dr hab. inż. Renata Galek, prof. uczelni
Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa
Zakład Genetyki i Biotechnologii Roślin
Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu

Wrocław, dnia 22 września 2025 roku

Recenzja osiągnięć naukowych

„Charakterystyka genetyczna roślin poddanych działaniu stresu abiotycznego (susza) lub biotycznego (mątwik burakowy) z uwzględnieniem analizy funkcjonalnej wybranych genów" oraz „Analiza promotorów genów pomidora indukowanych podczas interakcji roślina – nicień i ich potencjalne biotechnologiczne zastosowanie"– na podstawie cyklu powiązanych tematycznie artykułów naukowych

oraz pozostałego dorobku naukowego, organizacyjnego doktor inż. Anity Wiśniewskiej

-

Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie
Katedra Fizjologii Roślin, Instytut Biologii

ubiegającej się o nadanie stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne

1. Podstawa przygotowania recenzji

Podstawą przygotowania recenzji było pismo prof. dr hab. Agnieszki Gniazdowskiej-Piekarskiej Przewodniczącej Rady Dyscypliny Nauki Biologiczne Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie z dnia 07.07.2025 roku (BON.5110.4.2025), powiadamiające o powołaniu mojej osoby na członka Komisji habilitacyjnej i wyznaczenie mnie przez podmiot habilitujący na recenzenta. Papierowa oraz elektroniczna forma dokumentów do postępowania habilitacyjnego została przekazana 23 lipca 2025 do Kancelarii ogólnej UPWR i obejmowała:

1. Wniosek kandydatki o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne;
2. Dokument potwierdzający posiadanie stopnia doktora;
3. Autoreferat;
4. Wykaz osiągnięć naukowych stanowiących znaczny wkład w rozwój dyscypliny nauki biologiczne;
5. Oświadczenia habilitantki i współautorów publikacji wykazanych jako osiągnięcia naukowe;
6. Dokumenty zaświadczające o współpracy naukowej oraz odbytych stażach;
7. Publikacje wchodzące w skład osiągnięć – w formie elektronicznej.

Przedstawiona do oceny dokumentacja spełnia wymogi formalne do ubiegania się o stopień doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne.

2. Podstawowe dane o Kandydatce

Pani dr inż. Anita Wiśniewska ukończyła studia w 2000 r. uzyskując tytuł zawodowy magistra inżyniera biotechnologii w zakresie biotechnologii w produkcji roślinnej (Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Międzywydziałowe Studium Biotechnologii, Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin). Obroniła pracę magisterską na temat: „Poziom ekspresji genu taumatyny II w transgenicznych roślinach ogórka" realizowaną pod kierunkiem dr hab. Marii Szwackiej.
W roku 2005 r. uzyskała stopień naukowy doktora nauk rolniczych w zakresie ogrodnictwa, na Wydziale Ogrodnictwa i Architektury Krajobrazu Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie na podstawie pracy pt.: „Analiza molekularna wybranych genów ogórka ulegających ekspresji podczas embriogenezy somatycznej" realizowanej pod kierunkiem prof. dr hab. Stefana Malepszego. Pani dr inż. Anita Wiśniewska została zatrudniona na etacie adiunkta w Katedrze Fizjologii Roślin SGGW w Warszawie od 15.07.2005.

Z przedstawionych dokumentów wynika, że Kandydatka nie ubiegała się wcześniej o tytuł dr habilitowanego.

3. Obowiązujące przepisy prawa na dzień wszczęcia ocenionego postępowania habilitacyjnego

Pani dr inż. Anita Wiśniewska wystąpiła z wnioskiem o przeprowadzenie postępowania w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne w dniu 18 kwietnia 2025 roku. W sprawie nadania ww. stopnia obowiązują zapisy zawarte w Ustawie z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2024 r. poz. 1571 z póź.zm.). Zgodnie z artykułem 219 ww. ustawy stopień doktora habilitowanego nadaje się osobie, która: "1. posiada stopień doktora, 2) posiada w dorobku osiągnięcia naukowe albo artystyczne, stanowiące znaczny wkład w rozwój określonej dyscypliny", przy czym treść litery b wskazuje na: „1 cykl powiązanych tematycznie artykułów naukowych opublikowanych w czasopismach naukowych lub w recenzowanych materiałach z konferencji międzynarodowych, które w roku opublikowania artykułu w ostatecznej formie były ujęte w wykazie sporządzonym zgodnie z przepisami wydanymi na podstawie art. 267 ust. 2 pkt 2 lit. b.3) wykazuje się istotną aktywnością naukową albo artystyczną realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej."

Zgodnie z obowiązującymi przepisami stwierdzam, że przedłożona przez Panią dr inż. Anitę Wiśniewską dokumentacja spełnia wszystkie wymogi formalne określone w stosowanych aktach prawnych. Wniosek w pełni spełnia również wszystkie wymogi w każdym obszarze działalności naukowej, badawczej, dydaktycznej oraz organizacyjnej. Załączony w przesłanej dokumentacji 33- stronnicowy autoreferat przedstawia wszystkie osiągnięcia w macierzystej

uczelni jak również innych uczelniach i instytucjach oraz działalność dydaktyczną i organizacyjną.

4. **Ocena osiągnięć naukowych wskazanych przez Habilitantkę**

Na oceniany cykl składają się dwa osiągnięcia naukowe oparte na siedmiu spójnych tematycznie publikacjach. Artykuły naukowe zostały opracowane i opublikowane po otrzymaniu stopnia doktora w czasopismach znajdujących się na liście Ministerstwa Edukacji i Nauki oraz w bazie *Web of Sciences*.

Do pierwszego osiągnięcia naukowego zatytułowanego „Charakterystyka genetyczna roślin poddanych działaniu stresu abiotycznego (susza) lub biotycznego (mątwik burakowy) z uwzględnieniem analizy funkcjonalnej wybranych genów" zostały przypisane następujące publikacje:

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
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
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
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
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
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

Podstawą drugiego osiągnięcia naukowego po tytułem „Analiza promotorów genów pomidora indukowanych podczas interakcji roślina – nicień i ich potencjalne biotechnologiczne zastosowanie" jest jedna publikacja:

H2.1. Wiśniewska A*, Dąbrowska-Bronk J, Szafrański K, Fudali S, Święcicka 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

Sumaryczne wskaźniki bibliometryczne osiągnięć naukowych kształtują się następująco: Impact Factor (IF) = 26,666 (zgodnie z rokiem opublikowania artykułów naukowych) – punktacja wg MEiN/MNiSW = 540 pkt. (zgodnie z rokiem opublikowania artykułów naukowych, liczba cytowań - wg bazy WOS = 85 (stan na dzień 12.03.2025 r.) – liczba cytowań wg bazy Scopus = 92 (stan na dzień 12.03.2025 r.).

Zaangażowanie Habilitantki w przygotowanie wymienionych prac naukowych polegało między innymi na: opracowaniu koncepcji badań, udziale w przygotowaniu wniosków o finansowanie projektów badawczych, zaplanowaniu eksperymentów, współudziale w eksperymentach polowych i laboratoryjnych, opracowaniu wyników, współudziale w tworzeniu rozdziałów manuskryptu i pisaniu manuskryptów. W wyszczególnionym zbiorze prac Kandydatka była pierwszym autorem w czterech, drugim autorem jednokrotnie oraz trzecim i szóstym w kolejnych dwóch pracach, co wskazuje na znaczący jej udział w badaniach prezentowanych w ww. artykułach. Ponadto podjęła się funkcji autora korespondencyjnego we wszystkich pracach.

Celem osiągnięcia naukowego nr 1 było wskazanie przydatnych wskaźników (fizjologiczno-morfologicznych) tolerancji na suszę w połączeniu z analizą plonowania oraz wytypowanie cennych genotypów buraka cukrowego z punktu widzenia hodowli roślin, które mogą służyć jako źródła alleli tolerancji na suszę (prace H1.1. i H1.2.), a także identyfikacja i analiza funkcjonalna genów ważnych w aspekcie interakcji roślina - nicień pasożytniczy (H1.3-6).

Pierwsza część osiągnięcia naukowego nr 1 opiera się na wnikliwym podejściu oceny materiałów kolekcyjnych na abiotyczny czynnik stresowy – suszę oraz możliwości wykorzystania bioróżnorodności ocenianej w materiałach hodowlanych oraz genotypów dzikich w hodowli buraka cukrowego w połączeniu z analizą dystansu genetycznego jak również analizą funkcjonalną genów. Zakres różnorodności genetycznej ma fundamentalne znaczenie dla hodowców roślin. W przypadku buraka cukrowego obserwuje się stosunkowo wąski zakres zmienności genetycznej, jednakże istotne cechy z punktu widzenia gospodarczego - plon, biomasa, tolerancja na stres i reprodukcja są bardzo zmienne w latach. Jest to związane z poligenicznym uwarunkowaniem tych parametrów i jednocześnie w dużym stopniu mają na nie wpływ czynniki środowiskowe, w tym stresowe. W hodowli buraka cukrowego istotne znaczenie odgrywa efekt heterozji, jednakże identyfikacja jego podłoża genetycznego nie jest do końca wyjaśniona, pomimo istnienia kilku hipotez. Hodowcy dążą do poznania dystansu genetycznego w materiałach kolekcyjnych, bo też od niego zależy efektywność programów hodowlanych, w tym opartych na efekcie heterozji. Udokumentowano dodatni związek między heterozją występującą u potomstwa a dystansem genetycznym homozygotycznych form rodzicielskich, z tym że nie ma potwierdzonego stałego zakresu dystansu genetycznego jako wyznacznika, aby zagwarantować optymalny efekt heterozji w różnych pulach materiałów hodowlanych.

W pracy H1.1. przeprowadzono szeroką ocenę reakcji wybranych zasobów genetycznych buraka cukrowego na suszę. Jak wskazuje Habilitantka jednym z istotniejszych czynników abiotycznych wpływających negatywnie na plonowanie buraka cukrowego w Europie, w tym

w Polsce jest susza, która towarzyszy wzrostowi roślin coraz częściej w newralgicznych fazach ich rozwoju. Palącą potrzebą w programach hodowlanych jest potrzeba selekcji genotypów tolerancyjnych czy też odpornych, co jest utrudnione z uwagi na wielogenowe podłoże i czasochłonność selekcji na poziomie fenotypowym w warunkach prowokacyjnych (z ograniczoną dostępnością wody) wraz z analizą cech plonotwórczych. Habilitantka wychodząc naprzeciw możliwości skrócenia procedur bazujących na standardowym fenotypowaniu podjęła się przetestowania szeregu wskaźników, w tym fizjologicznych w powiązaniu z plonowaniem i wskazania najwłaściwszych do praktycznego zastosowania w hodowli roślin. W badaniach wykorzystano osiem genotypów - formy ojcowskie będące podwojonymi haploidami (linie P1, P2, P3), męskosterylne formy mateczne (MS1, MS2) oraz ich potomstwo F1 (MS×P trzy mieszańce) uzyskane z Kutnowskiej Hodowli Buraka Cukrowego w Straszkowie. Właściwości fizjologiczne i morfologiczne określano w trakcie wzrostu roślin w tunelach foliowych w doświadczeniach polowych prowadzonych w kolejnych dwóch sezonach wegetacyjnych (2008-2009). Warunki suszy uzyskano poprzez ograniczenie podlewania roślin (30-35% pojemności wodnej gleby) przez trzy miesiące. Rośliny kontrolne podlegały optymalnemu podlewaniu (do 60% pojemności wodnej gleby). Roślinom rosnącym w warunkach suszy optymalne podlewanie było przywracane po trzech miesiącach. Wyznaczono dla nich stopień regeneracji roślin, jako kluczowy wskaźnik tolerancji na suszę. Po zbiorze oceniono parametry plonu, korzeni i cukru. Zastosowana technika RAPD (losowej amplifikacji polimorficznych fragmentów DNA) oparta o analizę DNA okazała się skutecznym narzędziem badawczym na określenie zmienności genetycznej analizowanych genotypów, a wykreślony dendrogram za pomocą UPGMA zobrazował zależności genetyczne. Dzięki zastosowanym analizom statystycznym Habilitantka wskazała w pracy, że istotnie pozytywnie powiązanymi z plonem korzeni i cukru są: podobieństwo genetyczne, wydajność aparatu fotosyntetycznego (ΦPSII), wskaźnik powierzchni liści łanu (LAI), absorbcji promieniowania fotosyntetycznie czynnego (PAR) i potencjału osmotycznego liści (ψs). Wyniki uzyskanych badań pozwoliły także wytypować genotypy tolerancyjne na suszę, które zostały włączone do programów hodowlanych buraka cukrowego.

W pracy H1.2 za cel postawiono zidentyfikowanie źródła wariantów allelicznych zaangażowanych w tolerancję na suszę, wykorzystując do analiz zróżnicowane spektrum genotypów buraka cukrowego, pastewnego oraz ich dzikich krewnych. I tak też w dalszym etapie prac, wchodzących w skład pierwszego osiągnięcia, Habilitantka podjęła aspekt określenia przydatności kolejnej puli genotypów kolekcyjnych do hodowli uprawnych form buraka w oparciu o wskaźniki morfologiczne, fizjologiczne oraz zróżnicowanie na poziomie DNA. Materiał badawczy stanowiły wyselekcjonowane przez hodowców w Kutnowskiej Hodowli Buraka Cukrowego podwojone haploidy (DH) - dwa o podwyższonej (DH0734, DH0962) i dwa (DH0726, DH0960) o obniżonej tolerancji na suszę oraz męskosterylna linia O (NO0835) charakteryzującą się średnim poziomem tolerancji na suszę. Oprócz linii buraka cukrowego w eksperymencie przeprowadzonym w warunkach szklarniowych (SGGW) wykorzystano dwa genotypy dzikiego buraka *Beta vulgaris* ssp. *maritima* (187786, 187794) oraz sześć linii buraka pastewnego (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*. Na podstawie wskaźnika tolerancji na suszę,

obliczonego dla cech morfo-fizjologicznych, wykazano, że niektóre z ocenianych linii buraka pastewnego wykazywały najwyższy poziom tolerancji na suszę. Jednakże z uwagi na brak możliwości wskazania jednej lub kilku cech morfologicznych lub fizjologicznych typowych dla genotypu tolerancyjnego na suszę podjęto analizy molekularne zmierzające do identyfikacji genu/ów, których poziom ekspresji byłby skorelowany z tolerancją na suszę. W tym celu przebadano ekspresję 15 genów powiązanych wg danych literaturowych z reakcja na stres. Jak wykazała Habilitantka 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. Zasadniczo badane siedem genotypów charakteryzowało się specyficzną ekspresją analizowanych genów. Co ciekawe, genotyp buraka pastewnego najbardziej tolerancyjny na suszę nie wykazywał różnic w poziomie ekspresji genów zaangażowanych w osmoprotekcję i system antyoksydacyjny, między grupą kontrolną a grupą w warunkach suszy, w porównaniu z liniami buraka cukrowego i dzikimi. Zaś dystans genetyczny między analizowanymi formami buraka był duży i wahał się od 18 do 87%, jednak najbardziej odporne na suszę linie buraka wykazywały wysokie podobieństwo genetyczne i utworzyły wspólną grupę. Uzyskane wyniki świadczą o złożonym podłożu fizjologiczno-genetycznym u buraka w reakcji na ten czynnik stresowy, a badania podstawowe dostarczyły cennych informacji o indywidualnej reakcji materiałów kolekcyjnych na stres suszy. Zastosowana technika RAPD pozwoliła na szybką, wstępną klasyfikację materiałów kolekcyjnych i określenie dystansu genetycznego. Na podstawie wyników uzyskanych na tym etapie badań zostały wytypowane trzy linie 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 potencjalnym potomstwie.

Druga część osiągnięcia pierwszego dotyczyła „Analizy funkcjonalnej wybranych genów biorących udział w odpowiedzi rzodkiewnika pospolitego na infekcję mątwika burakowego". Habilitantka podjęła się takiego zakresu badań, z uwagi na fakt, że do głównych strat plonu w produkcji korzeni buraka cukrowego zaliczają się nicienie, w tym zwłaszcza mątwik burakowy (*Heterodera schachtii* Schmidt), jako czynnik biotyczny.

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 w badaniach podstawowych wykorzystano mutanty i transformanty z nadekspresją wybranych genów rzodkiewnika pospolitego (ekotyp Columbia, Col-0). Geny podatności wybrano w oparciu o wyniki analizy porównawczej transkryptomów syncytiów zaindukowanych w korzeniach *A. thaliana* przez *H. schachtii.* Habilitantka wytypowała geny, których ekspresja powinna ulegać zmianie podczas przebiegu infekcji korzeni przez mątwika burakowego: 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.). W rozważaniach 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 została zweryfikowana na podstawie liczby samic, które były zdolne przejść cały cykl rozwojowy bytując na ich korzeniach w odniesieniu do liczby samic rozwijających się w korzeniach roślin typu dzikiego.

W pracy H1.3. bazowała na dzikim typie ekotypu *A. thaliana* Col-0, mutantach insercyjnych T-DNA *AtMYB59* (*myb59-a i myb59-b*) oraz liniach transgenicznych z nadekspresją *AtMYB59* (*MYB59oe1/4, MYB59oe4/3 i MYB59oe8/7*). Nasiona pochodziły z Nottingham Arabidopsis Stock Centre (UK). Habilitantka potwierdziła badając rolę genu *AtMYB59,* kodującego przypuszczalny czynnik transkrypcyjny z rodziny MYB, że w interakcji *A. thaliana – H. schachtii* poziom jego ekspresji uległ obniżeniu w syncytiach po 5 i 15 dniach po infekcji (dpi). Przeprowadzona analiza aktywności dwóch fragmentów promotora tegoż genu wykazała jego indukcje głównie w korzeniach, zaś w korzeniach zainfekowanych nicieniem aktywność była hamowana w rozwijającym się syncytium. Rośliny z nadekspresją genu *AtMYB59* charakteryzowały się obniżoną podatnością, a także zaburzonym rozwojem syncytiów, natomiast mutanty okazały się bardziej podatne na mątwika burakowego. Rośliny typu dzikiego zostały poddane obserwacjom po 24 godzinach ekspozycji korzeni na kwas jasmonowy (JA), (-)-metylojasmonian (MeJA), kwas salicylowy (SA) lub kwas abscysynowy (ABA). W tym przypadku 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. Reasumując, w pracy wykazano, 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. Habilitantka przeprowadziła analizy funkcji genu *AtHRS1*, kodującego czynnik transkrypcyjny (zawierający domenę podobną do MYB) z rodziny GARP w odpowiedzi *A. thaliana* na porażenie *H. schachtii*. Rośliny WT *A. thaliana*, linie transgeniczne z nadmierną ekspresją *AtHRS1* (*HRS1oe2/9 i HRS1oe5/7*) oraz rośliny z mutacją *hrs1* zostały użyte w niniejszym badaniu i pochodziły z ekotypu Columbia (Col-0). W badaniach wykazano, że transkrypcja *AtHRS1* ulegała zmniejszeniu w korzeniach infekowanych nicieniem w 5 i 15 dpi. Natomiast nadekspresja genu *AtHRS1* prowadziła do zaburzenia rozwoju syncytiów i powodowała znaczący spadek liczby samic. Mutant *hrs1* wykazał natomiast podwyższoną podatność podobnie jak w analizie genu *AtMYB59* w poprzedniej pracy. Jak wskazuje Habilitantka analiza ekspresji genu *AtHRS1* w liściach i w korzeniach roślin nieinfekowanych, traktowanych hormonami roślinnymi wykazała, że poziom transkrypcji tego genu zwiększył się w korzeniach po potraktowaniu ich estrem metylowym kwasu jasmonowego (MeJA). Z tego powodu poddano analizie 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*). Habilitantka zgodnie z danymi literaturowymi zwróciła uwagę, że 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. Natomiast białka JAZ są

negatywnymi regulatorami genów indukowanych przez JA. Zwiększoną ekspresją analizowanych genów odnotowano w 10-dniowych syncytiach rozwijających się na korzeniach roślin typu dzikiego i mutanta, w przeciwieństwie do korzeni z nadekspresją genu *AtHRS1*, gdzie nie wychwycono akumulacji ich transkryptów. Kluczowe w tej analizie obrazy ultrastruktury syncytiów w korzeniach roślin typu dzikiego i mutantów świadczyły, że rozwijają się one podobnie. Obserwacje wykonane przy wykorzystaniu mikroskopu świetlego i elektronowego pokazały, że syncytia zaindukowane w korzeniach roślin z nadekspresją *AtHRS1* były zahamowane w rozwoju (mniejsza liczba komórek włączanych do syncytium, słabsza hipertrofia, mniejsza liczbie otworów powstających w ścianach komórkowych między elementami syncytium). Uzyskane wyniki sugerują, że obniżenie poziomu transkrypcji genu *AtHRS1* jest niezbędne do prawidłowego rozwoju syncytium.

Celem pracy naukowej H1.5. 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. Dla realizacji tego zadania wykonano testy infekcyjne na roślinach typu dzikiego i mutantach (SALK_072009/abi1-2, SAIL_547_C10, SALK_013163/abi5-2, SM_3_532, SAIL_1179_D01, SALK_069127/CYP707A1-1, SALK_201208C) i przeanalizowano w zainfekowanych korzeniach poziom ekspresji takich genów jak: *ABI1* (*ABA-INSENSI TIVE 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*). Uzyskane wyniki wykazały, że poziom akumulacji transkryptów genów *ABI2*, *ABI5* (kodujących białka uczestniczące w ścieżce sygnalnej ABA) i *CYP707A4* (kodujący enzym biorący udział w metabolizmie ABA) był zwiększony w strukturach odżywiających nicienia w 4 dpi, podczas gdy 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. A zatem jak wykazała Habilitantka znaczenie dla właściwego rozwoju mątwika burakowego w korzeniach *A. thaliana* mają znaczenie zmiany w poziomach ekspresji genów (*ABI1*, *ABI2*, *ABI5*, *CYP707A1* i *CYP707A4*).

W kolejnym etapie badań (H1.6.) Habilitantka podjęła się szczegółowej analizy funkcjonalnej genów *AtPP2-A3* i *AtPP2-A8* u *A. thaliana* w odpowiedzi na infekcję mątwikiem burakowym, ponieważ w świetle danych literaturowych funkcja białek PP2-like w odpowiedzi roślin na nicienie pasożytnicze nie jest dokładnie poznana. Spośród 30 genów kodujących białka Nictaba występujących u *A. thaliana* wybrano dwa. We wszystkich eksperymentach wykorzystano rośliny *Arabidopsis thaliana* typu dzikiego (WT) ekotyp Columbia (Col-0) jako kontrolę. Linie transgeniczne z nadekspresją *AtPP2-A3* (*PP2-A3oe7/1, PP2-A3oe9/5 i PP2-A3oe10/7*), linie z nadekspresją *AtPP2-A8* (*PP2-A8oe2/5, PP2-A8oe5/3 i PP2-A8oe8/2*) oraz mutanty (*pp2-a3-1, pp2-a3-2 i pp2-a8-1*) wykorzystane w tym eksperymencie miały również podłoże oparte na Col-0. Jak podaje Habilitantka, poziom ekspresji obu genów *AtPP2-A3* i *AtPP2-A8* malał w korzeniach zainfekowanych. Stwierdzono także, że akumulacja transkryptów *AtPP2-A3* zmniejszała się istotnie po traktowaniu roślin JA, MeJA i ABA w porównaniu z kontrolą. Natomiast ekspresja genu *AtPP2-A8* nie zmieniała się po traktowaniu JA i MeJA zaś rosła w korzeniach traktowanych SA i ABA. Organy i tkanki roślin *A. thaliana*, które nie były

infekowane miały zbliżony wzór ekspresji genów *AtPP2-A3* i *AtPP2-A8*. Nie odnotowano aktywności promotorów obu genów w liściach, pędach kwiatostanowych, pąkach kwiatowych, kwiatach i łuszczynach, zaś w nieinfekowanych korzeniach ich aktywność była wysoka. Z kolei w korzeniach zainfekowanych nie stwierdzono aktywności promotorów obu genów w miejscach infekcji i rozwijających się syncytiach. Dlatego też wykorzystano konstrukcje genowe, odpowiedzialne za syntezę białek fuzyjnych, co pozwoliło na określenie ich lokalizacji w korzeniach roślin *A. thaliana* 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. Po infekcji zaś stwierdzono, że synteza białek była niższa w elementach syncytiów i w komórkach je otaczających. Jak sugeruje Habilitantka obecność białka AtPP2-A8 w jądrach komórkowych wskazuje na jego rolę w regulacji transkrypcji. Dzięki zastosowaniu mutacji w badanych genach i ocenie fenotypowej wykazano zmniejszenie 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 Habilitantka pokazała, 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. Z uwagi, że u buraka cukrowego mamy do czynienia z bardzo ograniczoną dostępnością genów odporności, dlatego efekt może przynieść strategia na identyfikacji i analizie genów podatności. Geny podatności można modyfikować za pomocą narzędzi do edycji genomu i wykorzystywać do uzyskiwania roślin o zwiększonej tolerancji lub odporności. Badania z obszaru genomiki funkcjonalnej przeprowadzone w niniejszej pracy, potwierdzają możliwość gromadzenia puli genów, w celu uzyskania podwójnych lub potrójnych mutantów, które mogą być wykorzystane do uzyskania odmian o zwiększonej tolerancji na nicienie.

Kolejny etap badań w osiągnięciu 2 dotyczył „Analizy promotorów genów pomidora indukowanych podczas interakcji roślina – nicień i ich potencjalnego biotechnologicznego zastosowania". Czynnik biotyczny stanowił mątwik ziemniaczany, który jest szkodnikiem kwarantannowym powodującym poważne straty w uprawach ziemniaka (*Solanum tuberosum* L.), pomidora i innych gatunków roślin psiankowatych (*Solanaceae* Juss.). Habilitantka skupiła się na wyizolowaniu regionów promotorowych wybranych 5 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*)) i analizie ich aktywności w korzeniach włośnikowatych pomidora i ziemniaka, przed i w trakcie pasożytnictwa nicienia. W badaniu wykorzystano rośliny pomidora (*Lycopersicon esculentum* Mill. cv. Money Maker) i ziemniaka (*Solanum tuberosum* L. cv. Desiree), które zostały poddane transformacji przy użyciu *Agrobacterium rhizogenes*. W nieinfekowanych korzeniach włośnikowatych pomidora i ziemniaka odnotowano aktywność β-glukuronidazy (GUS) pod kontrolą poszczególnych promotorów. Jego aktywność określono również po 7, 14, 21 i 90 dniach po infekcji (dpi) korzeni włośnikowatych larwami J2 mątwika ziemniaczanego. W pierwszym terminie oceny aktywność promotora odnotowano w syncytiach tylko dla genu *NIK* w korzeniach pomidora i *CYP97A29* w korzeniach ziemniaka. Natomiast u obu gatunków badanych roślin, w kolejnych

terminach 14 i 21 dpi, zaobserwowano aktywność GUS w syncytiach u wszystkich transgenicznych linii zawierających konstrukcje genowe z badanymi promotorami genów. Po 90 dniach od infekcji aktywność GUS potwierdzono tylko dla promotora genu *NIK* w transgenicznych korzeniach ziemniaka. W pracy wykazano zatem, że promotory 5 genów pomidora (*CYP97A29, DFR, FLS, NIK i PMEI*) są aktywne w syncytiach indukowanych przez infekcję *G. rostochiensis* w korzeniach zarówno pomidora, jak i ziemniaka. Promotory te mogą być potencjalnie wykorzystywane do sterowania ekspresją produktów nicieniobójczych w roślinach transgenicznych, po dodatkowej weryfikacji funkcjonalności ich sekwencji regulatorowych, w tym analizie delecji. Jest to bardzo interesujące podejście, dające alternatywną metodę postepowania, gdy nie mamy źródeł tolerancji/odporności. Należy jednak pamiętać, że odporność na nicienie została wprowadzona do odmian ziemniaka z *Solanum tuberosum* ssp. *andigena*, *S. vernei* i *S. spegazzini.* dzięki zidentyfikowanym genom. Najczęstszym źródłem odporności na nicienie wśród obecnie uprawianych odmian ziemniaka jest gen *H1* - nadający odporność na patotypy Ro1 i Ro4 *Globodera rostochiensis* będącym szkodnikiem kwarantannowym. Zamiast fenotypowej selekcji zostały zaproponowane hodowli markery molekularne.

Zważywszy na uzyskane wyniki badań przez Habilitantkę należy nadmienić, że postęp odmianowy jest realizowany na drodze ukierunkowanych zmian genetycznych, mających na celu poprawę określonych właściwości rolniczych i użytkowych odmian. Najczęściej dotyczy on wzrostu plonowania oraz wielu innych cech wpływających bezpośrednio na plonowanie. Aby uzyskać odpowiednie parametry plonotwórcze konieczne jest wprowadzanie do nowych kreacji odmian roślin cech odporności lub tolerancji na różne czynniki biotyczne (choroby, szkodniki) i abiotyczne (niskie i wysokie temperatury, jakość lub zakwaszenie gleby, niedobór i nad miar opadów itp.) ograniczające plonowanie, a także inne specyficzne cechy, decydujące o właściwościach rolniczych czy użytkowych odmian. Istotną właściwością nowych odmian jest chociażby zdolność regeneracji roślin po ustąpieniu stresu, np. suszy. Jest to kluczowe w związku ze zmieniającym się chociażby klimatem i coraz częściej występujących ekstremalnych zjawisk pogodowych. W hodowli buraka cukrowego odnotowuje się znaczny postęp, co roku przybywa nowych odmian w KR – 193 w 2025 roku. Niestety udział w rejestrze odmian pochodzących z krajowej hodowli na początku roku 2025 wynosił – 18,1%. Niewielu też hodowców deklaruje tolerancję na mątwika burakowego. Zarejestrowane odmiany pochodzą z dwóch krajowych i sześciu zagranicznych firm hodowlano-nasiennych. Należy podkreślić, że podjęte przez Habilitantkę badania, w tym podstawowe są bardzo ważne z punktu widzenia wsparcia polskiej hodowli buraka cukrowego i kontynuowania współpracy, pod kątem dalszego przełożenia uzyskanych wyników w ramach badań podstawowych do praktyki. Z kolei na przykład w przypadku hodowli ziemniaka udział odmian zarejestrowanych przez firmy polskie kształtuje się na poziomie 78% (ze 119 zarejestrowanych odmian ziemniaka w 2025 roku). Należy zaakcentować, że przedstawione osiągnięcia przez Habilitantkę stanowią istotne ujęcie zdarzeń na poziomie molekularnym jak i fenotypowym. Habilitantka potwierdziła w swoich badaniach pracując na różnych obiektach doświadczalnych reprezentujących różne gatunki roślin, że fitohormony roślinne odgrywają istotną funkcję w regulacji procesów rozwojowych i szlaków przekazywania sygnałów zaangażowanych w reakcje roślin na stres abiotyczny (susza) oraz biotyczny (mątwik burakowy i ziemniaczany). Z uwagi też na

ograniczoną ilość badań o roli ABA w indukowaniu podatności lub odporności na nicienie podjęła się określenia jego udziału w reakcji roślin na infekcje.

W mojej opinii wyniki przedstawione w publikacjach wchodzących w skład osiągnięć naukowych wnoszą nowy, istotny wkład w rozwój dziedziny nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne oraz mają duże znaczenie utylitarne. Do najważniejszych zagadnień poznawczych i aplikacyjnych omawianych osiągnięć można zaliczyć:

- zaproponowanie wskaźników powiązanych z plonem korzeni i cukru, które mogą być wykorzystane w selekcji form buraka cukrowego tolerancyjnych na suszę w określonym zestawie genotypów;
- ustalenie w puli materiałów hodowlanych zakresu dystansu genetycznego dla form rodzicielskich buraka cukrowego, dla którego potomstwo wykazało efekt heterozji, co ma aspekt aplikacyjny do wykorzystania w hodowli heterozyjnej;
- wykazanie, że formy tolerancyjne i podatne buraka cukrowego na suszę charakteryzują się swoistymi zmianami wzorów ekspresji genów w warunkach kontrolnych i suszy, a zatem konieczne jest indywidualne podejście do poszczególnych genotypów;
- wytypowanie linii buraka pastewnego, które mogą mieć znaczenie w doskonaleniu buraka cukrowego na drodze krzyżowań pod kątem zwiększenia *loci* cech ilościowych wpływających na zwiększenie tolerancji na suszę;
- udokumentowanie na poziomie molekularnym, że takie geny jak: *AtMYB59*, *AtHRS1*, *AtABI1*, *AtABI2*, *AtABI5*, *AtCYP707A1*, *AtCYP707A4*, *AtPP2-A3* i *AtPP2-A8* odgrywają istotną funkcję u *A. thaliana* w interakcji *A. thaliana* z mątwikiem burakowym;
- wykazanie udziału hormonów stresowych - JA, SA i ABA w regulacji transkrypcji genów *AtMYB59*, *AtHRS1*, *AtPP2-A3* i *AtPP2-A8*;
- potwierdzenie roli genu *AtHRS1* w regulacji wybranych elementów syntezy i transdukcji sygnału JA: *AtAOC1*, *AtAOC2*, *At2OG*, *AtJAZ10* i *AtJRG21*;
- opracowanie protokołu, bazującego na wybranych promotorach genów pomidora indukowanych w syncytiach przez mątwika ziemniaczanego, do kontroli poziomu ekspresji genów u transgenicznych roślin pomidora i ziemniaka celem zwiększenia tolerancji na nicienia, a także w systemach służących do precyzyjnej analizy ekspresji genów w syncytiach.

Reasumując, cykl prac wchodzących w skład osiągnięć naukowych oceniam pozytywnie i uważam że jednoznacznie kwalifikują Panią dr inż. Anitę Wiśniewską do ubiegania się o nadanie stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne.

5. **Aktywność naukowa albo artystyczna realizowana w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej instytucji naukowej**

Do istotnych aktywności Habilitantki zaliczyć należy realizację staży naukowych - trzech krajowych i jednego zagranicznego. Podjęta w ramach staży współpraca badawczo-naukowa zaowocowała opublikowaniem czterech artykułów naukowych, gdzie jeden z nich, realizowany podczas trzeciego pobytu w Pracowni Patogenezy Roślin, Instytutu Biochemii i Biofizyki, Polskiej Akademii Nauk stanowi osiągnięcie w niniejszym postępowaniu

habilitacyjnym. Jednocześnie wiedza zdobyta podczas staży okazała się istotna do przygotowania i skutecznego pozyskania a potem zrealizowania takich projektów badawczych jak:

- „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).

Staże naukowe krajowe miały miejsce w Pracowni Patogenezy Roślin (Instytut Biochemii i Biofizyki, Polskiej Akademii Nauk w Warszawie) i odbyły się kolejno: 25-29 maja 1998, 16-20 sierpnia 2004 oraz 22-26 czerwca 2009. Miały one charakter naukowo-badawczy i były realizowane pod opieką prof. dr hab. Magdaleny Krzymowskiej oraz prof. dr hab. Jacka Henniga. W trakcie pierwszego stażu, przy realizacji pracy magisterskiej, przeprowadzono badania dotyczące charakterystyki molekularnej transgenicznych linii ogórka, do którego genomu został wprowadzony gen kodujący słodkie białko taumatynę II. Drugi staż miał miejsce podczas realizowania elementów pracy doktorskiej, która obejmowała analizy molekularne wybranych genów ogórka ulegających ekspresji podczas embriogenezy somatycznej.

Trzeci staż był związany z wykonywanym nowym tematem badawczym dotyczącym analizy aktywności promotorów genów indukowanych podczas żerowania mątwika ziemniaczanego w korzeniach włośnikowatych pomidora i ziemniaka. Dzięki stażowi Habilitantka rozszerzyła swój warsztat o techniki mikroskopowe wraz z dokumentacją wyników reakcji histochemicznych.

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) Habilitantka realizowała w zespole prof. dr Ute Krämer w obszarze inżynierii genetycznej i biologii molekularnej.

Pani dr inż. Anita Wiśniewska uczestniczyła aktywnie w pracach zespołów badawczych realizujących projekty finansowane w drodze konkursów krajowych - przed uzyskaniem stopnia doktora - 4 oraz po - 9. W trzech z nich, po uzyskaniu stopnia doktora, pełniła funkcję kierownika:

1. Projekt badawczy własny nr 2 P06A 032 30. Tytuł projektu: „Analiza rejonów regulatorowych wybranych genów pomidora indukowanych przez mątwika ziemniaczanego i ocena ich przydatności dla biotechnologii", 2006-2009.31
2. 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.
3. 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.

Na uwagę zasługuje wieloletnia współpraca naukowa poświęcona identyfikacji wskaźników tolerancji na suszę oraz analizie dystansu genetycznego różnych obiektów *Beta*, w tym genotypów buraka cukrowego z Kutnowską Hodowlą Buraka Cukrowego Sp. z o.o. w

Straszkowie. Współpraca naukowa odbywała się między innymi w ramach projektów naukowych:

- 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.
- 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.

Ponadto w latach 2010 – 2024 Habilitantka wykonała 29 recenzji prac naukowych w czasopismach z IF. Uczestniczyła w pracach zespołów oceniających wnioski o finansowanie badań:

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

Habilitantka w swojej aktywności naukowej wykazała się szerokim spektrum współpracy, mającym istotny wpływ na podejmowane kierunki badań. Pełniła też funkcje kierownicze w projektach, co świadczy o jej dużej samodzielności a w wielu była też wykonawcą.

6. Ocena pozostałego dorobku naukowego Kandydatki

Z dostarczonej dokumentacji wynika, że dorobek naukowy Habilitantki obejmuje łącznie 32 publikacje, w tym 7 stanowiących osiągnięcia naukowe 1 oraz 2. W tym jest również współautorem jednej monografii oraz rozdziałów w dwóch monografiach naukowych. Jej aktywność naukowa przejawiała się również w postaci wystąpień na konferencjach o zasięgu krajowym (12) jak i międzynarodowym (4), doniesień w formie plakatu naukowego - 33 (w tym 22 na konferencjach międzynarodowych). Na zaproszenie w 2015 roku wygłosiła w Instytucie Parazytologii PAN wykład poświęcony „Molekularnemu podłożu odpowiedzi roślin na atak nicieni pasożytniczych".

Dorobek naukowy Habilitantki cechuje wyraźnie zarysowany nurt aplikacyjno-badawczy, który jest konsekwentnie poszerzany. Poza siedmioma pracami, które posłużyły do przygotowania osiągnięć naukowych aktywność badawcza Habilitantki skupiła się w kilku obszarach tematycznych:

- charakterystyce linii transgenicznych ogórka zawierających gen taumatyny II.;
- analizie funkcjonalnej genów ulegających zróżnicowanej ekspresji podczas embriogenezy somatycznej u ogórka;
- zmian metabolicznych w komórkach roślin transgenicznych i regenerowanych w roślinnych kulturach *in vitro*;
- badań nad przełamywaniem spoczynku zarodków jabłoni lub mechanizmu działania cyjanamidu na wzrost korzeni pomidora.

W ramach tych problematyk Kandydatka opublikowała wyniki badań w renomowanych czasopismach o zasięgu międzynarodowym, między innymi w: *Food Biotechnology, Folia Horticulture, Journal of Biotechnology, Biology Plantarum, Journal of Plant Physiology, Physiology Pplantarum, Plant Physiology and Biochemistry, Acta Physiologiae Plantarum, Plant Cell, Tissue and Organ Culture, Cellular and Molecular Biology Letters, Journal Applied of Genetics, Planta, International Journal of Molecular Sciences.*

Po uzyskaniu stopnia doktora Kandydatka opublikowała prace opatrzone współczynnikiem wpływu IF, który wyniósł 58,315 (w tym 26,666 za publikacje wykorzystane do osiągnięć) zgodnie z rokiem opublikowania. Liczba cytowań publikacji wnioskodawczyni, z oddzielnym uwzględnieniem autocytowań, kształtuje się następująco wg kolejnych baz: Web of Science Core Collection– łączna liczba cytowań – 365 (bez autocytowań – 339); Scopus – łączna liczba cytowań – 409 (bez autocytowań – 386); Indeks Hirscha wg bazy Web of Science Core Collection 11 , Scopus 12 (dane na dzień 12.03.2025).

Punkty MNiSW za publikacje, zgodnie z rokiem opublikowania, wynoszą łącznie 1217 (przed uzyskaniem stopnia doktora – 59; po uzyskaniu stopnia doktora – 1158, w tym 540 pkt za publikacje wykorzystane do osiągnięć. Należy nadmienić, że działalność naukowa Habilitantki została uhonorowana dyplomami (Dyplom uznania w konkursie na najlepszą prezentację Młodego Genetyka podczas Polskiego Kongresu Genetyki, Gdańsk, 6-9 września 2004 r. w sesji Genetyka Roślin; Dyplom uznania za wyróżniającą pracę doktorską przyznany uchwałą Rady Wydziału Ogrodnictwa i Architektury Krajobrazu SGGW z dnia 23 marca 2005 r.) oraz nagrodami indywidualnymi oraz zespołowymi Rektora SGGW (indywidualne w 2009 i 2014 roku; zespołowe w 2010, 2013, 2015, 2020 roku).

Reasumując, parametry naukometryczne całokształtu dorobku naukowego świadczą o kompetencjach w obranych kierunkach badawczo - aplikacyjnych Habilitantki i są podstawą starań o nadanie Kandydatce stopnia doktora habilitowanego.

7. Ocena osiągnięć dydaktycznych, organizacyjnych oraz popularyzujących naukę

Pani dr inż. Anita Wiśniewska w ramach działalności dydaktycznej prowadziła i prowadzi zajęcia dydaktyczne w formie wykładów, ćwiczeń i fakultetów na kierunkach takich Wydziałów jak: Biologii i Biotechnologii, Rolnictwa i Biologii (obecnie Wydział Rolnictwa i Ekologii), Ogrodnictwa, Biotechnologii i Architektury Krajobrazu (obecnie Wydział Ogrodniczy) oraz dla Międzywydziałowego Studium Biotechnologii. Habilitantka w sposób aktywny brała i bierze udział w procesie dydaktycznym, poprzez opracowanie i prowadzenie szeregu wykładów, między innymi takich jak:

- Ewolucjonizm - (współprowadzi 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.).

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

Ponadto opracowała i prowadziła/prowadzi 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.).

Jest współautorem nowego wydania „Przewodnika do ćwiczeń z genetyki" (2025, *Wydawnictwo SGGW*, Warszawa - przyjęty do druku po recenzjach).

Habilitantka brała udział w projektach i szkoleniach mających na celu wdrażanie nowoczesnych technologii nauczania oraz modernizacji programów nauczania:
- 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);
- 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. (01.02.2019-30.04.2019);
- 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;
- 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;
- Seminarium szkoleniowe: Generatywna SI w nauce i dydaktyce w SGGW. 22 października 2024. Organizacja Naukowa Sieć Informacyjna, Biblioteka SGGW.

Habilitanta sprawowała również funkcję promotora przy realizacji 33 prac: licencjackich (5), inżynierskich (16) oraz magisterskich (12). Recenzowała 45 prac, w tym 17 prac inżynierskich, 14 prac licencjackich i 14 prac magisterskich. Podjęła się też roli 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

Ponadto Habilitantka w latach 2016 - 2019 pełniła funkcję Członka Komisji Dydaktycznej przy Wydziale Rolnictwa i Biologii, a w roku 2017 funkcję przewodniczącej podkomisji dydaktycznej ds. kierunku Biologia jak również Członka Komisji do spraw Praktyk dla studentów kierunku Biologia (2008-2016).

Do zasadniczej działalności organizacyjnej Habilitantki należy zaliczyć podjęcie się bycia kierowniczką Katedry Fizjologii Roślin SGGW w trzech kolejnych kadencjach (01.2017-09.2019, 10.2019-12.2020, 01.2021- 12.2024). Z uwagi na zmiany kadrowe będące wynikiem wymiany pokoleń oraz nowymi trendami w nauce Pani dr inż. Anita Wiśniewska postawiła sobie za cel zmodernizowanie zaplecza badawczo-dydaktycznego starając się między innymi o nową aparaturę czy sprzęt audiowizualny. Dzięki jej wysiłkom powstały 4 nowe pracownie: biologii molekularnej, fotosyntezy, struktury białek oraz chromatografii. Przygotowała a następnie aktywnie też realizowała 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).Unowocześnione zaplecze badawczo-dydaktyczne przyczyniło się do rozszerzenia możliwości pracowników jednostki o pozyskiwanie projektów badawczych i stworzenie studentom warunków do zapoznawania się z najnowszymi technikami badawczymi. Warto nadmienić, że w jednostce w latach 2017-2024 realizowano 11 projektów z Narodowego Centrum Nauki i jeden z Narodowej Agencji Wymiany Akademickiej.

Habilitantka jako Przewodnicząca Komitetu Organizacyjnego brała udział w organizacji konferencji o zasięgu międzynarodowym z okazji 100-lecia Katedry Fizjologii Roślin („Fizjologia roślin w XXI wieku" 15-16 września 2022).

Habilitantka została uhonorowana nagrodami za osiągnięcia organizacyjne Rektora SGGW: indywidualne (2017 i 2019) oraz zespołową (2023).

W zakresie osiągnięć popularyzujących naukę należy uznać opublikowanie prac popularno-naukowych (2) oraz przeglądowych (5).

Należy nadmienić, że Pani dr inż. Anita Wiśniewska jest bądź była członkinią: z wyboru Rady Wydziału Rolnictwa i Biologii SGGW - od 12 marca 2018 do 30 września 2019; z wyboru Rady Dyscypliny Nauki Biologiczne SGGW - od 8 października 2019 do 31 grudnia 2024; Komisji Finansowej przy Instytucie Biologii w kadencjach 2019-2020 i 2021-2024; z wyboru Rady Instytutu Biologii SGGW - od stycznia 2025. Ponadto należy do Polskiego Towarzystwa Biologii Eksperymentalnej (od 2011) oraz Polskiego Towarzystwa Genetycznego (od 2014).

Podsumowując ocenę aktywności dydaktycznej, organizacyjnej i popularyzatorskiej stwierdzam, że Pani dr inż. Anita Wiśniewska jest doświadczonym pracownikiem i spełnia kryteria oceny stawiane kandydatom do stopnia doktora habilitowanego.

8. Wniosek końcowy

Dorobek naukowy Pani dr inż. Anity Wiśniewskiej, przedstawiony do postępowania habilitacyjnego, stanowi spójne tematycznie opracowanie dotyczące charakterystyki materiałów hodowlanych buraka cukrowego w aspekcie stresu suszy oraz zbadania molekularnego podłoża wybranych gatunków roślin w reakcji na czynniki abiotyczne i biotyczne z jednoczesnym opracowaniem i wykazaniem przydatności narzędzi biotechnologicznych, w tym z zakresu inżynierii genetycznej. Uzyskane wyniki badań mają nie tylko wydźwięk krajowy, ale też międzynarodowy, gdyż wnoszą istotny wkład w rozwój nauki na poziomie badań podstawowych i opracowania protokołów o charakterze aplikacyjnym. Publikacje stanowiące dokonanie naukowe spełniają kryteria formalne i merytoryczne stawiane osiągnięciom naukowym i mają odpowiednie parametry naukometryczne.

W świetle analizy dorobku naukowego będącego osiągnięciem naukowym Pani dr inż. Anity Wiśniewskiej oraz całokształtu dorobku badawczego - **wkładu w rozwój nauk podstawowych oraz aplikacyjnej hodowli roślin**, a także działalności dydaktycznej i organizacyjnej stwierdzam, że przedłożone osiągnięcia naukowe Habilitantki spełniają kryteria określone w ustawie o stopniach naukowych i tytule w zakresie sztuki z dnia 20 lipca 2018 r. – Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz.U. z 2024 r. poz. 1571 z późn. zm.). **W związku z powyższym stawiam wniosek do Rady Dyscypliny Nauki Biologiczne Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie o nadanie Pani dr inż. Anicie Wiśniewskiej stopnia naukowego doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne.**

R. Galek

.....

dr hab. inż. Renata Galek, prof. uczelni

50-363 Wrocław, pl. Grunwaldzki 24a
tel. 71 320 18 26, fax 71 320 18 28
NIP 896-000-53-54

OPŁATA POBRANA
TAXE PERÇUE - POLOGNE
Umowa z Pocztą Polską S.A.
ID nr 558561/D

BON

KANCELARIA GŁÓWNA SGGW
2025 -09- 26
WPŁYNĘŁO DNIA -8-

RPW/25829/2025 N
Data: 2025-09-26

R (00)859007734033475814
(00)859007734033475814
(00)859007734033475814
Poczta Polska
Opłata pobrana ____ zł ___ gr
2025

Biuro Obsługi Nauki
Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego
w Warszawie
ul. Nowoursynowska 166
02-787 WARSZAWA

PH/752/2025