Wrocław, 8.01.2024 r.

Prof. dr hab. Henryk Bujak
Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa
Wydział Przyrodniczo-Technologiczny
Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu
Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych w Słupi Wielkiej

Ocena

osiągnięcia naukowego oraz dorobku naukowego, dydaktycznego i organizacyjnego dr inż. Krzysztofa Mikołajczaka w związku z postępowaniem w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo przez Radę Naukową Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu

Informacje ogólne

Dr inż. Krzysztof Mikołajczak jest absolwentem Wydziału Rolniczego Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu. Dyplom magistra inżyniera na kierunku biotechnologia otrzymał w 2009 roku na podstawie pracy magisterskiej pt. „Optymalizacja produkcji biodiesla metodą transestryfikacji enzymatycznej odpadowych tłuszczów wołowych" wykonanej pod kierunkiem prof. dr hab. Grażyny Lewandowicz.

Stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie agronomia uzyskał w 2015 roku na podstawie rozprawy doktorskiej pt. „Mapowanie loci cech ilościowych związanych z plonowaniem w warunkach niedoboru wody linii rekombinacyjnych jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.) segregujących w locus *denso*" zrealizowanej w Instytucie Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk pod kierunkiem prof. dr hab. Marii Surmy, a promotorem pomocniczym rozpray była dr hab. Anetta Kuczyńska, prof. IGR PAN.

Pracę zawodową dr inż. Krzysztof Mikołajczak podjął w 2010 roku na stanowisku asystenta w Instytucie Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu w Zakładzie Biotechnologii. Od 2010 roku do chwili obecnej pracuje w Instytucie Genetyki Roślin PAN w Zakładzie Biotechnologii, początkowo na stanowisku asystenta, następnie na stanowisku specjalisty biotechnologa, a obecnie w Zakładzie Fenomiki Zbóż na stanowisku adiunkta. W trakcie pracy w Instytucie dr inż. Krzysztof Mikołajczak podnosił swoje kwalifikacje zawodowe kończąc Studia podyplomowe pod nazwą Menadżer Projektu Badawczo-Rozwojowego, a także uczestnicząc w stażach zagranicznych:

1) Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Molecular Genetics Department, Gatersleben, Niemcy; podejmując współpracę naukową z prof. Thomasem Altmannen i dr Astrid Junker (14 tygodnie).
2) University of Bologna, Department of Agricultural and Food Sciences, Bolonia, Włochy; współpraca naukowa z prof. Marią Teresą Rodriguez-Estrada, prof. Vladimiro Cardenią (4 miesiące).
3) ALSiA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto, Włochy; współpraca naukowa z dr. Francesco Cellinim, dr. Angelo Petrozzą (łącznie 30 tygodni).
4) University of Adelaide, Plant Accelerator Unit, Adelajda, Australia; współpraca naukowa z prof. Bettiną Berger (5 tygodni).
5) Servicio de Cuantificacion de Hormonas del IBMCP, Instituto de Biologia Moleculary Celular de Plantas, Universidad Politecnica de Valencia, Walencia, Hiszpania; współpraca naukowa z dr Esther Carrera Bergua.

6) Universitat de Barcelona, Departament de Biologia Evolutiva, Ecologia i Ciències Ambientals Secció de Fisiologia Vegetal, Barcelona, Hiszpania; współpraca naukowa z prof. Sergi Munné-Boschem.
7) Humboldt University in Berlin, Plant Cell and Molecular Biology, Berlin, Niemcy; współpraca naukowa z prof. Kerstin Kaufmann.
8) National Plant Phenomics Centre, Aberystwyth University, Wielka Brytania; współpraca naukowa z prof. Johnem H. Doonanem

Dzięki pobytom w zagranicznych palcówkach naukowych oraz współpracy z szeregim krajowych jednostek naukowych poszerzał swoją wiedzę oraz warsztat badawczy z zakresu biologii molekularnej, nieinwazyjnego obrazowania roślin, ekstrakcji z tkanek roślinnych oraz oznaczania lipidów i steroli oraz analiz wyników z sekwencjonowania, a także analizy funkcjonalnej. Praktyczne umiejętności pracy w laboratoriach biotechnologicznych umożliwiły mu realizowanie projektów badawczych finansowanych zarówno ze źródeł międzynarodowych (Horizon 2020, European Plant Phenotyping Network), jak i krajowych (Narodowe Centrum Nauki, Narodowe Centrum Badań i Rozwoju, Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi, Rządowy Program Wieloletni RM, Program Innowacyjna Gospodarka).

Ocena osiągnięć naukowo-badawczych

Dr inż. Krzysztof Mikołajczak jako osiągnięcie naukowe, w staraniach o uzyskanie stopnia naukowego doktora habilitowanego przedstawia cykl siedmiu oryginalnych publikacji naukowych pod wspólnym tytułem **„Wieloaspektowa charakterystyka zmian zachodzących w roślinach jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.) pod wpływem stresów abiotycznych".** W skład osiągnięcia naukowego wchodzą następujące pozycje:

1) **Mikołajczak K.**, Ogrodowicz P., Gudyś K., Krystkowiak K., Sawikowska A., Frohmberg W., Górny A., Kędziora A., Jankowiak J., Józefczyk D., Karg G., Andrusiak J., Krajewski P., Szarejko I., Surma M., Adamski T., Guzy-Wróbelska J., Kuczyńska A. (2016) Quantitative Trait Loci for Yield and Yield-Related Traits in Spring Barley Populations Derived from Crosses between European and Syrian Cultivars. *PLoS ONE 11(5)*: e0155938. DOI:10.1371/ journal.pone.0155938. **(MNiSW 35 pkt; IF = 2,806)**
2) **Mikołajczak K.**, Kuczyńska A., Krajewski P., Sawikowska A., Surma M., Ogrodowicz P., Adamski T., Krystkowiak K., Górny A.G., Kempa M., Szarejko I., Guzy-Wróbelska J., Gudyś K. (2017) Quantitative trait loci for plant height in Maresi × CamB barley population and their associations with yield-related traits under different water regimes. *Journal of Applied Genetics 58(1)*: 23-35. DOI 10.1007/s13353-016-0358-1. **(MNiSW 20 pkt; IF = 1,756)**
3) **Mikołajczak K.**, Ogrodowicz P., Ćwiek-Kupczyńska H., Weigelt-Fischer K., Mothukuri S.R., Junker A., Altmann T., Krystkowiak K., Adamski T., Surma M., Kuczyńska A., Krajewski P. (2020) Image phenotyping of spring barley (*Hordeum vulgare* L.) RIL population under drought: selection of traits and biological interpretation. *Frontiers in Plant Science 11*:743. DOI: 10.3389/fpls.2020.00743. **(MNiSW 100 pkt; IF = 4,402)**
4) **Mikołajczak K.**, Kuczyńska A., Krajewski P., Kempa M., Nuc M. (2023) Transcriptome profiling disclosed the effect of single and combined drought and heat stress on reprogramming of genes expression in barley flag leaf. *Frontiers in Plant Science 13*:1096685. DOI: 10.3389/fpls.2022.1096685. **(MNiSW 140 pkt; IF = 5,6)**
5) **Mikołajczak K.**, Kuczyńska A., Krajewski P., Kempa M., Witaszak N. (2023) Global proteome profiling revealed the adaptive reprogramming of barley flag leaf to drought

and elevated temperature. *Cells 12(13)*, 1685; DOI: doi.org/10.3390/cells12131685. **(MNiSW 140 pkt; IF = 6,0)**

6) Kuczyńska A., Cardenia V., Ogrodowicz P., Kempa M., Rodriguez-Estrada M.T., **Mikołajczak K.** (2019) Effects of multiple abiotic stresses on lipids and sterols profile in barley leaves (*Hordeum vulgare* L.). *Plant Physiology and Biochemistry 141*: 215-224. DOI: doi.org/10.1016/j.plaphy.2019.05.033. **(MNiSW 70 pkt; IF = 3,720)**
7) **Mikołajczak K.**, Kuczyńska A., Ogrodowicz P., Kiełbowicz-Matuk A., Ćwiek-Kupczyńska H., Daszkowska-Golec A., Szarejko I., Surma M., Krajewski P. (2022) High-throughput sequencing data revealed genotype-specific changes evoked by heat stress in crown tissue of barley sdw1 near-isogenic lines. *BMC Genomics 23*:177. DOI: 10.1186/s12864-022-08410-1. **(MNiSW 140 pkt; IF = 4,400)**

Wyżej wymieniony cykl publikacji oryginalnych, które stanowią jednotematyczną, spójną całość, został opublikowany w latach 2016-2023 w czasopismach zajmujących wysokie pozycje na liście JCR. Sumaryczny Impact Factor tych publikacji zgodnie z rokiem opublikowania wg listy Journal Citation Reports wynosi 28,684, a liczba puntków MNiSW zgodnie z rokiem publikacji wynosi 645. W sześciu publikacjach stanowiących osiągnięcie naukowe dr inż. Krzysztof Mikołajczak jest pierwszym, a w trzech autorem korespondencyjnym. Publikacje te są pracami zbiorowymi, a więc ocenie podlega wyłącznie zakres prac realizowanych przez Habilitanta. Są one wskazane przez zainteresowanego, który dla każdej z prac określił swój indywidualny wkład, co jest zgodne z załączonym oświadczeniem. Jego udział własny w publikacjach współautorskich polegał na współtworzeniu koncepcji badań, założeń metodycznych, wykonaniu części analiz, przeszukiwaniu baz danych w celu znalezienia markerów do genotypowania, ocenie polimorfizmu genetycznego populacji mapujących, współtworzeniu map genetycznych, interpretacji wyników oraz współudziale w opracowaniu wyników, analizie statystycznej i napisaniu manuskryptów.

W pierwszej pracy pt. „Quantitative Trait Loci for Yield and Yield-Related Traits in Spring Barley Populations Derived from Crosses between European and Syrian Cultivars" (PLOS One, 2016) Habilitant skupił się na charakterystyce fenotypowej roślin trzech populacji homozygotycznych linii jęczmienia wyprowadzonych techniką SSD uzyskanych z krzyżowań odpowiednio dobranych form rodzicielskich w warunkach naturalnych, a także identyfikacji oraz analizie funkcjonalnej regionów genomu jęczmienia związanych z cechami plonotwórczymi. Uzyskane wyniki analiz molekularnych posłużyły do konstrukcji mapy genetycznej, na której dzięki wynikom z analiz fenotypowych określono loci cech ilościowych (QTL) kontrolujące ważne cechy ilościowe. Wartość naukowa tej pracy polega na wykazaniu, że większość zidentyfikowanych QTL wyzywała stabilne efekty niezależnie od środowiska, co może być użyteczne dla postępu badań nad kształtowaniem się cech plonotwórczych u jęczmienia. Dodatkowo wykryto, że efekty QTL dla długości pędu i terminu kłoszenia zmapowane na długim ramieniu chromosomu 3H, związane były z genem kodującym oksydazę giberelinową GA20, co potwierdziło wcześniejsze badania nad zaangażowaniem locus *sdw1* w biosyntezę giberelin. Bardzo ważnym osiągnięciem naukowym tej pracy jest wykazanie związku plonu ziarna i genów związanych z metabolizmem lipidów, co potwierdzała nadreprezentacja terminu GO (Gene Ontology) w rejonach zmapowanych QTL dla plonu ziarna. W aspekcie praktycznym można wyróżnić wyselekcjonowanie, z użyciem markerów molekularnych, linii jęczmienia posiadających potencjalnie korzystne allele, które mogą determinować lepsze plonowanie w warunkach suszy.

W drugiej pracy pt. „Quantitative trait loci for plant height in Maresi × CamB barley population and their associations with yield-related traits under different water regimes"

(Journal of Applied Genetics, 2017) Kandydat przeprowadził nad jedną z uzyskanych populacji linii MCam bardziej szczegółowe badania w warunkach szklarniowych z aplikacją deficytu wody w celu poznania wpływu okresowej suszy na plon i jego komponenty oraz identyfikacji regionów genomu odpowiedzialnych za kształtowanie się cech plonotwórczych. Wykazał, że deficyt wody w fazie liścia flagowego w większym stopniu wpływał niekorzystnie na badane cechy agronomiczne niż stres występujący w fazie siewki. Wykrył wiele OTL o stałych efektach dla różnych cech niezależnie od warunków nawadniania, które często wykazywały wspólną pozycję w chromosomie. Analiza funkcjonalna zidentyfikowanych QTL wykazała kilkanaście terminów GO, które były niereprezentowane wśród genów w tych regionach. Na tej podstawie stwierdził, że region chromosomu 5H, w którym zmapowano QTL dla długości pędu głównego oraz masy ziaren z pędów bocznych zawiera geny potencjalnie zaangażowane w odpowiedź na stres, a jednym z nich jest gen kodujący czynnik transkrypcyjny szoku cieplnego A2 (HsfA2). Z praktycznego punktu widzenia tych badań ważnym aspektem jest wykazanie rejonów genomu, które kontrolują stabilne efekty dla kilku cech ilościowych jednocześnie, co może przyczynić się do zwiększenia potencjalnego plonu jęczmienia, a dodatkowo istnieje możliwość opracowania na podstawie sprzężeń markerów SNP z QTL dla tych cech, skutecznych narzędzi selekcyjnych.

W trzeciej pracy cyklu pt. „Image phenotyping of spring barley (*Hordeum vulgare* L.) RIL population under drought: selection of traits and biological interpretation" (Frontiers in Plant Science, 2020) Kandydat podjął próbę oceny zmian zachodzących u jęczmienia jarego pod wpływem stresu suszy wykorzystując obrazowanie roślin za pomocą systemu kamer pracujących w różnym zakresie fal. Wykazał, że rośliny w odpowiedzi na deficyt wody w pierwszej kolejności ograniczały wzrost, a jednocześnie następowało żółknięcie liści na skutek degradacji chlorofilu. Natomiast po przywróceniu podlewania nastąpiło duże zróżnicowanie linii pod względem zdolności do regeneracji roślin. Udało się jednak wyselekcjonować linie podatne na suszę oraz bardziej odporne, co przede wszystkim objawiało się w ich zdolności do regeneracji po ustaniu suszy, a to z kolei wpływało na wielkość plonu po zbiorze. Uzyskane w pracy wyniki wskazują na możliwość wykorzystania niektórych cech mierzonych przyżyciowo już na wczesnych etapach hodowli do predykcji plonu i selekcji linii lepiej plonujących w warunkach suszy.

W kolejnej, czwartej pracy cyklu pt. „Transcriptome profiling disclosed the effect of single and combined drought and heat stress on reprogramming of genes expression in barley flag leaf" (Frontiers in Plant Science, 2023) Habilitant podjął próbę poznania zmian na poziomie transkryptomu zachodzących w tkankach liścia flagowego jęczmienia jarego pod wpływem stresu suszu oraz wysokiej temperatury wykonując szczegółową charakterystykę całego transkryptomu w oparciu o wyniki sekwencjonowania nowej generacji (mRNA-seq). Profilowanie ekspresji genów dowiodło, że w kontekście całego genomu regulacja transkryptomu pod wpływem łącznego stresu była zbliżona do regulacji obserwowanej w trakcie suszy niż w warunkach wysokiej temperatury. Reakcja obronna roślin na wieloczynnikowe warunki stresowe wykazała, że niedobór wody był zdecydowanie bardziej odczuwalny przez rośliny jęczmienia niż stres cieplny. Analiza funkcjonalna genów o zróżnicowanej ekspresji wykazała, że były one związane z aktywnością różnych enzymów między innymi z grupy oksyreduktaz oraz hydrolaz. Przedstawione w pracy wyniki polimorfizmu pojedynczych nukleotydów (SNP) potwierdzają ich związek z rozmiarem blaszki liściowej, natomiast nie zaobserwowano aby miało to istotny wpływ na różnice w ekspresji genów. Habilitant wykazał, istotny wpływ wielkości liścia flagowego na większość analizowanych cech plonotwórczych jęczmienia jarego, a redukcja wartości plonu ziarna w warunkach stresu suszy oraz łącznego stresu niedoboru wody i wysokiej temperatury była tym większa im mniejsza była wielkość liścia flagowego.

Dalszym elementem charakterystyki zmian zachodzących w liściu flagowym jęczmienia jarego w warunkach stresów abiotycznych było profilowanie białek o zróżnicowanej akumulacji (DEP) za pomocą wysokosprawnej chromatografii cieczowej w połączeniu ze spektrometrią mas (HPLC/MS), której wyniki przedstawiono w piątej pracy cyklu pt. „Global proteome profiling revealed the adaptive reprogramming of barley flag leaf to drought and elevated temperature" (Cells, 2023). Kandydat potwierdził w niej w dużej mierze ogólne zależności obserwowane dla transkryptomu, przy czym większość białek wykazywała wzrost akumulacji w warunkach kontroli. Wykazał ponadto, że reakcja wywołana stresem na poziomie proteomu zależała od rozmiaru liścia flagowego. Największe różnice w akumulacji białek obserwował między grupami o największym i najmniejszym liściu flagowym, a dotyczyło to między innymi białek rybosomalnych oraz białek związanych z aparatem fotosyntetycznym. Na poziome transkryptomu stwierdził również dużą odrębność profili ekspresji genów związanych z fotosyntezą pomiędzy grupą o największym i najmniejszym liściu flagowym. Wyznaczył geny/białka o zróżnicowanej ekspresji/akumulacji, które były wspólne oraz specyficzne dla genotypów jęczmienia o różnym rozmiarze liścia flagowego, dla wariantów stresu abiotycznego oraz dla punktów czasowych, tj. wczesnej i później reakcji na stres. W oparciu o adnotacje funkcjonalne rozpoznał funkcje biologiczne tych genów i białek. Wśród nich wyodrębnił takie, które były związane z odpornością na suszę i wysoką temperaturę, w tym takie, które warunkowały odpowiedź zarówno w stresie pojedynczym, jak i łączonym, np. dehydryny. Wartość naukowa tej pracy polega na poznaniu molekularnych podstaw zmian zachodzących w liściu flagowym jęczmienia w zależności od jego morfologii, jak i od czynnika stresowego. Ponadto Habilitant określił funkcje kilku białek dotychczas niescharakteryzowanych u jęczmienia, które mogą pośredniczyć w odpowiedzi na stres abiotyczny. Oryginalnym podejściem była także integracja cało-genomowych danych transkryptomicznych i proteomicznych, która umożliwiła zidentyfikowanie genów i odpowiadających im białek o zbieżnym kierunku regulacji podczas stresu abiotycznego, a tym samym warunkujących szybką i efektywną reakcję na stres. Dzięki integracji tych danych Kandydat wykrył też ważne komponenty szlaków regulujących odpowiedź na stres oksydacyjny.

W szóstej pracy cyklu pt. „Effects of multiple abiotic stresses on lipids and sterols profile in barley leaves (*Hordeum vulgare* L.)" (Plant Physiology and Biochemistry, 2019) dr inż. K. Mikołajczak wykazał związek pomiędzy kształtowaniem plonu u jęczmienia jarego, a genami metabolizmu lipidów. W pracy po raz pierwszy zostały szczegółowe opisane profile akumulacji lipidów, w tym steroli, w liściach jęczmienia w różnych warunkach stresów abiotycznych oddziałujących razem i osobno na roślinę. Uzyskane wyniki wskazują, że stres abiotyczny wywołuje istotne zmiany w obrębie lipidomu w liściach jęczmienia jarego, a reakcja ta na różne czynniki stresowe występujące jednocześnie jest w dużej mierze odmienna niż na każdy czynnik działający osobno. Podłoże genetyczne również ma istotny wpływ na profil akumulacji lipidów oraz steroli. Stwierdził, że wzmożona synteza steroli w liściach, głównie β-sitosterolu, kampesterolu i stigmasterolu, może determinować zwiększoną odporność jęczmienia na stresy abiotyczne. Przeprowadzone badania wskazały, że określanie profilu akumulacji steroli może stanowić efektywny wskaźnik zwiększonej odporności rośliny na stresy środowiskowe, co może być użyteczne w opracowaniu nowych, ulepszonych odmian. Ponadto uzyskane wyniki mogą sugerować, że gen/białko LTP2 pośredniczy w akumulacji wolnych kwasów tłuszczowych i tym samym wpływa na odpowiedź jęczmienia na stres abiotyczny, co otwiera drogę do dalszych poszerzonych badań.

W ostatniej pracy cyklu pt. „ High-throughput sequencing data revealed genotype-specific changes evoked by heat stress in crown tissue of barley sdw1 near-isogenic lines" (BMC Genomics, 2022) Habilitant przeprowadził analizę zmian ekspresji genów pod wpływem stresu cieplnego w węźle krzewienia jęczmienia jarego o polimorfizmie genu

półkarłowatości *sdw1*. Po raz pierwszy, za pomocą sekwencjonowania mRNA, opisał całościowe profile ekspresji genów w węźle krzewienia jęczmienia, który pełni ważną rolę w reakcji rośliny na stresy abiotyczne, gdyż odpowiada za regenerację pędów i korzeni. Szczegółowa analiza zmian ekspresji genów zaangażowanych w szlaki biosyntezy i transdukcji sygnału giberelin oraz związanych z reakcją na stres cieplny nie wykazała istotnych zmian w ekspresji genu HvGA20ox2 w węźle krzewienia pod wpływem stresu niezależnie od genotypu. Wykazał, że badane linie blisko-izogeniczne (NIL) były genetycznie odległe od odmiany referencyjnej Bowman. Najbardziej zróżnicowaną odpowiedź na działanie podwyższonej temperatury między liniami NIL odnotował dla genów HvHSF kodujących czynniki szoku termicznego. Uzyskane wyniki i nowa wiedza na temat genotypów z kolekcji linii blisko-izogenicznych utworzonej w oparciu o odmianę Bowman ma duże znaczenie naukowe i praktyczne, gdyż kolekcja ta jest ogólnodostępna i często służy do badań nad jęczmieniem prowadzonych na całym świecie.

Reasumując, prace zawarte w jednotematycznym cyklu siedmiu publikacji o wspólnym tytule „Wieloaspektowa charakterystyka zmian zachodzących w roślinach jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.) pod wpływem stresów abiotycznych", spełniają kryteria formalne (spójność tematyczna oraz dominujący udział Habilitanta w powstaniu osiągnięcia) i merytoryczne (oryginalność, znaczenie poznawcze), umożliwiające podjęcie starań o nadanie stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo. Osiągnięcie naukowe dr inż. Krzysztofa Mikołajczaka jest wartościowym wkładem w rozwój nauk rolniczych, a głównie genetyki i hodowli roślin, w tym genetyki odpornościowej na stresy abiotyczne. Uzyskane wyniki znacząco rozszerzają wiedzę na temat molekularnych zmian zachodzących pod wpływem stresów abiotycznych u jęczmienia jarego, a nowa wiedza o funkcjach genów i ich efektach fenotypowych, np. locus *sdw1*, może przyczynić się do opracowania nowych markerów funkcjonalnych dla wybranych cech. Zgromadzona wiedza, wyznaczony zbiór transkryptów jęczmienia, białek z przyporządkowanymi identyfikatorami genów czy też scharakteryzowane profile lipidów i steroli będą mogły stanowić odniesienie dla innych badaczy dyscypliny naukowej determinując jej rozwój. Na uwagę zasługuje również zastosowanie nowatorskich metod, w tym wysokoprzepustowych technik badawczych (mRNA-seq, HPLC/MS, automatyczne fenotypowanie), które zyskały nowe zastosowania w prowadzeniu biologicznych badań systemowych roślin użytkowych.

Ocena pozostałej działalności naukowej

Na dorobek naukowy dr inż. Krzysztofa Mikołajczaka składa się dodatkowo 17 oryginalnych prac opublikowanych w czasopismach z bazy Journal Citation Reports (poza pracami wskazanymi jako osiągnięcie naukowe), w których występuje jako współautor oraz 9 oryginalnych prac współautorskich opublikowanych w czasopismach krajowych spoza listy JCR. Łącznie po doktoracie Habilitant opublikował po doktoracie 22 oryginalne prace naukowe i dwa rozdziały w anglojęzycznych monografiach. Sumaryczny wskaźnik Impact Factor czasopism, w których Habilitant je opublikowano wynosi 83,658 (zgodnie z rokiem publikacji), w tym 79,199 po uzyskaniu stopnia doktora. Suma punktów według punktacji MNiSW wszystkich prac wynosi 1875, w tym po uzyskaniu stopnia doktora 1800. Liczba wszystkich cytowań publikacji Kandydata według bazy WoS wynosi 503, a aktualny na dzień pisania opinii indeks Hirscha dr inż. Krzysztofa Mikołajczaka (według bazy Web of Science) wynosi 13.

Dorobek naukowy dr inż. Krzysztofa Mikołajczaka prezentowany w oryginalnych pracach twórczych i w doniesieniach konferencyjnych dotyczy zagadnień związanych z poznaniem mechanizmów reakcji roślin na stresy wywoływane przez czynniki biotyczne oraz abiotyczne, co pozwala na opracowywania nowych narzędzi selekcji genotypów

odpornych lub tolerancyjnych już na wczesnych etapach hodowli nowych odmian. Uzyskiwane wyniki mają nowatorski charakter i przyczyniają się do poszerzania wiedzy z tego zakresu zakresu, a na niektóre z nich chciałbym zwrócić uwagę poniżej.

Kandydat prowadził badania nad funkcjonowaniem jęczmienia jarego w zróżnicowanych warunkach środowiska, które obejmowały nie tylko ocenę zmian cech agronomicznych, ale także fizjologicznych i biochemicznych. Pozwoliło mu to na wytypowanie szeregu genów kandydackich kodujących m.in. antyoksydanty, enzymy biosyntezy kwasów karboksylowych, białka szoku cieplnego, sulfurylazy ATP i białka zaangażowane w regulację czasu kwitnienia. Charakterystyka genotypowa odmian jęczmienia jarego, pozwoliła mu na wyznaczenie markerów SNP powiązanych z loci cech ilościowych (QTL) w populacjach mapujących linii homozygotycznych, a to z kolei na opracowanie markerów, które mogą stanowić niezwykle obiecujące narzędzie wspomagające selekcję tradycyjną jęczmienia jarego.

Ciekawe wyniki otrzymał Kandydat w badaniach nad rozwojem systemu korzeniowego (w porównaniu do części nadziemnych roślin) nie tylko u jęczmienia, ale i u innych zbóż. Wyniki tych badań pozwoliły na wykrycie sprzężeń marker-cecha, a w oparciu o adnotacje funkcjonalne na wytypowanie potencjalnych genów, które mogą determinować daną cechę. Habilitant zidentyfikował cztery regiony genomu w chromosomach 2H, 4H, 5H i 7H, które warunkowały biomasę korzenia po zbiorze, a także sprzężenie markerów we wspomnianych regionach 2H i 7H z innymi cechami plonotwórczymi i terminem kłoszenia, co wskazuje, że geny tam zlokalizowane pełnią ważną rolę w kształtowaniu całej rośliny jęczmienia.

W ramach współpracy z innymi zespołami był zaangażowany w badania nad mechanizmami odpowiedzi jęczmienia na suszę z wykorzystaniem genotypów o różnej podatności na deficyt wody (pochodzących z różnych stref klimatycznych). Najważniejsze osiągnięcia płynące z tych prac dotyczą wykazania istotnych różnic pomiędzy genotypami o odmiennej podatności na niedobór wody w profilach akumulacji białek opiekuńczych (ang. chaperones), osmoprotektantów i antyoksydantów, w tym proliny, kwasu askorbinowego i związków cukrowych. Ponadto ujawnił zmiany w akumulacji białek i metabolitów pod wpływem suszy, które były specyficzne dla korzeni lub dla liści. Wykazał, że zmiany w akumulacji związków fenolowych pod wpływem suszy były zależne nie tylko od genotypu, ale również od stadium rozwojowego rośliny, a stres znacząco wpływał m.in. na akumulację pochodnych luteoliny i na hordatyny. Zidentyfikował geny o zróżnicowanej ekspresji w korzeniach po wpływem suszy, które kodowały czynniki transkrypcyjne (TFs) z różnych rodzin, w tym AP2, WRKY, NAC, MYB, bHLH, czy bZIP. Niektóre z nich mogą pośredniczyć w szklakach sygnałowych giberelin i kwasu jasmonowego indukowanych deficytem wody. Porównał wzór ekspresji genów kodujących TFs pomiędzy genotypami o różnej podatności na stres oraz zbadał różnice w ich ekspresji w warunkach umiarkowanego i silnego stresu.

Brał udział w opracowaniu pracy przeglądowej zawierającej zbiór informacji o locus półkarłowatości *sdw1* i jego efektach na poziomie molekularnym i fenotypowym. Locus ten poza redukcją wysokości wpływa na szereg innych cech związanych z plonowaniem, jednakże nie jest jasne czy to wynik plejotropii czy sprzężenia genów. W oparciu o porównanie wyników mapowania QTL wokół regionu *sdw1* wykonane dla dwóch populacji mapujących badania w których Kandydat brał udział wykazały, że wpływ locus *sdw1* na wczesność, tj. termin kwitnienia i kłoszenia, to efekt plejotropowy.

Populacje linii rekombinacyjnych jęczmienia jarego, badane uprzednio pod kątem ich reakcji na suszę, zostały także przez Habilitanta oceniane pod wpływem sztucznej inokulacji zarodnikami *Fusarium culmorum* (W.G.Sm.) Sacc. Badania te potwierdziły, że stopień porażenia ziarna nie zawsze jest skorelowany ze wzrostem akumulacji deoksyniwalenolu

(DON) w ziarnie, a odnotowano liczne przypadki o niewielkim porażeniu, ale o wysokiej zawartości DON i odwrotnie.

W oparciu o analizę QTL zidentyfikowano regiony genomu jęczmienia związane z objawami porażenia przez *F. culmorum* (np. liczba i masa ziaren porażonych, indeks fuzariozy kłosów), zawartości mykotoksyny DON w ziarnie i z kształtowaniem się cech plonotwórczych w warunkach naturalnych oraz prowokowanego stresu biotycznego. Na podstawie analizy nadreprezentacji genów zlokalizowanych w obrębie wykrytych QTL stwierdził, że pirymidyzacja genów związanych głównie z aktywnością oksydoreduktaz, w tym z aktywnością dehydrogenazy NADH/NAD(P)H, może determinować zwiększoną odporność na różne stresy środowiskowe jednocześnie, w tym fuzariozę kłosów i suszę.
Testował użyteczność markerów molekularnych, uznawanych za sprzężone z cechami dotyczącymi objawów fuzariozy, pod kątem ich stosowania w selekcji materiałów o zwiększonej odporności na ten stres biotyczny.
Ponadto uczestniczył w opracowaniu metod selekcji genotypów pszenicy ze względu na obecność wysokocząsteczkowych podjednostek gluteninowych Glu1 z wykorzystaniem allelo-specyficznych markerów molekularnych, a także uczestniczył w pracach zmierzających do skrócenia okresu pozyskiwania linii homozygotycznych grochu i łubinu.

Okres po doktoracie to czas dużej aktywności naukowej Habilitanta zarówno w wymiarze prac oryginalnych, jak i w zakresie udziału w konferencjach naukowych, w tym zagranicznych. Posiada także duże doświadczenie w realizacji wielu grantów krajowych i europejskich, co świadczy o ukierunkowaniu badań zgodnie z zapotrzebowaniem gospodarki, a szczególnie rolnictwa i stałej zdolności do podejmowania coraz nowych wyzwań związanych z rozwojem rolnictwa, a w szczególności nowych rodzących się problemów w związku ze zmieniającym się klimatem i potrzebną wiedzą na temat reakcji roślin na zmieniające się warunki środowiska, w tym okresowe susze i wysokie temperatury. Badania naukowe Habilitanta wniosły i będą dalej wnosiły istotny wkład w poznanie reakcji roślin na stresy abiotyczne i biotyczne oraz przyczyniają się do postępu w hodowli nowych odmian tolerancyjnych na te stresy.

Za działalność naukową dr inż. Krzysztof Mikołajczak został wyróżniony w 2020 roku krajową Nagrodą II stopnia z Zakresu Genetyki Roślin im. S. Barbackiego za badania dotyczące reakcji jęczmienia jarego na stresy abiotyczne. Jest laureatem Polskiej Nagrody Inteligentnego Rozwoju „Naukowiec Przyszłości", a za osiągnięcia publikacyjne uzyskał nagrodę Dyrektora IGR PAN. Na uwagę zasługuje także wyróżnienie pracy doktorskiej uchwałą Rady Naukowej IGR PAN oraz otrzymanie medalu Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu za osiągnięcia w studiach.

Ocena działalności dydaktycznej i organizacyjnej

Działalność dydaktyczna Kandydata skupiała się na prowadzeniu seminariów naukowych dla studentów Państwowej Wyższej Szkoły Zawodowej w Sulechowie oraz Wydziału Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu w ramach cyklu tematycznego „Biologia roślin użytkowych", a także na prowadzeniu ćwiczeń laboratoryjnych dla studentów Wydziału Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu w ramach tego samego cyklu tematycznego. Dr inż. Krzysztof Mikołajczak był promotorem pomocniczym w dwóch zakończonych w 2023 roku uzyskaniem stopnia doktora nauk rolniczych przewodach doktorskich w Instytucie Genetyki Roślin PAN w Poznaniu. Jest także promotorem pracy magisterskiej pt. „Profil reakcji jęczmienia jarego na stres abiotyczny i biotyczny działające symultanicznie" na Uniwersytecie Przyrodniczym w Poznaniu, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii, kierunek Biotechnologia, której obrona planowana jest w czerwcu 2024 r. Sprawował ponadto opiekę merytoryczną nad studentami Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu z Wydziału Rolnictwa,

Ogrodnictwa i Bioinżynierii oraz Uniwersytetu Adama Mickiewicza w Poznaniu z Wydziału Biologii, a także Państwowej Wyższej Szkoły Zawodowej w Sulejowie, którzy odbywali staże i praktyki w Instytucie Genetyki Roślin PAN w Poznaniu.

Z prac organizacyjnych Kandydata należy wymienić współorganizowanie III i IV Ogólnopolskiej Konferencji „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany", corocznych Warsztatów Projektu POLAPGEN-BD „Narzędzia biotechnologiczne służące do otrzymywania zbóż o zwiększonej odporności na suszę" oraz organizację i prowadzenie comiesięcznych, otwartych seminariów naukowych dla pracowników nauki odbywających się w j. angielskim w Instytucie Genetyki Roślin PAN w Poznaniu. Dr inż. K. Mikołajczak był sekretarzem Rady Naukowej Instytutu Genetyki Roślin PAN w Poznaniu w kadencji 2019 - 2022, członkiem Komisji ds. Rozwoju Kadry Naukowej Rady Naukowej Instytutu Genetyki Roślin PAN w Poznaniu w tej samej kadencji, a także w latach 2018-1019 członkiem Rady Młodych Pracowników Naukowych IGR PAN.

Kandydat brał udział w PAS/CNR Horizon Networking Event, gdzie prezentował możliwości potencjalnej współpracy swojej macierzystej jednostki z włoskimi badaczami w kontekście budowy konsorcjów naukowych, które mogłyby ubiegać się o finansowanie w konkursach programu ramowego Horyzont Europa. Jest także współautorem trzech instrukcji wdrożeniowych dla hodowli roślin, które zostały wdrożone przez Poznańską Hodowlę Roślin Sp. z o.o.

Pan dr inż. Krzysztof Mikołajczak aktywnie uczestniczył w krajowych oraz międzynarodowych konferencjach naukowych, na których przedstawiał wyniki swoich badań w formie referatów lub posterów. Na konferencjach międzynarodowych wygłosił łącznie 30 referatów w języku angielskim, a 40 prac przedstawił w postaci posterów, które prezentował w trakcie sesji plakatowych. Streszczenia referatów oraz posterów zostały opublikowane w materiałach konferencyjnych

Dr inż. Krzysztof Mikołajczak daje się poznać jako osoba skutecznie poszukująca środków finansowych na swoje badania. Był kierownikiem dwóch międzynarodowych projektów badawczych finansowanych ze środków unijnych z programu Horizon 2020, a w jednym projekcie finansowanym ze środków unijnych w ramach European Plant Phenotyping Network (EPPN) był wykonawcą. Ponadto kierował jednym projektem Narodowego Centrum Nauki, a w kolejnych trzynastu finansowanych ze środków krajowych (NCN, NCBiR, MRiRW, Rządowy Program Wieloletni RM, Program Innowacyjna Gospodarka) był wykonawcą. Obecnie kieruje projektem badawczym pt. „MikroRNA - ważne czynniki koordynujące reakcję na suszę w liściu jęczmienia poprzez regulację współdziałania fitohormonów" finansowanym przez NCN w ramach konkursu OPUS_21 i jest wykonawcą w trzech inny projektorach badawczych, jednym finansowanym ze środków NCN (OPUS_18), jednym przez NCBiR i jednym przez MRiRW.

Wniosek końcowy

W świetle przeprowadzonej powyżej analizy osiągnięcia naukowego dr inż. Krzysztofa Mikołajczaka stwierdzam, że ma ono dużą wartość dla rozwoju dyscypliny naukowej rolnictwo i ogrodnictwa oraz stanowi znaczący naukowy i aplikacyjny wkład do badań nad poznaniem mechanizmów reakcji roślin na stresy abiotyczne, w tym w szczególności na stres suszy i wysokiej temperatury u jęczmienia jarego. Na uwagę zasługuje stosowanie nowoczesnego warsztatu badawczego, w tym nowoczesnych metod analiz przyżyciowych roślin oraz sekwencjonowania nowej generacji. Jest osobą, która bardzo dobrze odnajduje się w pracy zespołowej grup badawczych, wykazuje duże zaangażowanie w działalność organizacyjną i dydaktyczną.

Podsumowując, w mojej opinii, dr inż. Krzysztof Mikołajczak **spełnia wszystkie wymagane warunki nadania stopnia naukowego doktora habilitowanego** wymienione

w ustawie z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2023 r. poz. 742). Przedstawiony jako osiągnięcie habilitacyjne cykl recenzowanych artykułów naukowych ma charakter spójny i jest tematycznie ze sobą powiązany oraz czasopisma znajdowały się w roku opublikowania w wykazie Ministerstwa właściwego do spraw nauki (pkt. 2b, art. 219.1.), publikacje z punktu widzenia genetyki odpornościowe i genetyki i hodowli roślin wnoszą nowe wartości i mają znaczny wkład w rozwój dyscypliny rolnictwo i ogrodnictwo (pkt. 2, art. 219.1.)..

prof. dr hab. Henryk Bujak