

Wrocław, 8.04.2013 r.

Dr hab. Henryk Bujak prof. nadzw.

Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu

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

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

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

Przedstawione do oceny osiągnięcie naukowe dr Beaty Myśków to monografia opublikowana przez Wydawnictwo Uczelniane Zachodniopomorskiego Uniwersytetu Technologicznego w Szczecinie, zatytułowana „Identyfikacja loci cech ilościowych (QTL) kontrolujących wczesność i podatność na porastanie u żyta (*Secale cereale* L.) z wykorzystaniem zagęszczonych map genetycznych populacji rekombinacyjnych linii wsobnych (RIL)”. Opracowanie liczy 84 strony druku, w tym 22 tabele, 8 rysunków i 118 pozycji literatury oraz streszczenia w języku angielskim i niemieckim.

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

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

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

Postawienie sobie ambitnego celu było możliwe dzięki wcześniej zdobytemu przez Habilitantkę w trakcie pracy w Katedrze, doświadczeniu oraz posiadaniu map genetycznych żyta, które wcześniej były stopniowo zgęszczane. Były to mapy genetyczne utworzone dla populacji mapujących pokolenia F_2 oraz wyprowadzonych z nich populacji rekombinacyjnych linii wsobnych (RIL).

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Podsumowując przedstawione do oceny osiągnięcie naukowe przedstawione przez dr Beatę Myśków w postaci monografii pt. „Identyfikacja loci cech ilościowych (QTL) kontrolujących wczesność i podatność na porastanie u żyta (*Secale cereale* L.) z wykorzystaniem zagęszczonych map genetycznych populacji rekombinacyjnych linii wsobnych (RIL)” należy stwierdzić, że są one nowatorskie i wnoszą wiele nowych informacji do dotychczasowej wiedzy w dyscyplinie naukowej agronomii, a zwłaszcza na temat loci cech ilościowych kontrolujących genetyczne podłoże dziedziczenia wczesności i podatności na porastanie u żyta. Wyniki badań oprócz niewątpliwie wysokiej wartości naukowej posiadają także walory aplikacyjne i mogą zostać wykorzystane w programach hodowli żyta do uzyskania wysokoplennych odmian o podwyższonej odporności na porastanie.

- **Ocena aktywności naukowej**

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

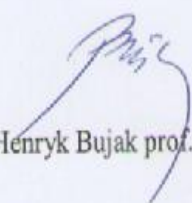
Kandydatka jest członkiem Polskiego Towarzystwa Genetycznego, gdzie w obecnej kadencji objęła stanowisko sekretarza Oddziału Szczecińskiego.

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

• **Wniosek końcowy**

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

Na podstawie analizy: osiągnięcia naukowego, aktywności naukowej, dorobku dydaktycznego i popularyzatorskiego oraz współpracy międzynarodowej stwierdzam, że dr Beata Myśków spełnia warunki określone w ustawie z dnia 18 marca 2011 roku o zmianie ustawy - Prawo o szkolnictwie wyższym, ustawy o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki oraz o zmianie niektórych innych ustaw (Dz. U. Nr 84, poz. 455), a także przepisów wykonawczych - Rozporządzenie Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 1 września 2011 roku (Dz. U. Nr 196, poz. 1165) i jest przygotowana do samodzielnej pracy naukowej.


Dr hab. Henryk Bujak prof. nadzw. UP