mątwikiem burakowym (*Heterodera schachtii*). VI Międzyuczelniane Sympozjum Biotechnologiczne „Symbioza" im. Prof. Krzysztofa W. Szewczyka, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, 26-28 maja 2017, Warszawa.

7.5. Wygłoszone wykłady na zaproszenie

Po uzyskaniu stopnia doktora

Wiśniewska A. Seminarium pt.: „Molekularne podłoże odpowiedzi roślin na atak nicieni pasożytniczych", Instytut Parazytologii PAN, 26 marca 2015 r., Warszawa.

8. Wykaz udziału w komitetach organizacyjnych i naukowych konferencji krajowych lub międzynarodowych, z podaniem pełnionej funkcji.

Konferencja 100-lecie Katedry Fizjologii Roślin Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie „*Fizjologia roślin w XXI wieku*" 15-16 września 2022 w Warszawie (Konferencja w dniu 16 września 2022 miała zasięg międzynarodowy). Pełniona funkcja - przewodnicząca Komitetu Organizacyjnego.

9. Wykaz uczestnictwa w pracach zespołów badawczych realizujących projekty finansowane w drodze konkursów krajowych lub zagranicznych, z podziałem na projekty zrealizowane i będące w toku realizacji, oraz z uwzględnieniem informacji o pełnionej funkcji w ramach prac zespołów.

Przed uzyskaniem stopnia doktora

PN1. Stypendystka w ramach Subsydium dla uczonych Fundacji na rzecz Nauki Polskiej dla prof. dr hab. Stefana Malepszego pt. „Rola endotransglikozylaz ksyloglukanowych w somatycznej embriogenezie ogórka", 2000-2001.

PN2. Wykonawca w grancie promotorskim Komitetu Badań Naukowych nr 3P06A02425: „Izolacja i analiza sekwencji genomowej przypuszczalnego regulatora transkrypcji 4h6 u ogórka (*Cucumis sativus* L.)", 2003-2005.

PN3. Udział w projekcie zamawianym Komitetu Badań Naukowych nr PBZ/KBN/029/P06/2000: „Funkcjonalna i genetyczna analiza przypuszczalnych regulatorów transkrypcji o zmiennej ekspresji w trakcie somatycznej embriogenezy ogórka (*Cucumis sativus* L.)", 2001-2004.

PN4. Wykonawca w grancie zamawianym Komitetu Badań Naukowych nr PBZ-KBN-089/P06/2003. Tytuł projektu: „Wykorzystanie RNAi w genomice funkcjonalnej i biotechnologii roślin uprawnych" w zakresie: „Rozpoznanie nowych mechanizmów związanych z RNAi, ważnych z punktu widzenia aplikacji." pod szczegółowym tytułem autorskim: „Wykorzystanie RNAi do uzyskania roślin pomidora o zwiększonej odporności na nicienie", 2003-2006.

Po uzyskaniu stopnia doktora

PN5. **Kierownik** projektu badawczego własnego Komitetu Badań Naukowych nr 2 P06A 032 30,. Tytuł projektu: „Analiza rejonów regulatorowych wybranych genów pomidora indukowanych przez mątwika ziemniaczanego i ocena ich przydatności dla biotechnologii", 2006-2009.

PN6. **Kierownik** projektu Narodowego Centrum Nauki OPUS 5 nr 2013/09/B/NZ9/02381. Tytuł projektu: „Rola genów kodujących czynniki transkrypcyjne MYB oraz MYB-like w interakcji pomiędzy *Arabidopsis thaliana* a mątwikiem burakowym (*Heterodera schachtii*)", 2014-2018.

PN7. **Kierownik** projektu Narodowego Centrum Nauki OPUS 9 nr 2015/17/B/NZ9/01767. Tytuł projektu: „Identyfikacja mechanizmów molekularnych warunkujących podatność *Arabidopsis thaliana* na mątwika burakowego (*Heterodera schachtii*)", 2016-2022.

PN8. Wykonawca w projekcie badawczym nr N N310021833 Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego. Tytuł projektu: „Morfologiczne, fizjologiczne i molekularne kryteria oceny tolerancji genotypów buraka cukrowego na suszę i potencjalne możliwości ich wykorzystania w hodowli tej rośliny", 2007-2010.

PN9. Wykonawca w projekcie badawczym nr N N303 0905 34 Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego. Tytuł projektu: „Udział tlenku azotu w regulacji biosyntezy etylenu w kiełkujących zarodkach jabłoni”, 2008-2011.

PN10. Wykonawca w projekcie badawczym nr N N302 593938 Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego. Tytuł projektu: „Mechanizmy indukcji degradacji roślinnej ściany komórkowej w patogenezie nicieni cystowych”, 2010-2013.

PN11. Wykonawca w projekcie badawczym nr N N303821840 Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego. Tytuł projektu: „Udział poliamin i tlenku azotu w regulacji ustępowania spoczynku i kiełkowania zarodków jabłoni (*Malus domestica* Borkh.)", 2011-2014.

PN12. Wykonawca w projekcie badawczym Narodowego Centrum Nauki nr 2011/03/D/NZ9/04059. Tytuł projektu: „Rola ligaz ubikwitynowych E3 typu CUL4-DDB1 w regulacji kiełkowania i ustępowania spoczynku nasion z rodziny *Brassicace*”, 2012-2015.

PN13. Wykonawca projektu Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi, Dz.U. z dn. 17.06.2014r. poz. 796. Dotacja na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej. Tytuł: „Identyfikacja i zastosowanie fenotypowych i molekularnych markerów tolerancji na stres suszy u buraka cukrowego” 2014-2016.

10. Wykaz członkostwa w międzynarodowych lub krajowych organizacjach i towarzystwach naukowych wraz z informacją o pełnionych funkcjach.

Członkostwo w krajowych towarzystwach naukowych

T1. Polskie Towarzystwo Biologii Eksperymentalnej Roślin – od 2011
T2. Polskie Towarzystwo Genetyczne – od 2014

11. Wykaz staży w instytucjach naukowych lub artystycznych, w tym zagranicznych, z podaniem miejsca, terminu, czasu trwania stażu i jego charakteru.

S1. Staż naukowy w Pracowni Patogenezy Roślin, Instytut Biochemii i Biofizyki, Polska Akademia Nauk, Warszawa (25-29 maj 1998).
S2. Staż naukowy w Pracowni Patogenezy Roślin, Instytut Biochemii i Biofizyki, Polska Akademia Nauk, Warszawa (16-20 sierpień 2004).
S3. Staż naukowy w Pracowni Patogenezy Roślin, Instytut Biochemii i Biofizyki, Polska Akademia Nauk, Warszawa (22-26 czerwiec 2009).
S4. Staż naukowy w Department of Plant Physiology, Faculty of Biology and Biotechnology, Ruhr-Universität Bochum, Germany (staż naukowy zagraniczny, 2 miesiące, 09.05.2012 – 08.07.2012)

12. Wykaz członkostwa w komitetach redakcyjnych i radach naukowych czasopism wraz z informacją o pełnionych funkcjach (np. redaktora naczelnego, przewodniczącego rady naukowej, itp.).

Nie dotyczy

13. Wykaz recenzowanych prac naukowych lub artystycznych, w szczególności publikowanych w czasopismach międzynarodowych.

Recenzje prac naukowych dla czasopism (łącznie 29):

R1. Acta Physiologiae Plantarum (2014)
R2. BMC Genomics (2023)
R3. International Journal of Molecular Science (2019)
R4. Journal of Experimental Botany (2017)
R5. Molecular Genetics and Genomics (2013, 2014)
R6. Molecular Plant Pathology (2017)
R7. Plant Cell, Tissue and Organ Culture (2010, 2012)
R8. Plant Cell Report (2011, 2015)
R9. Planta (2016, 2021 (3x), 2022 (8x), 2023 (3x))
R10. Plant Physiology and Biochemistry (2023 (2x), 2024)

14. Wykaz uczestnictwa w programach europejskich lub innych programach międzynarodowych.

Nie dotyczy

15. Wykaz udziału w zespołach badawczych, realizujących projekty inne niż określone w Pkt II.9.

Projekty inne

PI1. Inwestycja Budowlana MNiSW „Adaptacja i wyposażenie pomieszczenia laboratoryjnego na potrzeby prowadzenia kultur i upraw roślinnych na podłożach sterylnych w Katedrze Fizjologii Roślin SGGW na lata 2016-2017. Mój udział w tym projekcie polegał na przygotowaniu wniosku i nadzorowaniu wykonania projektu.

PI2. Projekt SGGW w Warszawie nr KSI – POKL.04.01.01-00-232/08-00 „Program unowocześniania kształcenia w SGGW dla zapewnienia konkurencyjności oraz wysokiej kompetencji absolwentów", Poddziałanie 4.1.1. „Wzmocnienie potencjału dydaktycznego uczelni", Priorytet IV POKL. Mój udział w tym projekcie polegał na prowadzeniu zajęć dydaktycznych z wykorzystaniem platformy e-learning z przedmiotu Genetyka na kierunku e-Rolnictwo w roku akademickim 2010/2011.

PI3. Projekt „Sukces z natury – kompleksowy program podniesienia jakości zarządzania procesem kształcenia i jakości nauczania SGGW w Warszawie" nr POWR.03.05.00-00-Z033/17. Mój udział w projekcie w roku 2019 polegał na modernizacji programu kształcenia studiów I stopnia na kierunku Biologia na Wydziale Rolnictwa i Biologii moduł 1, w ramach zadania 14 – Zmodernizowany program kształcenia studiów I stopnia na kierunku Biologia na Wydziale Rolnictwa i Biologii moduł 1. Projekt współfinansowany z Programu Operacyjnego Wiedza Edukacja Rozwój POWER na lata 2014-2020.

16. Wykaz uczestnictwa w zespołach oceniających wnioski o finansowanie badań, wnioski o przyznanie nagród naukowych, wnioski w innych konkursach mających charakter naukowy lub dydaktyczny.

RP1. Recenzja projektu badawczego do program Ventures dla Fundacji na rzecz Nauki Polskiej, 2010
RP2. Recenzja projektu w ramach poddziałania 1.3.2 Programu Operacyjnego Innowacyjna Gospodarka (PO IG), OPI, 2016
RP3. Członek Panelu Ekspertów NCN NZ9B, 2019
RP4. Członek Panelu Ekspertów NCN NZ9, 2020

III. WSPÓŁPRACA Z OTOCZENIEM SPOŁECZNYM I GOSPODARCZYM

1. Wykaz dorobku technologicznego.

Nie dotyczy

2. Współpraca z sektorem gospodarczym.

Kutnowska Hodowla Buraka Cukrowego Sp. z o.o. w Straszkowie – współpraca w ramach projektów badawczych finansowanych przez MNiSW i MRiRW (kryteria oceny tolerancji genotypów buraka cukrowego na suszę oraz analiza dystansu genetycznego różnych form buraka cukrowego).

3. Wykaz uzyskanych praw własności przemysłowej, w tym uzyskanych patentów krajowych lub międzynarodowych.

Nie dotyczy

4. Wykaz wdrożonych technologii.

Nie dotyczy

5. Wykaz wykonanych ekspertyz lub innych opracowań wykonanych na zamówienie instytucji publicznych lub przedsiębiorców.

Nie dotyczy

6. Wykaz udziału w zespołach eksperckich lub konkursowych.

Nie dotyczy

7. Wykaz projektów artystycznych realizowanych ze środowiskami pozaartystycznymi.

Nie dotyczy

IV. DANE NAUKOMETRYCZNE

1. Impact Factor (w dziedzinach i dyscyplinach, w których parametr ten jest powszechnie używany jako wskaźnik naukometryczny).

Sumaryczny Impact Factor (Tabela 1.) według bazy Web Of Science Core Collection (12.03.2025):
- dla publikacji wchodzących w skład osiągnięcia naukowego 1 i 2 wynosi dla danych zgodnie z rokiem opublikowania – 26,666, a dla roku 2023 – 29,3;
- dla wszystkich publikacji zgodnie z rokiem opublikowania wynosi 58,315, a dla roku 2023 – 86,0.

2. Liczba cytowań publikacji wnioskodawcy, z oddzielnym uwzględnieniem autocytowań.

Sumaryczna liczba cytowań według bazy Web Of Science Core Collection (12.03.2025) wynosi 365, bez autocytowań 339.
Sumaryczna liczba cytowań według bazy Scopus (12.03.2025) wynosi 409, bez autocytowań 386.

3. Indeks Hirscha.

Indeks Hirsha według bazy Web Of Science Core Collection (12.03.2025) wynosi **11**.
Indeks Hirsha według bazy Scopus (12.03.2025) wynosi **12**.

Tabela 1. Szczegółowe dane naukometryczne publikacji z całego okresu pracy naukowej.

Rodzaj publikacji		Liczba publikacji	Liczba punktów w roku publikacji	Liczba punktów w roku 2024	IF w roku publikacji	IF w roku 2023	Cytowania wg WOS	Cytowania wg Scopus
Publikacje wchodzące w skład osiągnięć naukowych 1 i 2		**7**	**540**	**650**	**26,666**	**29,3**	**85**	**92**
Publikacje oryginalne nie wchodzące w skład osiągnięć naukowych	przed uzyskaniem stopnia doktora	3	48	270	3,440	10,1	86	103
	po uzyskaniu stopnia doktora	11	444	1030	25,486	41,6	189	214
Monografie, rozdziały w monografiach, publikacje przeglądowe i pokonferencyjne	przed uzyskaniem stopnia doktora	2	11	60	0	0,3	2	0
	po uzyskaniu stopnia doktora	9	174	295	2,723	4,7	3	0
	Suma	**32**	**1217**	**2305**	**58,315**	**86,0**	**365**	**409**

Liczba punktów - punkty według wykazu czasopism naukowych Ministra Nauki (obejmujące Komitet Badań Naukowych, Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego oraz Ministerstwo Edukacji i Nauki)
IF – Impact Factor
WOS – baza Web Of Science Core Collection

Anita Wiśniewska
(podpis habilitanta)

Potwierdzam zgodność wydruku z dokumentem wydanym w postaci elektronicznej:

Identyfikator dokumentu	782127.1707798.2899916
Nazwa dokumentu	Załącznik_4_-_Wykaz_osiągnięć_naukowych_stanowiących_znaczny_wkład_w_rozwój_dyscypliny_-_podpis (Załącznik - RPW_10639_2025).pdf
Skrót dokumentu	29736BE2E1806B5350043ECF029FC027A8C3D3E8
Wersja dokumentu	1.0
Data podpisu	18.04.2025
Sygnatariusz	ANITA WIŚNIEWSKA
Rodzaj certyfikatu	Certyfikat kwalifikowany podpisu elektronicznego
	EZD 3.126.43.43.
Data wydruku:	26.06.2025 09:36:24
Autor wydruku:	Karolak Aleksandra w zastępstwie za Biuro Obsługi Nauki BON