Autoreferat

„Poznanie roli wczesności kwitnienia w aspekcie kształtowania się cech plonotwórczych w warunkach stresów środowiskowych u jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.)”

dr Piotr Ogrodowicz

Poznań 2023 r.

1. Imię i nazwisko.

   Piotr Ogrodowicz

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

licencjat	Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, studia licencjackie (2007) Kierunek: Biologia Specjalność: Biologia stosowana
magister	Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, studia magisterskie (2009) Kierunek: Biologia Specjalność: Biologia Eksperymentalna
doktor nauk rolniczych	Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań, studia doktoranckie (2015) ”Identyfikacja loci cech ilościowych związanych z plonowaniem i długością okresu wegetacji w warunkach niedoboru wody w populacji mapującej jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.)”

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

01.01. 2010 - 31.12.2014	Specjalista ds. doświadczalnictwa rolniczego, Instytut Genetyki Roślin, Zakład Biotechnologii, Zespół Fenotypowania i Genotypowania Zbóż
01.01.2015 – 31.08.2015	Biolog, Instytut Genetyki Roślin, Zakład Biotechnologii, Zespół Fenotypowania i Genotypowania Zbóż
1.11.2015 – 31.12.2017	Specjalista biolog, Instytut Genetyki Roślin, Zakład Biotechnologii, Zespół Fenotypowania i Genotypowania Zbóż
01.01.2018 - obecnie	Adiunkt, Instytut Genetyki Roślin, Zakład Fenomiki Zbóż

4. Omówienie osiągnięć, o których mowa w art. 219 ust. 1 pkt. 2 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2021 r. poz. 478 z późn. zm.). Omówienie to winno dotyczyć merytorycznego ujęcia przedmiotowych osiągnięć, jak i w sposób precyzyjny określać indywidualny wkład w ich powstanie, w przypadku, gdy dane osiągnięcie jest dziełem współautorskim, z uwzględnieniem możliwości wskazywania dorobku z okresu całej kariery zawodowej.

A. Tytuł osiągnięcia naukowego:

„Poznanie roli wczesności kwitnienia w aspekcie kształtowania się cech plonotwórczych w warunkach stresów środowiskowych u jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.)"

B. Publikacje wchodzące w skład osiągnięcia naukowego:

(Publikacja nr 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". PlosOne. DOI: 10.1371/journal.pone.0155938. (IF_{2016}= 2.806; liczba punktów MNiSW=100)

* jednakowy wkład autorów w przygotowaniu publikacji

Wkład habilitanta: udział w opracowaniu koncepcji przeprowadzenia badań polowych z użyciem trzech populacji mapujących o zróżnicowanym pochodzeniu, udział w opracowaniu schematu doświadczenia, uczestnictwo w pomiarach biometrycznych i obserwacjach fenologicznych, izolacja i przygotowanie DNA do genotypowania SNP, wybór markerów SSR i przeprowadzenie analiz z ich użyciem, udział w konstrukcji zintegrowanej mapy genetycznej, uczestnictwo w wykonaniu pomiarów biometrycznych i obserwacji fenologicznych, analiza i interpretacja wyników, udział w przygotowaniu artykułu, wykonawca podzadania projektu, w ramach którego realizowane było badanie.

(Publikacja nr 2). **Ogrodowicz P**., Adamski T., Mikołajczak K., Kuczyńska A., Surma M., Krajewski P., Sawikowska A., Górny A.G., Gudyś K., Szarejko I., Guzy-Wróbelska J., Krystkowiak K. (2017). „QTLs for earliness and yield-forming traits in the Lubuski × CamB barley RIL population under various water regimes". Journal of Applied Genetics. 58 (1): 49-65. DOI: 10.1007/s13353-016-0363-4. (IF_{2017}= 1.756; liczba punktów MNiSW=100)

Wkład habilitanta: twórca hipotezy badawczej dotyczącej roli wczesności w odpowiedzi na stres suszy u jęczmienia jarego, udział w opracowaniu schematu doświadczenia, opracowanie metodyki wykorzystywanej w przebiegu doświadczenia – wyznaczenie poziomów wilgotności niezbędnych do precyzyjnej aplikacji warunków suszowych w doświadczeniu szklarniowym, przeprowadzenie doświadczenia wazonowego, monitoring poziomu wilgotności za pomocą metody objętościowej i wagowej, wykonanie pomiarów biometrycznych i obserwacji fenologicznych, izolacja i przygotowanie DNA do genotypowania SNP, wybór markerów SSR i przeprowadzenie analiz z ich użyciem, udział w konstrukcji mapy genetycznej, analiza i interpretacja wyników, udział w wizualizacji wyników badań, opracowanie koncepcji manuskryptu i przygotowanie artykułu, wykonawca podzadania projektu w ramach którego realizowane było badanie.

(Publikacja nr 3). **Ogrodowicz P**., Kuczyńska A., Mikołajczak K., Adamski T., Surma M., Krajewski P.,Ćwiek-Kupczyńska H., Kempa M., Rokicki M., Jasińska D. (2020). „Mapping of quantitative trait loci for traits linked to fusarium head blight in barley". PLoS ONE. 4;15(2): DOI: 10.1371/journal.pone.022237. (IF_{2020}= 3.240; liczba punktów MNiSW=100)

Wkład habilitanta: udział w przygotowaniu koncepcji badań dotyczących identyfikacji loci cech ilościowych związanych zarówno z plonem jak i podatnością na fuzariozę kłosów, udział w opracowaniu schematu doświadczenia, wykonanie oprysków inokulatem, uczestnictwo w pomiarach biometrycznych materiału roślinnego, izolacja i przygotowanie DNA do genotypowania za pomocą NGS, optymalizacja protokołu testu ELISA na oznaczenie deoksyniwalenolu, oznaczenie zawartości DON w badanych próbkach, analiza i interpretacja wyników, przygotowanie koncepcji artykułu i przygotowanie manuskryptu artykułu, wykonawca projektu, w ramach którego realizowane było badanie.

(Publikacja nr 4). **Ogrodowicz P**., Mikołajczak K., Kempa M., Mokrzycka M., Krajewski P., Kuczyńska A. (2023). "Genome-wide association study of agronomical and root-related traits in spring barley collection grown under field conditions" Frontiers in Plant Science. 14: 1077631. DOI: 10.3389/fpls.2023.1077631. (IF_{2023}= 6.627; liczba punktów MEiN=140)

Wkład habilitanta: udział w przygotowaniu koncepcji badań korzeni jęczmienia jarego w warunkach polowych, udział w opracowaniu schematu i opracowanie odpowiednich narzędzi do monitoringu dynamiki zmian rozwojowych tkanki korzennej w warunkach polowych, wybór odpowiednich faz rozwojowych, w których wykonano ewaluację rozwoju korzenia, uczestnictwo w pomiarach biometrycznych oraz pomiarach przewodności elektrycznej korzenia, pozyskanie danych pogodowych wykorzystanych do interpretacji wyników, izolacja i przygotowanie DNA do analiz NGS, analiza i interpretacja wyników, przygotowanie koncepcji manuskryptu, przygotowanie manuskryptu artykułu, wykonawca projektu, w ramach którego realizowane było badanie.

(Publikacja nr 5). **Ogrodowicz P***., Kuczyńska A., Krajewski P., Kempa M. (2023). „The effects of heading time on yield performance and HvGAMYB expression in spring barley subjected to drought". Journal of Applied Genetics. 64(2): 289-302. DOI: 10.1007/s13353-023-00755-x. (IF_{2023}=2.653; liczba punktów MEiN=140)
*autor wiodący i korespondencyjny

Wkład habilitanta: twórca hipotezy badawczej dotyczącej zróżnicowanej odpowiedzi na stres suszy genotypów o odmiennej fenologii, pomysłodawca wzmocnienia tegoż efektu poprzez zastosowanie modyfikatorów wzrostu, opracowanie schematu doświadczenia oraz wybór odpowiedniej fazy rozwojowej rośliny w oparciu o przeprowadzone samodzielnie badania wstępne, uczestnictwo w wykonaniu szeregu pomiarów m.in. biometrycznych, parametrów fluorescencji chlorofilu, wybór genów referencyjnych i projektowanie starterów do RT-PCR, analizy ekspresji genów, pomiarów mikroskopowych pylników, wykonanie testów żywotności pyłku, analiza i interpretacja wyników, przygotowanie manuskryptu artykułu, kierownik projektu, w ramach którego wykonane zostały badania.

(Publikacja nr 6). **Ogrodowicz P***., Wojciechowicz M.K., Kuczyńska A., Krajewski P., Kempa, M. (2023). „The Effects of Growth Modification on Pollen Development in Spring Barley (Hordeum vulgare L.) Genotypes with Contrasting Drought Tolerance". Cells. 12(12): 1656. DOI: 10.3390/cells12121656. (IF_{2023}= 7.666; liczba punktów MEiN=140)
*autor wiodący i korespondencyjny

Wkład habilitanta: twórca hipotezy badawczej dotyczącej różnego stopnia zmian na poziomie ultrastruktury komórkowej w ziarnach pyłku genotypów jęczmienia o odmiennej fenologii, opracowanie schematu doświadczenia oraz wybór odpowiedniej faz rozwojowych, w których pobierane były próbki, uczestnictwo w wykonaniu szeregu pomiarów m.in. biometrycznych, parametrów fluorescencji chlorofilu, wybór genów referencyjnych i projektowanie starterów do RT-PCR, analiza ekspresji genów, zebranie prób tkanki do obserwacji za pomocą mikroskopu transmisyjnego, wybór genów referencyjnych i projektowanie starterów, analiza i interpretacja wyników, opracowanie koncepcji przedstawienia wyników, udział w procesie wizualizacji wyników, przygotowanie manuskryptu artykułu, kierownik projektu, w ramach którego wykonane zostały badania.

Wprowadzenie

Tolerancja rośliny na suszę określana jest jako zdolność do wzrostu, kwitnienia i osiągnięcia plonu o ekonomicznej wartości w warunkach ograniczonego dostępu wody (Farooq i in. 2009). Termin kwitnienia rośliny ma tutaj kluczowe znaczenie, gdyż wpływa na właściwy rozwój organów generatywnych. Odpowiedni dla danego gatunku termin kwitnienia gwarantuje prawidłowy przebieg zapylenia i zapłodnienia (Garner i Allard, 1920, Thomas i in. 1991). Przejście z fazy wegetatywnej do generatywnej u roślin jest regulowane przez skomplikowaną sieć współzależności pomiędzy tzw. szlakami indukcji kwitnienia, podczas których uruchamiane są kolejne kaskady sygnałów i ekspresji odpowiednich genów prowadzących - w konsekwencji - do uruchomienia procesów związanych z kwitnieniem. Zarówno stresy abiotyczne jak i biotyczne mają niezwykle szkodliwy wpływ na fizjologię rośliny, jednakże skala uszkodzeń tkanek roślinnych lub uszkodzenia na poziomie komórkowym,

zdolność regeneracji oraz wpływ na plon zależy od fazy rozwojowej, w której roślina jest narażona na dany stres środowiskowy (Alqudah i in. 2011). Chociaż wpływ stresu na plon i rozwój roślin jest szeroko badany (Fahad i in. 2017; Seleiman i in. 2021), wiedza na temat interakcji samej reakcji na stres z fenologią roślin, wciąż pozostaje uboga.

Różne gatunki roślin wykazują odmienne reakcje fotoperiodyczne. Wyróżnić można rośliny dnia długiego (LD – ang. Long Day), rośliny dnia krótkiego (SD – ang. Short Day) oraz rośliny neutralne (DN – ang. Day Neutral). Rośliny LD, do których zaliczamy wiele zbóż klimatu umiarkowanego (pszenica i jęczmień), wykazują indukcję kwitnienia w odpowiedzi na występowanie krótkiej nocy i długiego jasnego okresu w ciągu doby. U roślin SD (ryż, kukurydza) zauważyć można indukcję kwitnienia w odpowiedzi na długi okres ciemności i krótki okres światła w ciągu doby. Natomiast rośliny neutralne są niewrażliwe na długość dnia. Sygnałem indukcyjnym przejścia z fazy wegetatywnej w generatywną jest w tym wypadku, osiągnięcie przez roślinę określonego stadium rozwojowego. Szlaki sygnałowe promujące przejście do fazy kwitnienia obejmują: szlak fotoperiodyczny, biosyntezę i sygnalizację hormonów (GA), szlak działający niezależnie od światła (szlak autonomiczny), szlak związany z niskimi temperaturami (szlak wernalizacji), szlak termo-sensoryczny oraz tzw. szlak wiekowy (Halliday i in. 2003; Moon i in. 2005; Wang 2014; Ma i in. 2021). Wcześniejsze badania pozwoliły na zmapowanie loci cech ilościowych (ang. Quantitative Trait Loci - QTLs) związanych z terminem kwitnienia/ kłoszenia we wszystkich chromosomach jęczmienia (Qi i in. 1998; Pillen i in. 2003). Jednym z istotniejszych szlaków indukcji kwitnienia wciąż pozostaje szlak fotoperiodyczny, w którym ważną rolę odgrywa czynnik transkrypcyjny *Ppd-H1*. Turner i współpracownicy w 2005 roku zidentyfikowali *Ppd-H1* jako *PRR* (ang. *Pseudo Response Regulator*). Gen ten koduje białko zaangażowane w regulację funkcji zegara dobowego. Zaproponowanie „genu – kandydata" związanego z zegarem dobowym miało swoje uzasadnienie, bowiem *Ppd-H1* nie odpowiadał żadnemu z genów związanych ze szlakami kwitnienia. Gen *PRR* wykazuje podobieństwo do *PRR7* u *Arabidopsis thaliana*, gdzie współdziałając z *PRR9* i *PRR5* stanowi składnik zegara dobowego. Białka PRR pełnią ponadto rozliczne funkcje m.in. zaangażowane są w regulację szlaku fotoperiodycznego związanego z genem *CONSTANS* (Fukushima i in. 2009). Jęczmienny ortolog genu *CO* (*HvCO1*) został zlokalizowany w chromosomie 7HS (Griffiths i in. 2003). Turner i in., (2005) wykazali istnienie mutacji typu SNP w obrębie regionu *Ppd-H1* u jęczmienia. Genotypowanie populacji mapującej pochodzącej z kombinacji krzyżówkowej Orria × Plaisant za pomocą platformy BOPA1 pozwoliło na zidentyfikowanie markera SNP (11_21015) (Mansour i in., 2014). Marker ten został zmapowany blisko markerów pochodzących z genotypowania na platformie BOPA2 (12_30871 i 12_30872) (Muñoz-Amatriaín i in. 2011), które zostały zidentyfikowane jako markery typu SNP w regionie *Ppd-H1*. Kolejnym istotnym szlakiem indukcji kwitnienia wydaje się być szlak zależny od gibereliny, który również posiada liczne etapy niezbędne do prawidłowego zainicjowania procesu kwitnienia. W aktywację odpowiednich etapów wspomnianych wyżej szlaków zaangażowane są rozliczne czynniki transkrypcyjne np. *GAMYB* – o

potencjalnej roli aktywującej geny, które są odpowiedzialne za inicjację rozwoju kwiatu (Murray i in. 2003; Aya i in. 2009).

Susza wciąż pozostaje największą przeszkodą w zwiększeniu plonu w wielu krajach, bez względu na stopień rozwoju gospodarki danego państwa (Ceccarelli i in. 2004). Nawet krótkotrwałe okresy suszy, pojawiające się podczas krytycznych faz rozwojowych, mogą obniżać plon (Ludlow i Muchow 1990). Deficyt wody jest przyczyną dużych strat w plonach roślin uprawnych, włączając w to również uprawy jęczmienia (Jana i Wilen 2005). W Europie Środkowej, gdzie poszczególne lata różnią się między sobą ilością opadów (Rapacz i in. 2010), problem odporności roślin na deficyt wody wydaje się szczególnie istotny. Dla potrzeb rolnictwa, badacze definiują suszę jako zjawisko metrologiczne związane z brakiem opadów przez okres wystarczający do spowodowania znacznego ubytku wilgotności w glebie (Mitra 2001). Stres suszy pojawia się, kiedy dostępność wody w glebie jest ograniczona, a warunki atmosferyczne powodują w tym czasie dalszą utratę wody przez roślinę (Abdul-Jaleel i in. 2009). Odpowiedź rośliny na stres jest zróżnicowana i zależy od tkanki lub organu, na które wpływają czynniki stresogenne. Poziom i czas trwania stresu również wpływają na złożoność odpowiedzi rośliny na stres abiotyczny oraz biotyczny (Tattersall i in. 2007, Pinheiro i Chaves 2011). Często oszacowanie wpływu danego stresu na roślinę jest utrudnione ze względu na jednoczesne występowanie kilku rodzajów stresów (Mittler 2006). Pod względem genetycznym, tolerancja na stres suszy jest dziedziczną cechą ilościową kontrolowaną przez wiele loci (QTLs). Co więcej, odpowiedź rośliny na stres deficytu wody jest złożonym zjawiskiem ze względu na trudne do przewidzenia interakcje typu genotyp-środowisko (Reynolds i in. 2009). Wpływ suszy na roślinę różni się w zależności od czasu trwania okresu deficytu wody, gatunku rośliny, fazy rozwojowej oraz rodzaju podłoża. Tolerancja roślin na deficyt wody związana jest z kompleksem mechanizmów aktywowanych podczas wystąpienia niesprzyjających warunków wilgotnościowych (Diab i in. 2004). Mechanizmy adaptacyjne związane są m.in. z cechami morfologicznymi oraz anatomicznymi korzeni, których budowa ułatwia roślinie zachowanie wysokiego poziomu wody w tkankach w warunkach niedoboru wody (Farooq i in. 2009; Danakumara i in. 2021).

Aby przetrwać w warunkach suszy, rośliny adaptują kilka strategii radzenia sobie z ograniczoną dostępnością wody. Strategie te obejmują m. in.: (i) unikanie suszy (Jackson i in. 2000), (ii) tolerancję na suszę (Morgan 1984), (iii) odporność na suszę (Bartoli i in. 1999), oraz (iv) stymulowaną przez suszę aktywację biochemicznych/ fizjologicznych cech (Maherali i in. 2010). Oprócz tego (v) ucieczka przed suszą (ang. Drought Escape - DE) jest ważną strategią przyjętą przez rośliny w celu radzenia sobie z nadchodzącymi niekorzystnymi warunkami środowiskowymi. Jednak klasyfikacja roślin na podstawie ich mechanizmu odpowiedzi na suszę nie jest całkowicie precyzyjna, ponieważ czas wystąpienia mechanizmu różni się w zależności od rośliny – np. przed lub po wystąpieniu suszy. Oznacza to, że rośliny stosują kombinację DE i innych strategii, aby przetrwać (i rozmnażać się) w warunkach suszy. Chociaż DE jest uważane za cechę „efemerycznych roślin", zboża, takie jak pszenica i jęczmień, mogą wykazywać mechanizm podobny do DE, który określa się jako „wczesne kwitnienie" (Dolferus 2014).

Przy czym warto nadmienić, iż wzajemne zależności pomiędzy aktywacją mechanizmów związanych z różnymi strategiami poprzez pojedynczą roślinę wciąż pozostają niejasne. Pomimo, że – jak już wspomniano – rośliny często uruchamiają więcej niż jeden mechanizm, również trudno jest jednoznacznie ocenić, który z nich ma fundamentalne znaczenie dla przetrwania rośliny w warunkach stresowych.

Jęczmień (*Hordeum vulgare* L.) jest ważną rośliną uprawną o dużym znaczeniu gospodarczym. Wykorzystywany jest m. in. jako surowiec do produkcji słodu oraz kasz jak również wchodzi w skład wielu mieszanek paszowych, stanowiąc cenne źródło substancji odżywczych. Gatunek ten jest również rośliną modelową w badaniach genetycznych ze względu na kolinearność i występowanie zjawiska syntenii wśród genomów żyta, jęczmienia i pszenicy (Gürel i in. 2016). Rozwój nowych platform genomicznych, analiz transkryptomu i metabolomu oraz bioinformatyki znacznie ułatwiły badania kształtowania się cech ilościowych i określenie ich lokalizacji chromosomalnych. Wcześniejsze badania wykazały, że na plon jęczmienia duży wpływ mają stresy abiotyczne, takie jak susza i upały (Sallam i in., 2019). W związku z tym jęczmień stał się doskonałym oraz wygodnym obiektem w badaniach dotyczących genetycznych podstaw odporności na stresy środowiskowe.

Omówienie wyników

Wstęp: W mojej pracy badawczej skupiłem się na poznaniu roślinnych mechanizmów warunkujących odporność na wybrane stresy środowiskowe (abiotyczne i biotyczne), rozważane w aspekcie zróżnicowania wybranych genotypów jęczmienia jarego pod względem długości okresu wegetacji. Terminy kwitnienia oraz kłoszenia stanowią ważna cechę agronomiczną wielu gatunków zbóż (Wang 2019) i są ściśle powiązane z odpowiedzią roślin na stresy środowiskowe, mogące pojawić się podczas całego okresu wegetacyjnego. Rośliny mogą stosować szereg strategii, które mają za zadanie niwelowanie negatywnych skutków zarówno stresów abiotycznych jak i biotycznych (Seleiman i in. 2021). Jedną z takich strategii jest tzw. ucieczka przed suszą – DE – czyli strategia polegająca na jak najszybszym przejściu rośliny z fazy wegetatywnej do fazy generatywnej, w celu wytworzenia nasion i osiągnięcia sukcesu biologicznego jeszcze przed wystąpieniem pogorszenia się warunków wilgotnościowych i temperaturowych. W prezentowanym osiągnięciu habilitacyjnym starałem się przedstawić tło fenotypowe oraz genetyczne roślin, które zaadoptowały strategie rozwojową jaką jest ucieczka przed suszą. W mojej pracy badawczej starałem się wskazać na fundamentalną rolę długości okresu wegetacji u jęczmienia jarego w aspekcie rozwijania odporności rośliny na stresy, a jednocześnie usiłowałem wykazać związek wczesności z licznymi cechami plonotwórczymi. W tym celu postanowiłem przeprowadzić szereg doświadczeń, zarówno w warunkach polowych jak i szklarniowych. Analizowałem pulę różnych genotypów jęczmienia jak również, wytypowałem grupę roślin o skrajnych terminach kłoszenia do detalicznych badań omicznych. Wyjściowym materiałem roślinnym w prezentowanej serii badań było 100 rekombinowanych linii wsobnych (ang. Recombinant

Inbred Lines - RILs) otrzymanych za pomocą techniki pojedynczego ziarna (ang. Single Seed Descent - SSD) z krzyżówki pomiędzy starą polską odmianą Lubuski oraz syryjską linią hodowlaną – CamB. Następnie wybrane obiekty populacji mapującej zostały wmieszane do puli zróżnicowanych genotypów pochodzących z różnych źródeł hodowlanych, w celu zwiększenia bioróżnorodności, a tym samym umożliwienia mapowania asocjacyjnego. Na podstawie analizy rezultatów genotypowania oraz fenotypowania udało mi się wytypować niewielką grupę wczesno- oraz późno kłoszących się roślin, które następnie poddano detalicznym badaniom.

Główne założenia badań:
- wczesność może być efektywnym „narzędziem" łagodzącym skutki stresów abiotycznych,
- rośliny charakteryzujące się wczesnym kwitnieniem adoptują również inne mechanizmy niwelujące negatywne skutki suszy,
- plejotropowe efekty regionów chromosomu związanych z wczesnością manifestowane są również podczas procesu kształtowania się wielu cech plonotwórczych,
- wczesne kwitnienie jest bezpośrednio związane z kształtowaniem się cech plonotwórczych,
- czas ekspozycji oraz faza rozwojowa roślin, w której poddane są one stresowi maja fundamentalne znaczenie dla reakcji roślin na stres oraz dla dalszych, negatywnych konsekwencji dotyczących oddziaływaniu niekorzystnych czynników środowiskowych na roślinę.

Wyniki

Publikacja nr 1. Pierwsza publikacja prezentowana w ramach niniejszego osiągnięcia habilitacyjnego przedstawia wyniki doświadczeń polowych z użyciem trzech populacji mapujących uzyskanych z krzyżowań pomiędzy europejskimi odmianami i formami syryjskimi: Maresi × Cam/B1/CI08887//CI05761, Lubuski × Cam/B1/CI08887//CI05761 oraz Georgie × Harmal, gdzie Cam/B1/CI08887//CI05761 oraz Harmal to przedstawiciele rodów syryjskich, a Lubuski, Georgie oraz Maresi to przedstawiciele rodów europejskich (odpowiednio: odmiana polska, brytyjska oraz niemiecka). Każdej z populacji został nadany akronim (używany w dalszych badaniach). I tak dla populacji, w skład której wchodziła odmiana polska wybrano - LCam, odmiana brytyjska - GH oraz odmiana niemiecka - MCam. Podwaliną wyboru takich komponentów rodzicielskich stały się przesłanki dotyczące potencjału wykorzystania odmian zbóż o egzotycznym pochodzeniu w procesie hodowlanym (hodowla odpornościowa) (Mansour i in. 2014). Formy takie, charakteryzujące się szeregiem cech przydatnych w adaptacji do niekorzystnych warunków środowiskowych (np. warunki suszy) mogą stanowić cenne źródło przystosowań użytecznych w dobie zmieniających się warunków klimatycznych (von Korff i in. 2006).

Celem pracy było określenie potencjału plonotwórczego roślin posiadających egzotyczny komponent oraz identyfikacja loci cech ilościowych (QTLs) za pomocą genotypowania z użyciem

platformy SNP - BOPA1 (Illumina GoldenGate Assay). Dla każdej z populacji skonstruowaliśmy mapę genetyczną z użyciem programu JoinMap 3.0. Następnie aby zwiększyć rozdzielczość mapy skonstruowaliśmy mapę zintegrowaną, która pozwoliła na identyfikację 89 QTLs – z czego 15 regionów związanych było w terminem kłoszenia. Spośród loci związanych z wczesnością aż 6 QTLs zlokalizowaliśmy w chromosomie 2H. Locus związany z terminem kłoszenia populacji LCam zmapowany został przez nas w obrębie markera typu SNP – 5880-2547. Zgodnie z wynikami badań przeprowadzonych kilka lat wcześniej (Muñoz-Amatriaín i in. 2011) niż badanie prezentowane w publikacji nr 1, ten marker zlokalizowany jest w bezpośredniej bliskości do dwóch innych markerów typu SNP zidentyfikowanych za pomocą platformy BOPA2 (12_30871 i 12_30872), które z kolei są markerami zlokalizowanymi już w obrębie głównego genu fotoperiodycznego *Ppd-H1*. Ponadto, wyniki innych badań prezentowane w literaturze (Wang i in. 2010) potwierdzały nasze rezultaty, które wskazywały na niezwykle wysokie wysycenie regionu w krótkim ramieniu chromosomu 2H jęczmienia w rejony związane, obok terminu kłoszenia, z szeregiem ważnych cech plonotwórczych. Region ten, w literaturze nazywany „hot-spot”, sugerowany był jako rejon ściśle związany z regulacją kwitnienia (Laurie i in. 1995). Ponieważ implementacja i kontrola warunków suszowych w doświadczeniach polowych stanowi ogromne wyzwanie (Marchin i in. 2020) postanowiliśmy monitorować warunki pogodowe i wilgotnościowe na przestrzeni trzech lat prowadzenia doświadczeń polowych. Obserwowaliśmy duże różnice w warunkach pogodowych, co miało swoją manifestację w pojawieniu się integracji genotyp × środowisko. Wiosenna susza w 2011 roku przyczyniła się do znacznego spadku średnich wartości cech plonotwórczych – co ciekawe, obserwowaliśmy różnice w kształtowani się określonych cech plonotwórczych u roślin wcześnie kłoszących się, jak również u roślin późno kłoszący się, co było dla nas wskazówką dotyczącą zjawiska adaptacji przez rośliny (z różnym terminem kwitnienia) zupełnie innych mechanizmów tolerancji na niekorzystne warunki wilgotnościowe.

Podsumowując wyniki zaprezentowane w publikacji nr 1 mogę stwierdzić, iż **większość wykrytych QTLs w trzech różnych populacjach mapujących została zidentyfikowana właśnie w chromosomie 2H, co nas zaintrygowało, jako że potencjalny efekt plejotropowy regionu oddziaływującego na wczesność rzutował jednocześnie na elementy struktury plonu. Potwierdziliśmy również, iż wprowadzenie genotypów jęczmienia o skrajnie wczesnym terminie kłoszenia spowoduje niejako dominację cechy termin kłoszenia nad pozostałymi cechami, a jednocześnie ujawni ścisły związek tej ważnej cechy z pozostałymi cechami agronomicznymi.**

Publikacja nr 2. W związku z możliwością lepszej kontroli warunków wilgotnościowych w doświadczeniach szklarniowych aniżeli w warunkach polowych, zdecydowałem się na przeprowadzenie doświadczenia wazonowego z wykorzystaniem jednej z populacji mapującej wykorzystanej w publikacji numer 1. Ażeby lepiej zaprezentować skrajnie różne przystosowanie roślin jęczmienia jarego wyhodowanego w warunkach środkowo–europejskich oraz w warunkach syryjskich wybrałem populację mapującą uzyskaną pomiędzy polską odmianą Lubuski oraz formą syryjską

Cam/B1/CI08887//CI05761 (CamB) – populacja LCam. Kontynuując temat wpływu suszy na kształtowanie się cech agronomicznych oraz związku fazy rozwojowej roślin ze stopniem tolerancji na stres suszy wykorzystaliśmy trzy warianty doświadczalne – wariant z optymalnymi warunkami wilgotnościowymi oraz wariant stresu suszy stosowany w dwóch różnych fazach rozwojowych rośliny. I tak traktowanie suszą nr 1 stosowaliśmy od fazy trzech liści, natomiast traktowanie suszowe nr 2 stosowaliśmy od fazy krzewienia. Schemat doświadczenia został zaprojektowany w oparciu o zjawisko zróżnicowania reakcji roślin na stres suszy w różnych okresach wegetacji. Wcześniejsze badania sugerują, iż krytycznymi fazami rozwoju zbóż pod względem skutków niedoboru wody są faza strzelania w źdźbło oraz kłoszenie (Grzesiuk i Górecki 1978). Fazy rozwojowe roślin, w których stwierdzono największy współczynnik reakcji plonu na niedobór wody pokrywają się z fazami zwiększonego zapotrzebowania na wodę i składniki pokarmowe (Łabędzki 2004). W związku z powyższym, aby wskazać fazę rozwojową szczególnie wrażliwą na niedobór wody rozszerzyliśmy warianty doświadczalne w naszym doświadczeniu.

W prezentowanych badaniach wykorzystaliśmy naszą zintegrowaną mapę genetyczną skonstruowaną podczas doświadczeń zaprezentowanych w publikacji nr 1 do analizy QTLs dla cech plonotwórczych. Zidentyfikowaliśmy 60 QTLs zlokalizowanych na wszystkich siedmiu chromosomach jęczmienia. Podczas doświadczeń prezentowanych w publikacji nr 2 również udało nam się wykryć największą ilość loci cech ilościowych w chromosomie 2H (23 QTLs), co potwierdza wyjątkowe znaczenie chromosomu 2H w kształtowaniu się cech ilościowych. Główny QTL związany z terminem kłoszenia zlokalizowaliśmy na chromosomie 2H w pobliży markera typu SNP - 5880-2547. Jednocześnie marker ten był również zlokalizowany blisko loci związanych z morfologią kłosa oraz plonem ziarna.

W celu wykonania biologicznej interpretacji zidentyfikowanych regionów QTLs wykonaliśmy analizę adnotacji za pomocą narzędzi Ensembl Plants. Analiza ta ujawniła istnienie nadreprezentowanych terminów GO (ang. Gene Ontology) związanych z dwoma procesami biologicznymi: reakcja obronna oraz ubikwityzacja białka, przy czym największa liczba genów (15) związana była z ostatnim wspomnianym procesem i jedną z analizowanych cech agronomicznych (długość kłosa głównego). Tutaj znowu pojawił się aspekt wpływu terminu kłoszenia, gdyż istotą funkcjonowania szlaku giberelinowego, jednego ze szlaków indukcji kwitnienia, jest aktywacja ligaz ubikwitynowo - białkowych. Wynikiem tych działań jest uruchomienie procesu proteolitycznej degradacji białek represorowych zaangażowanych w regulacji aktywności genów odpowiedzi na giberelinę. W komórkach eukariontów występują dwa podstawowe systemy degradacyjne białek: lizosomalny oraz ubikwitynowo-proteasomalny - UPS (ang. Ubiquitin-26S Proteasome System). Degradacja białek DELLA powoduje odblokowanie poszczególnych czynników transkrypcyjnych wpływających na ekspresję genów docelowych, których produkty regulują szlak giberelinowy (Cheng i in. 2004). Wyniki analizy adnotacji były następnie podstawą do sformułowania tematu badawczego

realizowanego w ramach kierowanego przeze mnie projektu SONATA 12 (których wyniki stanowią dalszą część przedstawianego osiągniecia habilitacyjnego – publikacja 5 i 6).

Dodatkowo, chcąc zaprezentować rolę aspektu wczesności w omawianym doświadczeniu zdecydowałem się podzielić badaną populację mapującą na dwie grupy roślin: wcześnie kłoszące się oraz późno kłoszące się RILs. Podział roślin oparty był o segregacje markera typu SNP (588-2547) w badanym materiale roślinnym – SNP ten okazał się wcześniej (publikacja nr 1) powiązany z terminem kłoszenia i związany z QTL zlokalizowanym na krótkim ramieniu chromosomu 2H, w pobliżu genu fotoperiodycznego. Udało nam się w ten sposób wykazać, iż efekt suszy różni się w zależności od stadium rozwojowego, w którym znajduje się roślina eksponowana na działanie niekorzystnych warunków wilgotnościowych. Odnotowaliśmy różne wartości średnie cech plonotwórczych obserwowanych u roślin poddanych dwóm wariantom stresowym – suszy pojawiającej się w stadium siewki (faza trzech liści) oraz suszy występującej w fazie krzewienia. W przypadku analizy długości okresu wegetacji w warunkach suszy nr 1 i suszy nr 2 dla dwóch grup roślin (wcześnie- i późno kłoszących się) obserwowaliśmy opóźnienia w osiąganiu określonych faz rozwojowych u roślin wczesnych w warunkach stresu suszy aplikowanego w stadium krzewienia. Zjawisko to sugeruje wystąpienie zaburzeń rozwojowych u wczesnych roślin, które nie zdążyły w pełni zastosować swojej strategii przeciwdziałania skutkom suszy (tj. ucieczki przed suszą). Tym samym adaptacja tej strategii przetrwania w warunkach niedoboru wody może łączyć się również z pojawieniem się ryzyka sezonowej fluktuacji w występowania zjawisko suszy glebowej.

Podsumowując, niniejsze badanie wykazało, że allel wczesności pochodzący z syryjskiego rodzica (CamB), wprowadzony do genomu odmian europejskich mógłby zaowocować ulepszeniem wydajność plonowania w warunkach suszy, jednakże aspekt jakości plonu wciąż pozostaje wyzwaniem z hodowlanego punktu widzenia.

Publikacja nr 3. Populacja Lcam została dobrze scharakteryzowana pod względem reakcji na stres suszy we wcześniej wspomnianych przeze mnie pracach, jednak nasunęły się pytania odnośnie stopnia odporności populacji zawierającej komponenty rodzicielskie: odmiana syryjska × odmiana europejska na stresy biotyczne i roli wczesności w odpowiedzi na tego typu niekorzystne warunki. Było to związane z podejrzeniem, iż formy wczesne mogą charakteryzować się zwiększoną podatnością na choroby grzybowe. Z drugiej strony istniała możliwość zastosowania strategii rozwojowej – ucieczki przed suszą - również w przypadku perspektywy ominięcia poszczególnych faz cyklu rozwojowego patogenów. Fuzarioza kłosów (FHB) powoduje znaczne straty w plonie różnych gatunków roślin uprawnych na całym świecie (EFSA 2017). *Fusarium* spp. produkują m. in. mikotoksynę deoksyniwalenol (DON) (Shi i in. 2017), która zaburza właściwe funkcjonowanie komórek roślinnych poprzez zaburzanie syntezy białek (Berger i in. 2014), co skutkuje obniżeniem jakości ziarna i wydajności plonowania. Stężenia DON obecne w zakażonych ziarnach jęczmienia różnią się w zależności od czasu infekcji, fazy rozwojowej oraz czynników środowiskowych. W związku z tym podejrzewaliśmy, że długość okresu

wegetacji roślin poddanych negatywnemu działaniu grzybów z rodzaju *Fusarium* może mieć fundamentalne znaczenie dla przebiegu infekcji, a tym samym rzutować na stopień porażenia. Termin kłoszenia roślin jest często ujemnie skorelowany z podatnością na FHB (Mesfin i in. 2003). Dlatego uprawa odmian o różnych terminach kwitnienia może zmniejszyć ryzyko strat powodowanych przez FHB. W związku z tym podjęliśmy decyzję o przeprowadzeniu doświadczeń polowych z tą samą populacja mapującą w warunkach inokulacji grzybami z rodzaju *Fusarium*. W publikacji nr 3 zaprezentowaliśmy wyniki mapowania cech ilościowych (QTLs) związanych z szeregiem cech plonotwórczych oraz z podatnością na zakażenie grzybem *F. culmorum*. W tych badaniach udało nam się zwiększyć wysycenie mapy genetycznej poprzez użycie platformy Ilumina 9K iSelect, która zawierała 7,842 markerów typu SNP. Spośród wykrytych 70 loci cech ilościowych, sześć QTLs zostało przypisanych do indeksu stopnia porażenia kłosów przez *Fusarium* (FHBi). Jednym z tych regionów okazał się rejon zlokalizowany w krótkim ramieniu chromosomu 2H. Jednocześnie wykryliśmy istnieje kolokalizacji wielu innych loci związanych z cechami plonotwórczymi takimi jak długość kłosa, liczba kłosków czy liczba ziaren w kłosie, a także tzw. gęstość kłosa (ang. spike density), która dostarcza cennych informacji na temat cechy morfologii kłosa bezpośrednio związanej ze stopniem porażenia. Rzadkie obsadzenie kłosa przez kłoski może być cechą związaną z opornością na FHB ze względu na ich specyficzną architekturę, która nie jest narażona na długotrwałe utrzymywanie się wilgoci w kłosie (taki kłos wysycha szybciej i jest trudniejszy do penetracji grzybowej, czyli uniemożliwia rozprzestrzenianie się grzyba w górę i w dół kłosa) (Zhu i in. 1999). W naszych badaniach stwierdziliśmy ujemną korelację między cechami gęstość kłosa oraz FHBi, co wskazuje, że stopień zwartości kłosków w kłosie może być jednym z czynników zwiększających podatność na FHB. Dodatkowo, główny QTL dla gęstości kłosa zidentyfikowaliśmy w krótkim ramieniu chromosomu 2H zmapowanego w bezpośredniej bliskości markera BK_12. Co ciekawe, okazało się, że region ten związany był z markerem typu SNP (5880-2547), który w naszym badaniu okazał się również powiązany z QTL wykrytym dla FHBi. Z kolei główny QTL dla FHBi został zmapowany również w bezpośredniej bliskości do markera BK_12 oraz BK_13. W naszym badaniu główny QTL dla HD (termin kłoszenia) znajdował się w chromosomie 2H w pobliżu markera BK_12 w pozycji 22 cM, przesunięty o 1,1 cM od markera BOPA1_5880–2547. Według Turnera i in. (2005), marker SNP (BK_12) znajduje się bezpośrednio w obrębie genu *Ppd-H1*, który pełni ważną rolę w odpowiedzi na warunki dnia długiego u jęczmienia.

Ażeby wyraźnie zaprezentować kolokalizację określonych QTLs związanych z FHBi oraz cechami plonotwórczymi wydzieliliśmy regiony nazwane odpowiednio A-G - określone jako rejony typu „hot-spot”. Następnie wybierając trzy rejony tego typu zawierające wykryte QTLs dla cech związanych ze stopniem porażenia *Fusarium* (FHBi oraz HLKn – ang. Healthy Looking Kernels number), poddaliśmy te regiony analizie nadreprezentacji terminów GO. Przeprowadzona analiza ujawniła nadreprezentację terminów GO związanych z procesem glikozylacji („glycosyltransferase” oraz „UDP- glycosyltransferase superfamily protein”). Glikozylacja jest szeroko rozpowszechnioną

reakcją modyfikacji komórkowej występującą we wszystkich żywych organizmach, polegającą na przyłączeniu węglowodanu do grupy hydroksylowej lub innej grupy funkcyjnej cząsteczki na szlaku biosyntezy (Vogt i Jones 2000). Modyfikacje glikozylacji są katalizowane przez enzymy glikozylotransferazy (GT), które są dość polifiletyczne i należą do rodziny wielogenowej (Mackenzie i in. 1997). Roślinne difosforany urydyny (UDP)-glukozylotransferazy (UGT) katalizują glukozylację ksenobiotyków, substratów endogennych i czynników fitotoksycznych wytwarzanych przez patogeny, takie jak mikotoksyny (Li i in. 2017). Badania wykazały, że geny UDP-glukozylotransferazy roślin odgrywają istotną rolę w odporności roślin zarówno na stresy biotyczne, jak i abiotyczne (Gachon i in. 2005).

W naszym badaniu ujawniliśmy kolokalizację QTLs dla FHBi z cechami związanymi z morfologią kłosa oraz terminem kłoszenia w chromosomie 2H, który wydaje się zawierać kluczowe rejony związane zarówno z wczesnością, jak i odpornością na fuzariozę kłosów.

Publikacja nr 4. Dotychczas prezentowane badania dotyczą cech plonotwórczych charakteryzujących nadziemne części roślin. Jednakże nie sposób analizować wpływu suszy na rośliny bez dogłębnych badań części podziemnej roślin. Ze względu na zdolność zatrzymywania wody i składników odżywczych korzenie i ich architektura są uważane za najważniejsze parametry produktywności roślin i adaptacji do stresu suszy. Proces rozwoju korzeni tej samej odmiany jest różny w różnych warunkach środowiskowych, takich jak rodzaj gleby, dostępność wody i składników odżywczych (Nevo i Chen 2010; Wasson i in. 2012). W warunkach suszy lub okresach niskiego poziomu wody plastyczność korzeni może mieć duży wpływ na wydajność uprawy i – ostatecznie – jakość plonu. GWAS (ang. Genome-Wide Association Study) jest postrzegane jako efektywne podejście do identyfikacji genów regulujących cechy ilościowe roślin uprawnych (Gali i in. 2019; Muhammad i in. 2021). GWAS pozwala zidentyfikować geny, które wpływają na naturalne zróżnicowanie w cechach ilościowych poprzez skojarzenie markerów polimorfizm ze zmiennością fenotypową w różnych panelach asocjacyjnych czyli zróżnicowanej grupie roślin (Xiao i in. 2017). Analiza bloków sprzężeń (LD – ang. Linkage Disequilibrium), które łączą dwa lub więcej SNP jest bardziej informatywna niż analiza pojedynczych biallelicznych markerów typu SNP (Rochat i in. 2007). Sugerowano również, że w porównaniu z analizą segregacji indywidualnych markerów, GWAS oparty na haplotypie lepiej reprezentuje genetyczną architekturę złożonych cech, ponieważ to podejście pozwala na uchwycenie epistatycznej interakcji pomiędzy markerami typu SNP w locus (Bardel i in. 2005; Hamblin i in. 2011). Mając na uwadze małą dostępność systemów do nowoczesnego fenotypowania korzeni roślin zastosowaliśmy nowatorską metodę zaprezentowaną przez czeski zespół (Chloupek i in. 2010), polegającą na badaniu przewodności elektrycznej tkanek zlokalizowanych pod ziemią. Jednocześnie przeprowadziliśmy standardowe analizy biomasy korzeni oraz części nadziemnych roślin. Detaliczne badanie architektury korzeni formy europejskiej i syryjskiej gwarantowałoby uzyskanie interesujących danych na temat zmian w dynamice rozwoju tkanki korzennej kontrastujących genotypów, jednakże

mapowanie asocjacyjne nie jest możliwe na małej liczbie genotypów. W związku z tym forma syryjska Cam/B1/CI08887//CI05761 oraz odmiana polska Lubuski zostały włączone do panelu asocjacyjnego, zaprojektowanego specjalnie w celu zapewnienia zróżnicowania badanych form pod względem różnych cech plonotwórczych oraz wczesności. Badania prezentowane w publikacji nr 4 dotyczą trzy letnich doświadczeń polowych przeprowadzonych z użyciem panelu genotypów zaklasyfikowanych do badań asocjacyjnych. Pula badanych genotypów jęczmienia została zgenotypowana za pomocą metody GBS (ang. Genotyping-By-Sequencing) opisanej przez Poland i in. (2012).

Celem podjętych badań było określenie zróżnicowania fenotypowego cech związanych zarówno z morfologią korzeni, jak i licznymi cechami plonotwórczymi w zróżnicowanej grupie odmian, linii hodowlanych oraz RILs. Poprzez zastosowanie mapowania asocjacyjnego opartego zarówno na polimorfizmie pojedynczych nukleotydów jak i bloków markerowych opartych o LD, udało nam się zidentyfikować kilka asocjacji leżących u podstaw zmian dotyczących cech związanych z architekturą korzeni oraz kształtowaniem się plonu, w odpowiedzi na naturalne wahania wilgotności gleby. Największa liczba bloków dla cechy biomasa korzeni (ang. Root Biomas – RB) znajdowała się w chromosomie 2H (trzy bloki LD). Jest to zgodne z badaniem Jia i in. (2019), którzy wykazali rolę regionu w chromosomie 2H w kształtowaniu się architektury korzenia. Rezultaty naszego badania wykazały, iż dwa bloki LD związane z biomasą korzeni były szczególnie interesujące ze względu na ich kolokalizację i towarzyszący efekt alleliczny na wysokość rośliny i inne cechy związane z plonowaniem. LD-b_2H_7 był związany z wysokością roślin, podczas gdy LD-b_7H_58 był związany z trzema cechami (wysokość roślin, masa i liczba ziaren w kłosie), które bezpośrednio przyczyniły się do wydajności plonowania. Kolokalizacja loci zidentyfikowanych dla architektury korzeni z innymi cechami jest dobrze znanym zjawiskiem (Khasanova i in. 2019; Danakumara i in. 2021). Za pomocą wybranych narzędzi do adnotacji wykryliśmy osiem genów zawartych w wybranych blokach LD (LD-b_2H_7 i LDb_7H_58) m.in. kinazy związane z adnotacją HORVU (WAK) - niezbędne w procesie wydłużenia komórek (Anderson i in. 2001; Wagner i Kohorn 2001), a więc również do wzrostu tkanki korzennej. Ponadto w niniejszym badaniu zaobserwowano bezpośredni związek adnotacji HORVU z procesem kwitnienia dla genów HORVU2Hr1G007340 i HORVU2Hr1G007350, z których oba są związane z czynnikiem sprzyjającym kwitnieniu 1 (ang. Flowering Promoting Factor 1 - *FPF1*). Taki związek pomiędzy architekturą korzeni a genami odpowiedzialnymi za procesy indukcji kwitnienia nie został do tej pory odnotowany u jęczmienia jarego w literaturze. To odkrycie sugeruje, że region ten jest powiązany ze wspomnianym wcześniej miejscem w chromosomie 2H, które zawiera geny kwitnienia. *AtFPF1* u *Arabidopsis* koduje małe białko o masie 12,6 kDa, które reguluje kwitnienie i bierze udział w sygnalizacji gibereliny. Syntetyzowane jest w merystemach wierzchołkowych bezpośrednio po fotoperiodycznej indukcji kwitnienia. Genetyczne interakcje tego genu z genami terminu kwitnienia sugerują, że może on być zaangażowany w modulowanie mechanizmu kwitnienia. Nadekspresja OsRAA1, homologa *FPF1* u ryżu, wpływa na indukcję cechy w transgenicznych roślinach ryżu, takich jak zmieniony kształt liści, termin kłoszenia i rozwój korzeni (Kohorn i in. 2009). Ta obserwacja

sugeruje możliwą interakcję między genami lub czynnikami transkrypcyjnymi terminu kwitnienia a rozwojem korzeni.

Uzyskane wyniki podkreślają duże znaczenie regionu w krótkim ramieniu chromosomu 2H w modulowaniu ekspresji cech związanych z morfologią korzeni oraz cechami struktury plonu. Dzięki wynikom uzyskanym w ramach tego doświadczenia zaakcentowaliśmy plejotropowy efekt tego regionu na termin kłoszenia i inne ważne cechy agronomiczne, w tym architekturę korzeni.

Publikacja nr 5. Powyższe wyniki stały się punktem wyjścia do podjęcia przeze mnie bardziej szczegółowych badań nad znaczeniem długości okresu wegetacji w odpowiedzi roślin na stresy środowiskowe. W pracy nr 5 przeprowadziłem zintegrowane analizy już na mniejszej liczbie badanych obiektów. Na podstawie wyników segregacji markera SNP 5880-2547 opisanych w publikacji nr 2 oraz obserwacji fenologicznych (publikacja nr 1) wyodrębniłem dwie grupy roślin – wcześnie kłoszące się (CamB, LCam37, LCam64, LCam71) oraz późno kłoszące się (Lubuski, LCam08, LCam12, LCam13). W doświadczeniach zaprezentowanych w publikacji nr 5 skupiłem się na próbie scharakteryzowania reakcji roślin zróżnicowanych pod względem fenologicznym na stres suszy. Stopień takiej reakcji oceniałem za pomocą monitorowania elementów struktury plonu, mierzenia parametrów fluorescencji chlorofilu oraz oceny żywotności pyłku w warunkach stresowych. Uznałem bowiem, że komponenty te w sposób wymierny oddają stopień reakcji roślin na stres suszy, gdyż zaburzenia w fluorescencji chlorofilu dostarczają informacji na temat wpływy suszy w czasie rzeczywistym, a ocena żywotności pyłku pokazuje czy proces kwitnienia u roślinnych poddanych niekorzystnym warunkom wilgotnościowym przebiega prawidłowo. Natomiast ocena plonu dostarcza danych na temat ostatecznego wpływu stresu na morfologię rośliny. Dodatkowo, na podstawie przeprowadzonych badań wstępnych oraz doniesień literaturowych zdecydowałem się monitorować w różnych wariantach doświadczalnych poziom ekspresji czynnika transkrypcyjnego związanego z kwitnieniem oraz - być może - odpowiedzią na stres abiotyczny. *HvGAMYB* został pierwotnie zlokalizowany w warstwie aleuronowej ziarna u jęczmienia (Gubler i in. 2002), jednak dalsze badania wykazały również rolę tego czynnika transkrypcyjnego w regulacji kwitnienia i rozwoju pręcików (Murray i in. 2003). Podczas poprzednich doświadczeń rośliny wcześnie kłoszące się unikały suszy poprzez zakończenie cyklu rozwojowego w bardzo krótkim czasie (ucieczka przed suszą), kosztem obniżenia jakości plonu. Stąd hipoteza o negatywnym wpływie mechanizmów przyspieszających kwitnienie na rozwój organów generatywnych roślin jednoliściennych. Badania przeprowadzone przez Murray i in. (2003) wykazały, iż nadekspresja czynnika transkrypcyjnego *HvGAMYB* u jęczmienia powoduję męską sterylność poprzez występowanie zaburzeń procesu związanego z pękaniem stomium (część pylnika). W związku z tym za cel badań obrałem próbę określenia, czy podobny proces występuje u roślin poddanych stresowi suszy i czy zmiany w ekspresji *HvGAMYB* mogą być związane z brakiem obsadzenia kłosków w kłosie przez wykształcone ziarna (czyli pojawieniem się tzw. płonnych kłosów – ang. sterile spikes).

Zbadałem również wpływ suszy na plon grupy roślin zróżnicowanych pod względem fenologicznym. Projektując schemat doświadczenia zdecydowałem się na monitorowanie zarówno ekspresji badanego czynnika transkrypcyjnego, jak i parametrów używanych w teście JIP związanych z indukcją fluorescencji chlorofilu (OJIP) w dwóch fazach rozwojowych związanych ścisłe z kwitnieniem (LFE1 oraz LFE3 – zgodnie z protokołem obserwacji faz rozwojowych kwitnienia jęczmienia opisanego przez Gómez i Wilson (2012).

Przeprowadzone doświadczenia wykazały zróżnicowanie w odpowiedzi na stres suszy pod względem wydajności plonowania, morfologii pylników, kinetyki fluorescencji chlorofilu i żywotność pyłku w dwóch grupach roślin: wcześnie- i późno kłoszących się. Zmienność parametrów OJIP w drugim punkcie rozwojowym naszych badań pokazała, że przedłużający się stres suszy spowodował odmienne reakcje wśród badanych roślin wcześnie- i późno kłoszących się na zastosowane warunki stresowe. W prezentowanych badaniach stopień reakcji dwóch grup roślin o odmiennej fenologii, a także morfologia i zdolność do dostosowania się do zmieniających się warunków wilgotnościowych znacznie się różniły, a termin kłoszenia roślin był ważnym czynnikiem przyczyniającym się do bezpośrednich reakcji na stres. Zmiany w wartościach odczytu jednego z parametrów OJIP (ABS_RC – ang. absorbed energy flux) obserwowane w niniejszym badaniu mogą sugerować, że wczesne genotypy reagują inaczej niż rośliny późno kłoszące się na początkową fazę stresu suszy, ale po pewnym czasie dochodzi do uszkodzeń również w tego typu roślinach. Średnie wartości innego parametru OJIP (związanego z nadmiarem energii niewykorzystanej w procesach fotochemicznych rozpraszanym w postaci ciepła - DIo_RC – ang. the dissipated energy flux) monitorowane w badanych roślinach, zmieniały się w zależności od punktów rozwojowych, w których przeprowadzono pomiary. Szczególnie zauważalny był wzrosty wartości tego parametru u roślin wcześnie kłoszących się. **Wyniki te podkreślają różnorodność stopnia reakcji na suszę obserwowaną u roślin zróżnicowanych pod względem fenologicznym.** Wyniki tego badania wykazały również, że poziom ekspresji *HvGAMYB* był dodatnio skorelowany z cechami związanymi z morfologią kłosa bocznego w drugim badanym punkcie rozwojowym, co sugeruje wystąpienie takiej zależności tylko w przypadku długotrwałej suszy, a jednocześnie podkreśla wpływ czasu trwania stresu suszy na poziom ekspresji badanego czynnika transkrypcyjnego. **Powyższa zależność wskazuje na potencjalny związek badanego czynnika transkrypcyjnego z procesami rozwojowymi ziaren oraz kłosów roślin jęczmienia poddanych warunkom suszy.**

Publikacja nr 6. Następnie w kolejnych doświadczeniach zdecydowałem się zawęzić liczbę obiektów badawczych, co umożliwiło przeprowadzenie precyzyjnych badań mikroskopowych. Jako uwieńczenie opisywania charakterystyki reakcji roślin na stres suszy, zdecydowałem się zbadać zmiany jakie zachodzą u roślin poddanych niekorzystnym warunkom wilgotnościowym na poziomie ultrastruktury komórkowej. Publikacja nr 6 przedstawia wyniki, które niejako zamykają cykl prac związanych z zagadnieniem i hipotezą powstałą przy okazji realizacji badań zaprezentowanych w publikacja nr 1 i

publikacji nr 2. Jako, że mianownikiem wspólnym wszystkich poprzednich prac zaprezentowanych w niniejszym osiągnięciu habilitacyjnym były formy wyjściowe materiału badawczego, czyli formy rodzicielskie: genotyp polski Lubuski oraz syryjska linia hodowlana CamB, właśnie te dwa genotypy zostały wytypowane jako materiał roślinny do dalszych analiz. Na podstawie zaprezentowanych wcześniej badań zakwalifikowaliśmy formę syryjską, jako roślinę tolerancyjną na stres suszy oraz formę polską, jako roślinę podatną na negatywne skutki działania suszy (stara odmiana niedostosowana do dzisiejszych zmian klimatycznych). Takie podejście pozwoliło nam z jednej strony na obserwację zmian w ultrastrukturze komórkowej badanej tkanki, a z drugiej strony na porównanie uszkodzeń pomiędzy genotypami różniącymi się znacznie terminem kłoszenia. W związku z tym, że rozwój nasion wydaję się być kluczowym procesem w strategii przetrwania lub niwelowania negatywnych skutków suszy postanowiliśmy zwrócić szczególna uwagę na rozwój pyłku u roślin poddanych warunkom suszowym.

Rozwój pyłku jest ważnym procesem w cyklu życiowym roślin, ponieważ tylko odpowiednio uformowany pyłek gwarantuje prawidłowe uformowanie nasion. Jednak w niesprzyjających warunkach środowiska rozwój pylników zostaje zaburzony, co prowadzi do powstania tzw. pyłku jałowego (sterylnego) (Dong i in. 2017). Jako, że skala uszkodzeń, zdolność regeneracji oraz wpływ na plon zależą od fazy rozwojowej, w której roślina jest narażona na ten stres abiotyczny (Alqudah i in. 2011), również w tym doświadczeniu monitorowaliśmy negatywne skutki działania suszy w dwóch punktach rozwojowych roślin (LFE1 i LFE4). Co więcej, zastosowaliśmy sztuczne regulatory wzrostu i stres zaciemnienie, aby dodatkowo modyfikować (przyśpieszać lub opóźniać) rozwój badanych roślin w warunkach suszowych.

Analizy jakości plonu i kinetyki fluorescencji chlorofilu wykazały, iż rośliny reagowały na stosowane warianty doświadczalne. Jednak wbrew naszym oczekiwaniom rozwój pyłku roślin uprawianych w określonych warunkach suszowych nie został poważnie zaburzony. Najbardziej prawdopodobne jest, że użycie sztucznych regulatorów wzrostu zmodyfikowało rozwój roślin w niektórych wariantach doświadczalnych, powodując przyśpieszenie lub opóźnienie osiągania poszczególnych faz rozwojowych do tego stopnia, iż rośliny znacznie skróciły okres ekspozycji na suszę. Badania te wyraźnie wykazały, że długość okresu wegetacji ma ogromny wpływ na reakcję roślin na warunki suszy, ponieważ każda modyfikacja może zmienić dynamikę oddziaływania suszy na roślinę, jak również czas trwania narażenia rośliny na niekorzystne warunki. W konsekwencji rośliny wykazywały różny stopień reakcji na suszę, co również miało wpływ na rozwój pyłku. Gdy roślina mateczna doświadcza warunków stresowych, sygnał dociera do ziaren pyłku i wpływa na procesy związane z jego rozwojem (Begcy i Dresselhaus 2018; Pacini i Dolferus 2019). Wyniki naszych badań sugerują, że wniosek ten jest częściowo słuszny – w niektórych przypadkach narażenie rośliny matecznej na suszę nie wydawało się poważnie wpływać na rozwój ziaren pyłku w kłosach, które „wymykają się" (przez opóźnienie wzrostu lub proces wtórnego krzewienia) niekorzystnym warunkom i ich skutkom, nawet u roślin nieprzystosowanych do wzrostu w warunkach niedoboru wody.

W naszych badaniach rośliny CamB i Lubuski były poddane negatywnemu działaniu suszy co zostało potwierdzone oceną jakości plonowania i ewaluacją kinetyki fluorescencji chlorofilu. Jednak rozwój pyłku roślin uprawianych w określonych warunkach (np. Lubuski w doświadczeniu, w którym stosowaliśmy oprócz suszy również warunki tymczasowego zaciemnienia) nie został znacząco zaburzony - wbrew naszym oczekiwaniom. Chociaż w obserwacjach wykonanych za pomocą mikroskopii transmisyjnej nie zauważono uszkodzeń komponentów komórkowych w ziarnach pyłku dla genotypu późno kłoszącego się, ocena żywotności pyłku wskazywała na niską jego jakość.

Ważnym wskaźnikiem prawidłowego rozwoju pyłku mogą być również zaproponowane dwie cechy związane z tzw. płodnością kłosów, które wykazały jednoznacznie negatywny wpływ suszy na proces generatywny, a co za tym idzie - rozwój nasion. Zgodnie z obserwacjami fenologicznymi dla doświadczenia, w którym stosowaliśmy oprócz suszy również warunki tymczasowego zaciemnienia, okres między stadium liścia flagowego (czyli start stresu suszy w doświadczeniu) a kwitnieniem był wyjątkowo krótki dla roślin CamB, dzięki czemu ten genotyp zakończył proces kwitnienia w warunkach ograniczenia ekspozycji na światło. Jednocześnie późno kłoszący się genotyp opóźniał rozwój generatywny i prawdopodobnie do pewnego stopnia zregenerował się, co można zaobserwować na mikrofotografiach wykonanych zarówno za pomocą mikroskopii świetlnej jak i transmisyjnej. Nasze wyniki zademonstrowały ultrastrukturalne zmiany w strukturach pylników oraz pyłku dwóch kontrastujących genotypów jęczmienia - dobrze scharakteryzowanych w naszych poprzednich badaniach - i wykazały, że zmiany w organizacji komórkowej mogą być związane z czasem trwania ekspozycji na stres. Wyniki tego badania sugerują również, że modyfikacja wzrostu i rozwoju roślin, jak również zaburzenia w cyklu światła w czasie wegetacji, mogą wpływać na ekspresję czynnika transkrypcyjnego *HvGAMYB,* który powiązany jest z funkcjonowaniem szlaku indukcji kwitnienia zależnego od gibereliny. Jako, że działanie czynników transkrypcyjnych jest ściśle regulowane w wielu procesach biologicznych (Kaufmann i Airoldi 2018; Zhang i in. 2022), zmiany w ekspresji *HvGAMYB* mogą mieć znaczący wpływ na wiele procesów związanych z rozwojem. Jednocześnie brak różnic w ekspresji w traktowaniach w doświadczeniu z tymczasowym brakiem ekspozycji roślin na światło (w odróżnieniu od doświadczenia, gdzie takiego czynnika eksperymentalnego nie wprowadzono), wskazuje na powiązanie kluczowego komponentu giberelinowego szlaku indukcji kwitnienia ze szlakiem fotoperiodycznym.

Podsumowując, badania zaprezentowane w publikacji nr 6 wykazały, że **długość okresu wegetacyjnego może wpływać na reakcje roślin na suszę, a w konsekwencji na procesy związane z rozwojem pyłku, ponieważ każda modyfikacja wzrostu zmienia dynamikę oddziaływania negatywnych skutków suszy, a także czas trwania ekspozycji roślin na suszę.**

Podsumowując, przedstawione badania rzucają nowe światło na rolę wczesności jako mechanizmu tolerancji na stresy środowiskowe w aspekcie kształtowania się innych cech

plonotwórczych. W pierwszym cyklu publikacji (publikacje 1-4) scharakteryzowałem region zlokalizowany w krótkim ramieniu chromosomu 2H, który związany jest z wczesnością kwitnienia/ kłoszenia oraz licznymi cechami plonotwórczymi. Wyniki wyżej wspomnianych prac wskazują na ważną rolę tego rejonu w ostatecznym kształtowaniu się cech plonu w zarówno w warunkach stresu abiotycznego (susza) jak i biotycznego (zakażenie grzybami z rodzaju *Fusarium*). Następne dwie prezentowane prace badawcze (publikacje 5 oraz 6) dotyczą już genotypów jęczmieni, które charakteryzowały się skrajnymi terminami kwitnienia/ kłoszenia. Wyselekcjonowane obiekty doświadczalne to rośliny, które zaadoptowały formę ucieczki przed suszą jako odpowiedź na niekorzystne warunki środowiska (rośliny wczesno kłoszące się) oraz rośliny, które przystosowane są do optymalnych warunków wzrostu i charakteryzują się stosunkowo długim okresem wegetacji (rośliny późno kłoszące się). Zaprezentowane wyniki wykazały, iż genotypy stosujące ucieczkę przed suszą są wyposażone również w inne mechanizmy odpornościowe. Jednakże w przypadku „pozbawienie" mechanizmu ucieczki, pozostałe narzędzia odpowiedzi roślin na stres są niewystarczające do utrzymania optymalnego metabolizmu organizmu roślinnego lub opóźniają jedynie negatywne skutki działającego stresu. Jednakże wczesność kwitnienia w tym aspekcie i tak daje roślinom wczesnym przewagę bowiem - jako, że długość ekspozycji na stres ma ogromne znaczenie dla negatywnych konsekwencji dla tkanek roślinnych - pozwala na znaczne skrócenie czasu oddziaływania stresu na roślinę. Co więcej, wykazałem, że stadium rozwojowe ma niebagatelne znaczenie w ocenie wpływu suszy na rośliny np. badania ekspresji wybranego czynnika transkrypcyjnego *HvGAMYB* lub ocena parametrów OJIP, czy zmian ultrastruktury komórkowej nawet w fazach rozwojowych odnotowanych w odstępie czterech dni, przynosi odmienne obserwacje i wyniki. Sugeruje to zmienność reakcji, która kształtuje się dynamicznie w czasie rozwoju rośliny w warunkach stresowych. Jeśli stres wystąpi w nieodpowiedniej/ krytycznej fazie rozwojowej, może to oznaczać dla rośliny znaczne straty w plonie – tym samym długość okresu wegetacji ma ogromne znaczenie dla funkcjonowania upraw w dzisiejszych, zmieniających się warunkach klimatycznych.

<u>Do najważniejszych, oryginalnych wyników badawczych przedstawionego cyklu prac stanowiącego osiągnięcie naukowe należą:</u>

1. Wskazanie na region zlokalizowanego w krótkim ramieniu chromosomu 2H jęczmienia jarego jako rejonu z potencjalnym efektem plejotropowym związanym z wczesnością, odpornością na fuzariozę kłosów, architekturą korzeni oraz wieloma cechami plonotwórczymi.

2. Wykazanie, iż region ten jednocześnie wykazuje kolokalizację wielu loci, w tym związanych z morfologią kłosa, terminem kłoszenia oraz odpornością na fuzariozę kłosów.

3. Pokazanie potencjału do rozwoju cech odpornościowych na stres abiotyczny i biotyczny poprzez wykorzystanie genotypów zaadoptowanych do warunków suszowych.

4. Wykazanie roli długości okresu wegetacji u jęczmienia jarego w odpowiedzi na stres suszy (abiotyczny) oraz infekcję grzybami z rodzaju *Fusarium* (stres biotyczny).

5. Wykazanie, iż stopień oddziaływania negatywnych skutków wilgotnościowych zależy od fazy rozwojowej, na którą przypadają okresy suszy.

6. Podkreślenie różnorodności stopnia reakcji na suszę obserwowaną u roślin zróżnicowanych pod względem fenologicznym.

7. Wskazanie na potencjalny związek czynnika transkrypcyjnego *HvGAMYB* z procesami rozwojowymi ziaren oraz kłosów roślin jęczmienia poddanych warunkom suszy.

8. Wykazanie, że długość okresu wegetacyjnego ma fundamentalne znaczenie w odpowiedzi roślin na suszę - w tym na procesy związane z rozwojem pyłku. Każda modyfikacja wzrostu (przyśpieszenie lub opóźnienie rozwoju przez roślinę) zmienia dynamikę oddziaływania negatywnych skutków suszy, a także czas trwania ekspozycji roślin na suszę.

Obecnie kontynuuję badania nad zjawiskiem wczesności w aspekcie stosowania przez rośliny ucieczki przed suszą, z tą różnicą, iż postanowiłem zbadać strategie roślin poddanych połączonym stresom: abiotycznym i biotycznym. W realizowanym obecnie projekcie postanowiliśmy skupić się na oddziaływaniu stresów abiotycznych (susza) i biotycznych (infekcja grzybowa) w odniesieniu do budowy warstwy epidermy (kutykuli oraz trichomów), jak również na zmianach poziomu transkrypcji genów i składu chemicznego wosków badanych roślin na różnych etapach rozwoju. W obecnie realizowanych badaniach analizie poddana została zarówno budowa chemiczna i fizyczna kutykuli i trichomów, jak i ich rola w infekcjach grzybowych i suszy. Celem badań jest ocena roli wyżej wymienionych elementów, które są uważane za złożone i wyrafinowane struktury obronne, w aspekcie reakcji na połączenie stresów biotycznego i abiotycznego w odniesieniu do (i) analizy transkryptomu, (ii) zawartości wosku, (iii) analizy mikrostruktury oraz (iv) fenotypowej ocenie roślin w czasie rzeczywistym pod względem zmienności fenologicznej i zawartości wosku. Badania opierają się na hipotezie, że odporność roślin nie jest cechą trwałą - jest raczej efektem danych warunków w określonym czasie wegetacji rośliny. Ponadto założyliśmy, że odporność nabyta może ulec pogorszeniu lub wzmocnieniu podczas wegetacji ze względu na występowanie dodatkowych czynników. Jednocześnie może być związana z gwałtownymi zmianami w anatomii, morfologii, genetyce i biochemii roślin. Aby zweryfikować tę hipotezę używamy metod, które wpływają na rozwój mutantów z nalotem woskowym oraz bez nalotu woskowego, a także narzędzi dostosowanych do oceny struktury epidermy. Przeprowadzenie eksperymentów z wybranymi genotypami jęczmienia - liniami kombinacji krzyżówek pochodzących od mutantów woskowych oraz genotypów wczesno- oraz późno kłoszących się, pozwolą na uzyskanie informacji na temat roli tychże cech w odpowiedzi roślin na jednoczesne występowanie stresów biotycznych i abiotycznych. Projekt dostarczy istotnej wiedzy na temat wciąż zagadkowego zjawiska - zmienności odporności roślin obserwowanej w różnych fazach rozwojowych. Realizowane obecnie badania pozwolą na poszerzenie wiedzy na temat roli wczesności w aspekcie dynamicznych zmian w morfologii epidermy roślin poddanych różnego rodzajom stresom. Jednocześnie realizowane badania stanowią kontynuacje mojego wysiłku, aby scharakteryzować strategię rozwojową

roślin uzyskanych z krzyżówki pomiędzy syryjską linią a europejską odmianą przystosowaną do warunkach suszy oraz nasilającej się presji ze strony patogenów.

Bibliografia:

Abdul Jaleel C., Manivannan P., Vahid A., Farooq M., Al-Juburi H.J., Somasudram R. et al. 2009. Drought stress in plants: A review on morphological characteristics and pigments composition. Int. J. Agri. Biol. 100-105.

Alqudah A.M., Samarah N.H., Mullen R.E. 2011. Drought stress effect on crop pollination, seed set, yield and quality. In AlternativeFarming Systems, Biotechnology, Drought Stress and Ecological Fertilisation, Sustainable Agriculture Reviews 6; Lichtfouse, E., Ed.;Springer Science + Business Media B.V.: Dijon, France, 2011; pp. 193–213. ISBN 978-94-007-0186-1.

Anderson C.M., Wagner T.A., Perret M., He Z.-H., Kohorn B.D. 2001. WAKs: cell wall-associated kinases linking the cytoplasm to the extracellular matrix. Plant Mol. Biol. 47, 197–206.

Aya K., Ueguchi-Tanaka M., Kondo M., Hamada K., Yano K., Nishimura M., et al. 2009. Gibberellin modulates anther development in rice via the transcriptional regulation of GAMYB. Plant Cell 21:1453–1472.

Bardel C., Danjean V., Hugot J.-P., Darlu P., Génin E. 2005. On the use of haplotype phylogeny to detect disease susceptibility loci. BMC Genet. 6, 24.

Bartoli C.G., Simontacchi M., Tambussi E., Beltrano J., Montaldi E., Puntarulo S. 1999. Drought and watering-dependent oxidative stress: Effect on antioxidant content in Triticum aestivum L. leaves. J. Exp. Bot., 50, 375–383.

Begcy K., Dresselhaus T. 2018. Epigenetic responses to abiotic stresses during reproductive development in cereals. Plant Reprod., 31, 343–355.

Berger G., Green A., Khatibi P., Brooks W., Rosso L., Liu S. et al. 2014. Characterization of Fusarium Head Blight Resistance and Deoxynivalenol Accumulation in Hulled and Hulless Winter Barley. Plant Disease. 2014; 98: 599–606.

Ceccarelli S., Grando S., Baum M., Udupa S. 2004. Breeding for drought resistance in a References 204 changing climate. In: Roberts CA (eds) Challenges and Strategies for Dryland Agriculture Crop Science Society of America Inc and American Society of Agronomy Inc, Madison, Wisconsin, pp,167-190.

Cheng H., Qin L.Q., Lee S.C., Fu X.D., Richards D.E., Cao D.N. et al. 2004. Gibberellin regulates Arabidopsis floral development via suppression of DELLA protein function. Development 131:1055–1064

Chloupek O. 1977. Evaluation of the size of a plant's root system using its electrical capacitance. Plant Soil 48, 525–532.

Chloupek O., Dostál V., Streda T. 2010. Drought tolerance of barley varieties in ˇrelation to their root system size. Plant Breed. 129, 630–636.

Danakumara T., Kumari J., Singh A.K., Sinha S.K., Pradhan A.K., Sharma S. et al. 2021. Genetic dissection of seedling root system architectural traits in a diverse panel of hexaploid wheat through multi-locus genome-wide association mapping for improving drought tolerance. Int. J. Mol. Sci. 22 (13), 7188.

Diab A.A., Teulat-Merah B., This D., Ozturk N.Z., Benscher D., Sorrells M.E. 2004. Identification of drought-inducible genes and differentially expressed sequence tags in barley. Theor. Appl. Genet. 109(7),1417-25.

Dolferus R. 2014. To grow or not to grow: A stressful decision for plants. Plant Sci., 229, 247–261.

Dong B., Zheng X., Liu H., Able J.A., Yang H., Zhao H. et al. 2017. Effects of Drought Stress on Pollen Sterility, Grain Yield, Abscisic Acid and Protective Enzymes in Two Winter Wheat Cultivars. Front. Plant Sci., 8, 1008.

European Food Safety Authority (EFSA). 2017. Risks to human and animal health related to the presence of deoxynivalenol and its acetylated and modified forms in food and feed. EFSA Journal., 15: 4718.

Fahad S., Bajwa A.A., Nazir U., Anjum S.A., Farooq A., Zohaib A., et al. 2017. Crop Production under Drought and Heat Stress: Plant Responses and Management Options. Front. Plant Sci. 8, 1147.

Farooq M., Wahid A., Kobayashi N., Fujita D., Basra S.M.A. 2009. Plant drought stress: effects, mechanisms and management. Agron. Sustain. Dev. 29,185-212.

Fukushima A., Kusano M., Nakamichi N., Kobayashi M., Hayashi N., Sakakibara H., et al. 2009. Impact of clock-associated Arabidopsis pseudo-response regulators in metabolic coordination. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 106,7251-7256.

Gachon C.M., Langlois-Meurinne M., Saindrenan P. 2005. Plant secondary metabolism glycosyltransferases: the emerging functional analysis. Trends Plant Sci.,10(11): 542–549.

Gali K.K., Sackville A., Tafesse E.G., Lachagari V.B.R., McPhee K., Hybl M. et al. 2019. Genome-wide association mapping for agronomic and seed quality traits of field pea (Pisum sativum l.). Front. Plant Sci. 10:1538.

Garner W.W., Allard H.A. 1920. Effect of the relative length of day and night and other factors of the environment on growth and reproduction in plants. J. Agric. Res. 18,553-606.

Gómez J.F., Wilson Z.A. 2012. Non-destructive staging of barley reproductive development for molecular analysis based upon external morphology. J. Exp. Bot. 63(11):4085–4094.

Griffiths S., Dunford R.P., Coupland G., Laurie D.A. 2003. The evolution of CONSTANS-like gene families in barley, rice and Arabidopsis. Plant Physiol. 131, 1855-1867.

Grzesiuk S., Górecki R. 1978. Metody badania odporności roślin na suszę. Hod. Rośl. Aklim. 1/2: 40 — 46.

Gubler F., Kalla R., Roberts J.K., Jacobsen J.V. 1995. Gibberellin-regulated expression of a myb gene in barley aleurone cells: evidence for MYB transactivation of a high-pI α-amylase gene promoter. Plant Cell 7:1879–1891.

Gürel F., Öztürk Z.N., Uçarlı C., Rosellini D. 2016. Barley Genes as Tools to Confer Abiotic Stress Tolerance in Crops. Front. Plant Sci. 7:1137.

Halliday K.J., Salter M.G., Thingnaes E., Whitelam G.C. 2003. Phytochrome control of fowering is temperature sensitive and correlates with expression of the foral integrator FT. Plant J. 33:875–885.

Hamblin M.T., Buckler E.S., Jannink, J.L. 2011. Population genetics of genomics-based crop improvement methods. Trends Genet. 3, 98–106.

Jackson R.B., Sperry J.S., Dawson, T.E. 2000. Root water uptake and transport: Using physiological predictions in global predictions. Trends Plant Sci., 5, 482–488.

Jana S., Wilen R.W. 2005. Breeding for abiotic stress tolerance in barley. In: M. Ashraf, and P. J. C. Harris, eds. Abiotic Stresses. Plant Resistance Through Breeding and Molecular Approaches, Haworth Press, New York, pp,491-511.

Jia Z., Liu Y., Gruber B.D., Neumann K., Kilian B., Graner A. et al. 2019. Genetic dissection of root system architectural traits in spring barley. Front. Plant Sci. 10:400.

Kaufmann K., Airoldi C.A. 2018. Master Regulatory Transcription Factors in Plant Development: A Blooming Perspective. Methods Mol. Biol., 1830:3-22.

Khasanova A., Lovell J.T., Bonnette J., Weng X., Jenkins J., Yoshinaga Y. et al. 2019. The genetic architecture of shoot and root trait divergence between mesic and xeric ecotypes of a perennial grass. Front. Plant Sci. 10. 366.

Kohorn B.D., Johansen S., Shishido A., Todorova T., Martinez R., Defeo E. et al. 2009. Pectin activation of MAP kinase and gene expression is WAK2 dependent. Plant J. 60, 974–982.

Łabędzki L. 2004. Problematyka susz w Polsce. Woda-Środowisko-Obszary Wiejskie, t. 4 z 1 (10), s 47-66.

Laurie D.A., Pratchett N., Bezant J.H., Snape J.W. 1995. RFLP mapping of five major genes and eight quantitive trait loci controlling flowering time in a winter × spring barley (Hordeum vulgare L). Genome 38: 575–585.

Li X.X., Zhu B., Gao X.W., Liang P. 2017. Over-expression of UDP-glycosyltransferase gene UGT2B17 is involved in chlorantraniliprole resistance in Plutella xylostella (L.) Pest Manag. Sci., 73: 1402–1409.

Ludlow M.M., Muchow R.C. 1990. A critical evolution of traits for improving crop yields in water-limited environments. Adv. Agron. 43,107-153.

Ma D., Liu B., Ge L., Weng L., Cao X., Liu F., et al. 2021. Identification and characterization of regulatory pathways involved in early fowering in the new leaves of alfalfa (Medicago sativa L.) by transcriptome analysis. BMC Plant Biol. 21:8.

Mackenzie P.I., Owens I.S., Burchell B., Bock K.W., Bairoch A., Belanger A. et al. 1997. The UDP glycosyltransferase gene superfamily: recommended nomenclature update based on evolutionary divergence. Pharmacogenetics., 7(4): 255–69.

Maherali H., Caruso C.M., Sherrard M.E., Latta R.G. 2010. Adaptive value and costs of physiological plasticity to soil moisture limitation in recombinant inbred lines of Avena barbata. Am. Nat., 175, 211–224.

Mansour E., Casas A.M., Gracia A.P., Molina-Cano J.L., Moralejo M, Cattivelli L, et al. 2014. Quantitative trait loci for agronomic traits in an elite barley population for Mediterranean conditions. Mol. Breed. 33:249–265.

Marchin R.M., Ossola A., Leishman M.R., Ellsworth D.S. 2020. A Simple Method for Simulating Drought Effects on Plants. Front. Plant Sci. 10:1715.

Mesfin A., Smith K.P., Dill-Macky R., Evans C.K., Waugh R., Gustus C.D. et al. 2003. Quantitative trait loci for Fusarium head blight resistance in barley detected in a two-rowed by six-rowed population. Crop Sci., 43: 307–318.

Mitra J. 2001. Genetics and genetic improvement of drought resistance in crop plants. Curr. Sci. 80,758-762.

Mittler R. 2006. Abiotic stress, the field environment and stress combination. Trends Plant Sci. 11,15-19.

Moon J., Lee H., Kim M., Lee I. 2005. Analysis of flowering pathway integrators in arabidopsis. Plant Cell Physiol. 46(2):292–299.

Morgan J.M. 1984. Osmoregulation and water stress in higher plants. Annu. Rev. Plant Physiol., 35, 299–319.

Muhammad A., Li J., Hu W., Yu J., Khan S.U., Khan M.H.U. et al. 2021. Uncovering genomic regions controlling plant architectural traits in hexaploid wheat using different GWAS models. Sci. Rep. 11, 6767.

Muñoz-Amatriaín M., Moscou M.J., Bhat P.R., Svensson J.T., Bartoš J., Suchánková P. et al. 2011. An improved consensus linkage map of barley based on flow-sorted chromosomes and single nucleotide polymorphism markers. Plant Genome 4,238-249.

Murray F., Kalla R., Jacobsen J., Gubler F. 2003. A role for HvGAMYB in anther development. The Plant J. 33:481–491.

Nevo E., Chen G. 2010. Drought and salt tolerances in wild relatives for wheat and barley improvement. Plant Cell Environ. 33, 670–685.

Pacini E., Dolferus R. 2019. Pollen Developmental Arrest: Maintaining Pollen Fertility in a World With a Changing Climate. Front. Plant Sci., 10: 679.

Pillen K., Zacharias A., Léon J. 2003. Advanced backcross QTL analysis in barley (Hordeum vulgare L.). Theor. Appl. Genet. 107:340–352.

Pinheiro C., Chaves M.M. 2011. Photosynthesis and drought: can we make metabolic connections from available data? J. Exp. Bot. 62(3),869-882.

Poland J.A., Brown P.J., Sorrells M.E., Jannink J.L. 2012. Development of high-density genetic maps for barley and wheat using a novel two-enzyme genotyping-bysequencing approach. PloS One 7 (2), e32253.

Qi X., Niks R.E., Stam P., Lindhout P. 1998. Identification of QTLs for partial resistance to leaf rust (Puccinia hordei) in barley. Theor. Appl. Genet. 96:1205–1215.

Rapacz M., Kościelniak J., Jurczyk B., Adamska A., Wójcik M. 2010. Different Patterns of Physiological and Molecular Response to Drought in Seedlings of Malt- and Feedtype Barleys (Hordeum vulgare). J. Agron. Crop Sci. 196,9-19.

Reynolds M.P., Manes Y., Izanloo A., Langridge P. 2009. Phenotyping approaches for physiological breeding and gene discovery in wheat. Ann. Appl. Biol. 155,309-320.

Rochat R.H., de las Fuentes L., Stormo G., Davila-Roman V.G., Charles Gu C. 2007. A novel method combining linkage disequilibrium information and imputed functional knowledge for TagSNP selection. Hum. Hered. 64, 4, 243–249.

Sallam A., Alqudah A.M., Dawood M.F.A., Baenziger P.S., Börner A. 2019. Drought stress tolerance in wheat and barley: Advances in physiology, breeding and genetics research. Int. J. Mol. Sci. 20, 3137.

Seleiman M.F., Al-Suhaibani N., Ali N., Akmal M., Alotaibi M., Refay Y. et al. 2021. Drought Stress Impacts on Plants and Different Approaches to Alleviate Its Adverse Effects. Plants, 10, 259.

Shi W., Tan Y., Wang S., Gardiner M.D., De Saeger S., Liao Y. et al. 2017. Mycotoxigenic potentials of Fusarium species in various culture matrices revealed by mycotoxin profiling. Toxins., 9: 6–21.

Tattersall E.A.R., Grimplet J. De Luc L., Wheatley M.D., Vincent D., Osborne C., et al. 2007. Transcript abundance profiles reveal larger and more complex responses of grapevine to chilling compared to osmotic and salinity stress. Funct. Integr. Genomics 7,317-333.

Thomas W.T.B., Powell W., Swanston J.S. 1991. The effects of major genes on quantitatively varying characters in barley. 4. The GPert and denso loci and quality characters. Heredity 66,381-389.

Turner A., Beales J., Faure S., Dunford R.P., Laurie D.A. 2005. The pseudoresponse regulator Ppd-H1 provides adaptation to photoperiod in barley. Science 310:1031–1034.

Vogt T., Jones P. 2000. Glycosyltransferases in plant natural product synthesis: characterization of a supergene family. Trends Plant Sci., 5(9): 380–386.

von Korff M., Wang H., Leon J., Pillen K. 2006. AB-QTL analysis in spring barley: II Detection of favourable exotic alleles for agronomic traits introgressed from wild barley. Theor. Appl. Genet. 112: 1221–1231.

Wagner T.A., Kohorn B.D. 2001. Wall-associated kinases are expressed throughout plant development and are required for cell expansion. Plant Cell 13 (2), 303– 318.

Wang B., Li J. 2019. Understanding the Molecular Bases of Agronomic Trait Improvement in Rice. Plant Cell., 31(7):1416-1417.

Wang G., Schmalenbach I., von Korff M., Lèon J., Kilian B., Rode J. et al. 2010. Association of barley photoperiod and vernalization genes with QTLs for flowering time and agronomic traits in a BC2DH Quantitative Trait Loci for Yield and Yield-Related Traits in Barley population and a set of wild barley introgression lines. Theor. Appl. Genet. 120: 1559–1574.

Wang J.W. 2014. Regulation of flowering time by the miR156-mediated age pathway. J. Exp. Bot. 65:4723–4730

Wasson A.P., Richards R.A., Chatrath R., Misra S.C., Sai Prasad S.V., Rebetzke G.J. et al. 2012. Traits and selection strategies to improve root systems and water uptake in water-limited wheat crops. J. Exp. Bot. 63 (9), 3485–3498.

Xiao Y., Liu H., Wu L., Warburton M., Yan J. 2017. Genome-wide association studies in maize: praise and stargaze. Mol. Plant 10 (3), 359–374.

Zhang L., Fang W., Chen F., Song A. 2022. The Role of Transcription Factors in the Regulation of Plant Shoot Branching. Plants (Basel)., 31;11(15):1997.

Zhu H., Gilchrist L., Hayes P., Kleinhofs A., Kudrna D., Liu Z. et al. 1999. Does function follow form? Principal QTLs for Fusarium head blight (FHB) resistance are coincident with QTLs for inflorescence traits and plant height in a doubled-haploid population of barley. Theor Appl Genet., 99: 1221–1232.

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

5.1. Zakres tematyczny: Dynamika zmian na poziomie proteomu i metabolomu w tkankach jęczmienia poddanego stresowi suszy

(i) Chmielewska K., Rodziewicz P., Swarcewicz B., Sawikowska A., Krajewski P., Marczak Ł., Ciesiołka D., Kuczyńska A., Mikołajczak K., **Ogrodowicz P**., Krystkowiak K., Surma M., Adamski T., Bednarek P., Stobiecki M. (2016). Analysis of drought-induced proteomic and metabolomic changes in barley (Hordeum vulgare L.) leaves and roots unravels some aspects of biochemical mechanisms involved in drought tolerance. Frontiers in Plant Science 7:1108. doi: 10.3389/fpls.2016.01108.

(ii) Rodziewicz P., Chmielewska K., Sawikowska A., Marczak Ł, Łuczak M., Bednarek P., Mikołajczak K., **Ogrodowicz P**., Kuczyńska A., Krajewski P., Stobiecki M. (2019). Identification of drought responsive proteins and relateded proteomic QTLs in barley. Journal of Experimental Botany 70: 2823-2837. doi: 10.1093/jxb/erz075.

(iii) Piasecka A., Sawikowska A., Kuczyńska A., **Ogrodowicz P**., Mikołajczak K., Krajewski P., Kachlicki P. (2020). Phenolic Metabolites from Barley in Contribution to Phenome in soil Moisture Deficit. International Journal of Molecular Sciences. 21, 6032. doi: 10.3390/ijms21176032.

W ramach współpracy z naukowcami pracującymi w Instytucie Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk uczestniczyłem w cyklu badań dotyczących monitorowania zmian na poziomie proteomu i metabolomu w tkankach roślin poddanych stresowi suszy. Analizy dotyczyły zarówno tkanki pobranej z liścia jak i korzenia, co pozwoliło na obserwację zmian specyficznych dla danego typu tkanki (i). Co więcej, udało nam się zidentyfikować protemomiczne QTLs posiadające potencjalną wartość w programach hodowlanych wspomaganych za pomocą markerów molekularnych MAS (ang. Marker Assisted Selection) (ii). Z kolei przeprowadzona analiza dynamiki zmian komponentów fenolowych oznaczonych w tkankach jęczmienia jarego poddanego stresowi niedoboru wody, wykazała korelacje tychże substancji z fenotypem (iii). Wyniki prezentowanych prac podkreślają znaczenie zmian na

poziomie metabolomu i proteomu, które zachodzą w różnych tkankach roślin narażonych na niekorzystne warunki środowiskowe.

5.2. Zakres tematyczny: Rola lipidów w reakcji jęczmienia jarego na stres suszy i wysokiej temperatury

(i) 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, 215–24. doi: 10.1016/j.plaphy.2019.05.033.

We współpracy z badaczami z dwóch włoskich uniwersytetów (University of Turin, University of Bologna) wykazaliśmy, iż profil lipidowy jęczmienia jarego poddanego stresowi suszy, jak również innym stresom abiotycznym (wysoka temperatura, zasolenie), podlega dynamicznym zmianom. W naszych badaniach tło genetyczne istotnie wpłynęło na skład lipidów. Analiza interakcji genotyp × traktowanie wykazała zaś, że skład lipidów i steroli zależał zarówno od genotypu, jak i środowiska. Nasze wyniki sugerują, że wrodzona tolerancja na stres u jęczmienia przejawia się zwiększoną akumulacją dużej liczby różnych lipidów, głównie steroli, zwłaszcza w przypadku stresu związanego z wysoką temperaturą oraz suszą.

5.3. Zakres tematyczny: Profilowanie transkryptomu w warunkach stresu wysokiej temperatury oraz suszy

(i) Piasecka A., Sawikowska A., Kuczyńska A., **Ogrodowicz P**., Mikołajczak K., Krystkowiak K., Gudyś K., Guzy-Wróbelska J., Krajewski P., Kachlicki P. (2017). Drought related secondary metabolites of barley (Hordeum vulgare L.) leaves and their mQTLs. The Plant Journal. 89 (5): 898-913. doi: 10.1111/tpj.13430.

(ii) 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. Feb;58(1):23-35. doi: 10.1007/s13353-016-0358-1.

(iii) Gudys K., Guzy-Wrobelska J., Janiak A., Dziurka M.A., Ostrowska A., Hura K., Jurczyk B., Żmuda K., Grzybkowska D., Śróbka J., Urban W., Biesaga-Koscielniak J., Filek M., Koscielniak J., Mikołajczak K., **Ogrodowicz P**., Krystkowiak K., Kuczyńska A., Krajewski P. and Szarejko I. (2018). Prioritization of candidate genes in QTL regions for physiological and biochemical traits underlying drought response in barley (Hordeum vulgare L.). Frontiers in Plant Science. 9:769. doi: 10.3389/fpls.2018.00769.

(iv) Janiak A., Kwasniewski M., Sowa M., Kuczyńska A., Mikołajczak K., **Ogrodowicz P.**, Szarejko I. (2019). Insights into Barley Root Transcriptome under Mild Drought Stress with an Emphasis on Gene

Expression Regulatory Mechanisms. International Journal of Molecular Sciences. Dec 5;20(24):6139. doi: 10.3390/ijms20246139.
(v) 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 (202. doi: 10.1186/s12864-022-08410-1.

We współpracy z badaczami z Uniwersytetu Śląskiego przeprowadziliśmy szereg badań dotyczących zarówno mapowania loci cech ilościowych, jak i analizy profilu transkrypcyjnego wybranych genotypów jęczmienia jarego poddanego różnym stresom abiotycznym. Udało nam się zidentyfikować zarówno QTLs związanych z metabolomem w warunkach suszy (i), zidentyfikować QTLs związane z wysokością roślin (ii) jak i wykryć QTLs dla wielu cech fizjologicznych i biochemicznych, a także zaproponować potencjalne geny kandydackie dla tych regionów (iii). Profilowanie ekspresji tkanki korzennej dwóch kontrastujących pod względem odporności na suszę genotypów jęczmienia, pozwoliło nam zidentyfikować 88 genów zaangażowanych w regulację ekspresji w wyżej wspomnianej tkance w warunkach umiarkowanego stresu suszy (iv). Natomiast w kolejnej pracy (v) zaprezentowaliśmy obszerną analizę transkryptomu dwóch mutantów jęczmiennych (*gibberellin-deficient barley sdw1.a -BW827* oraz *sdw1.d - BW828*) wystawionych na działanie wysokiej temperatury.

5.4 Zakres tematyczny: Fenotypowanie i genotypowanie kolekcji odmian jęczmienia jarego
(i) Surma M., Kuczyńska A., Mikołajczak K., **Ogrodowicz P**., Adamski T., Ćwiek-Kupczyńska H., Sawikowska A., Pecio A., Wach D., Józefaciuk G., Łukowska M., Zych J., Krajewski P. (2018). Barley varieties in semi-controlled and natural conditions—response to water shortage and changing environment. Journal of Agronomy and Crop Sciences 205: 295-308.

Współpraca z Instytutem Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa PIB w Puławach oraz Centralnym Ośrodkiem Badania Odmian Roślin Uprawnych w Poznaniu pozwoliła na opracowanie dokładnej charakterystyki plonotwórczej 60 odmian jęczmienia jarego poddanego stresowi suszy oraz uprawianego w optymalnych warunkach wilgotnościowych. Dodatkowo, analiza cech fizykochemicznych wykazała istnienie korelacji pomiędzy cechami tego typu, a licznymi cechami agronomicznymi.

5.5. Zakres tematyczny: Ultrastrukturalne zmiany w anatomii liści jęczmion poddanych stresowi suszy
(i) Wyka T.P., Bagniewska-Zadworna A., Kuczyńska A., Mikołajczak K., **Ogrodowicz P**., Żytkowiak M., Surma M., Adamski T. (2019). Drought-induced anatomical modifications of barley (*Hordeum*

vulgare l.) leaves: An allometric perspective. Environmental and Experimental Botany. 166, 103798. doi: 10.1016/j.envexpbot.2019.103798

We współpracy z badaczami z Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu przeanalizowaliśmy szereg cech anatomicznych liści jęczmienia jarego poddanego warunkom niedoboru wody. Stres suszy powodował w tym przypadku redukcję większości badanych cech. Stwierdziliśmy jednak również wyjątki – susza powodowała, iż ilość trichomów oraz aparatów szparkowych wzrastała w liściach roślin poddanych stresowi abiotycznemu. Wyniki przeprowadzonych badań wskazują na wystąpienie elementów kseromorfizmu u genotypów jęczmienia narażonych na działanie niekorzystnych warunków wilgotnościowych.

5.6. Zakres tematyczny: Wysoko-przepustowe fenotypowanie roślinny poddanych stresowi suszy
(i) Mikołajczak K*, **Ogrodowicz P***, Ćwiek-Kupczyńska H*, Weigelt-Fischer K, Mothukuri SR, Junker A, Altmann J, Krystkowiak K, Adamski T, Surma M, Kuczyńska A and 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.
* jednakowy wkład autorów w przygotowaniu publikacji

We współpracy z naukowcami z The Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) w Gatersleben zastosowaliśmy wysokoprzepustowe fenotypowanie populacji mapującej jęczmienia jarego uzyskanej z krzyżówki pomiędzy linią syryjską oraz odmianą europejską (Niemcy). Celem badań była ocena dynamiki wzrostu i rozwoju roślin poddanych stresowi niedoboru wody. Dzięki takiemu podejściu udało nam się wskazać na cechy morfologiczne, które były znacząco skorelowane z efektem traktowania suszowego na cechy plonotwórcze związane z kłosem i masą tysiąca ziaren.

5.7. **Zakres tematyczny:** Charakterystyka kolekcji pszenic ozimych pod względem odporności na FHB
Surma M., Adamski T., Wiśniewska H., Kaczmarek Z., Mejza I., Mejza S.F., Kuczyńska A., Krystkowiak K., Mikołajczak K., **Ogrodowicz P**. (2016). Uni- and multivariate approaches to evaluating the susceptibility of wheat hybrids to Fusarium head blight. Czech Journal of Genetics and Plant Breeding . 52 (4): 132-8. doi: 10.17221/86/2016-CJGPB

We współpracy z badaczami z Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu udało nam się określić zmienność w odpornością na fuzariozę kłosów w kolekcji pszenic uzyskanych z krzyżowania pomiędzy ozimymi odmianami oraz odmianami o zróżnicowanej odporności na infekcję.

5.8. Zakres tematyczny: Charakterystyka kolekcji pszenic jarych pod względem odporności na FHB

Wiśniewska H., Surma M., Krystkowiak K., Adamski T., Kuczyńska A., **Ogrodowicz P**., Mikołajczak K., Belter J., Majka M., Kaczmarek Z., Krajewski P., Sawikowska A., Lenc L., Baturo-Cieśniewska A., Łukanowski A., Góral T., Sadowski Cz. (2016). Simultaneous selection for yield-related traits and susceptibility to Fusarium head blight in spring wheat RIL population. Breeding Science. 66: 1-12. doi: 10.1270/jsbbs.66.1.

Razem z naukowcami z Politechniki Bydgoskiej oraz badaczami z Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin BIP oceniliśmy zróżnicowanie na porażenie grzybami z rodzaju *Fusarium* w obrębie genotypów pszenicy jarej uzyskanej z krzyżówki pomiędzy odmianami Zebra i Saar za pomocą markerów molekularnych.

5.9. Pozostała działalność związana z współpracą z innymi ośrodkami.

5.9.1. Pozostałe publikacje, rozdziały książki i opracowania zrealizowane w ramach działalności zespołu oraz we współpracy z innymi ośrodkami.

(1) Surma M., Adamski T., Kuczyńska A., Krystkowiak K., Trzeciak R., Mikołajczak K., **Ogrodowicz P**. (2011). Zmodyfikowana technika pojedynczego ziarna w hodowli jęczmienia ozimego. Biuletyn IHAR 262: 59-66.

(2) Surma M., Adamski T., Krystkowiak K., Kuczyńska A., Mikołajczak K., **Ogrodowicz P**. (2012). Markery funkcjonalne dla cech ilościowych. Biuletyn IHAR 264: 5-14.

(3) Surma M., Adamski T., Święcicki W., Barzyk P., Kaczmarek Z., Kuczyńska A., Krystkowiak K., Mikołajczak K., **Ogrodowicz P**. (2013). Preliminary results of in vitro culture of pea and lupin embryos for the reduction of generation cycles in single seed descent technique. Acta Societatis Botanicorum Poloniae, 82: 231-236, doi: 10.5586/asbp.2013.021.

(4) Kuczyńska A, Surma M, Adamski T, Mikołajczak K, Krystkowiak K, **Ogrodowicz P**. (2013). Effects of the semi-dwarfing sdw1/denso gene in barley. Journal of Applied Genetics. Nov;54(4):381-90. doi: 10.1007/s13353-013-0165-x.

(5) Adamski T., Surma M., Kuczyńska A., Mikołajczak K., Ponitka A., Krystkowiak K., **Ogrodowicz P**., Ślusarkiewicz-Jarzina A. (2014). Segregation distortion in homozygous lines obtained via anther culture and maize doubled haploid methods in comparison to single seed descent in wheat (Triticum aestivum L.). Electronic Journal of Biotechnology, 17(1), pp. 6–13. doi: 10.1016/j.ejbt.2013.12.002.

(6) Mikołajczak K., **Ogrodowicz P**., Surma M., Adamski T., Kuczyńska A. (2016). Introgression of LTP2 gene through marker assisted backcross in barley (Hordeum vulgare L.). Electronic Journal of Biotechnology, 24, pp. 9–11. doi: 10.1016/j.ejbt.2016.09.003.

(7) Surma M., Adamski T., Kaczmarek Z., Święcicki W., Mejza S., Barzyk P., Kuczyńska A., Krystkowiak K., Mikołajaczak K., **Ogrodowicz P**. (2017). A multivariate approach to the selection of pea (Pisum sativum L.) lines obtained by the single seed descent technique. Genetika, 2017, 49(1), pp. 365–376. doi: 10.2298/GENSR1701365S.

(8) Jasińska D., Kuczyńska A., Mikolajczak K., **Ogrodowicz P**., Ćwiek H., Anioła M., Rubrycki K., Mazur R., Kempa M., Surma M., Adamski T., Wiśniewska H. (2017). Zróżnicowanie reakcji linii SSD jęczmienia jarego na infekcję grzybami z rodzaju Fusarium. Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, nr 282.

(9) **Ogrodowicz P**., Surma M., Adamski T., Kaczmarek Z., Święcicki W.K., Stopyra P., Kuczyńska A., Krystkowiak K., Mikołajczak K. (2018). Effects of Temperature on Growth During in vitro Embryo Culture of Field Bean (Vicia faba var. minor L.). In: Brazauskas, G., Statkevičiūtė, G., Jonavičienė, K. (eds) Breeding Grasses and Protein Crops in the Era of Genomics. Springer, Cham. doi: 10.1007/978-3-319-89578-9_9.

(10) **Ogrodowicz P**., Mikołajczak K., Kuczyńska A., Kaczmarek Z., Ćwiek-Kupczyńska H., Surma M., Adamski T., Święcicki W. K., Barzyk P., Trzeciak R., Kempa M. (2021). In vitro culture of white lupin embryos as a stage for SSD technique. Polish Journal of Agronomy, 44, 9-14. doi: 10.26114/pja.iung.432.2021.44.02.

5.9.2. Staże naukowe

(i) The Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) Gatersleben, Corrensstrasse 3, Stadt Seeland, Germany (04-08-21.11.2014) – staż badawczy, współpraca z grupą Heterosis (Ab. Molekulare Genetik) w ramach projektu "Developmental aspects of barley drought tolerance" (European Plant Phenotyping Network, EPPN).

(ii) INRA, Dijon, Francja, Christophe Salon. Cel: Doświadczenie pilotażowe projektu dotyczącego obrazowania korzeni jęczmienia jarego w warunkach kontrolnych oraz w warunkach deficytu wody na platformie do fenotypowania roślin, 29.09–06.10. 2018 r. - staż badawczy.

(iii) The National Plant Phenomics Center (NPPC), Institute of Biological, Environmental and Rural Sciences at Aberystwyth University, Wielka Brytania, John Doonan. Cel: Doświadczenie pilotażowe oraz główne projektu dotyczącego obrazowania korzeni jęczmienia jarego w warunkach kontrolnych oraz w warunkach deficytu wody na platformie do fenotypowania roślin, 01.04. – 15.07. 2019 r. - staż badawczy.

5.9.3. Kierowanie projektami realizowanymi we współpracy z badaczami z innych ośrodków

(i) NCN; SONATA 12: „Czynnik transkrypcyjny HvGAMYB w regulacji kwitnienia i jego związku z odpowiedzią fotoperiodyczną w warunkach stresu suszy u jęczmienia jarego (Hordeum vulgare L.)", nr 2016/23/D/NZ9/00042, 10 sierpnia 2017 r. – 09 sierpnia 2020 r., Kierownik projektu: **P. Ogrodowicz**. Współpraca: dr Maria Katarzyna Wojciechowicz (Zakład Botaniki Ogólnej, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu).

(ii) European Plant Phenotyping Network 2020, 3 rd Call; Horizon 2020 research and innovation programme under grant agreement No 731013; The architecture and development of the roots system in barley plants grown under drought conditions in relation to flowering acceleration; ID 206;

2018.09.06; 2021.04.30; (koszty rozliczane przez partnera zagranicznego). Kierownik projektu: **P. Ogrodowicz**. Współpraca: prof. J. Doonan, dr F. Corke, dr Kevin Williams (The National Plant Phenomics Center, Institute of Biological, Environmental and Rural Sciences at Aberystwyth University, UK).

(iii) NCN; OPUS 21: „Dynamiczne zmiany fenologiczne w strukturach epidermy jęczmienia jarego (Hordeum vulgare L.) w odpowiedzi na kombinację stresów biotycznego i abiotycznego". 2021/41/B/NZ9/02373; 2022-01-21 - 2026-01-20. Kierownik projektu: **P. Ogrodowicz.** Współpraca: dr Maria Katarzyna Wojciechowicz (Zakład Botaniki Ogólnej, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu), prof. dr hab. Hazem Kalaji, dr hab. Piotr Dąbrowski (Katedra Fizjologii Roślin, SGGW w Warszawie), mgr Magdalena Gawlak (Centrum Badań Organizmów Kwarantannowych, Inwazyjnych i Genetycznie Zmodyfikowanych, IOR PIB), prof. J. Doonan, dr F. Corke, dr Kevin Williams (The National Plant Phenomics Center, Institute of Biological, Environmental and Rural Sciences at Aberystwyth University, UK).

5.9.4. Udział w projektach realizowanych we współpracy z badaczami z innych ośrodków

(1) Projekt POLAPGEN-BD „Narzędzia biotechnologiczne służące do otrzymywania odmian zbóż o zwiększonej odporności na suszę". Program Operacyjny Innowacyjna Gospodarka 2007-2013, Priorytet 1., Działanie 1.3., Poddziałanie 1.3.1. Nr projektu:UDA.POIG.01.03.01-00-101/08-00. Współpraca z Uniwersytetem Przyrodniczym w Poznaniu, Uniwersytetem Śląskim, Instytutem Fizjologii Roślin PAN w Krakowie, Uniwersytetem Rolniczym w Krakowie, Instytutem Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu, Instytut Agrofizyki PAN w Lublinie, IUNG PIB w Puławach, UAM w Poznaniu.

(2) NCN; OPUS 9„Wpływ stresów abiotycznych na poziom ekspresji genu LTP2 w odniesieniu do lipidomu i fenomu u jęczmienia (Hordeum vulgare L.)", nr 2015/17/B/NZ9/01481, 1 stycznia 2016 – 31 grudnia 2018, Współpraca z University of Turin, University of Bologna (Włochy).

(3) NCBR; BIOTRIGEN „Opracowanie i wdrożenie modelu przyspieszania hodowli pszenicy (Triticum aestivum L.) z wykorzystaniem metod biotechnologicznych", zad. 2. „Wykorzystanie metod biotechnologicznych do selekcji pszenicy o podwyższonej odporności na fuzariozę kłosów powodowaną przez grzyby z rodzaju Fusarium.", nr PBS2/B8/0/2013, 1 października 2013 – 30 marca 2016. Współpraca z Uniwersytetem Przyrodniczym w Poznaniu, Danko Sp. Z o.o., Małopolska Hodowla Roślin).

(4) Rządowy Program Wieloletni: „Zwiększenie wykorzystania krajowego białka paszowego dla produkcji wysokiej jakości produktów zwierzęcych w warunkach zrównoważonego rozwoju", uchwała RM nr 222/2015 z dnia 15.12.2015 r, 2016-2020, obszar badawczy 2 „Nowe metody i techniki dla ulepszenia wartości odmian roślin strączkowych". Zadanie nr 2.3 „Zastosowanie metod biotechnologicznych dla zwiększenia i przyspieszenia postępu biologicznego w hodowli roślin

strączkowych", 1 stycznia 2016 – 31 grudnia 2020, Współpraca z Instytutem Hodowli i Aklimatyzacji Roślin oraz Poznańską Hodowlą Roślin.

(5) MRiRW; „Efekty plejotropowe genów Ppd-H1 i Ppd-H2 a podatność roślin jęczmienia jarego na fuzariozę kłosów i akumulację mikotoksyn", 1 stycznia 2016 – 31 grudnia 2016, Współpraca z Poznańską Hodowlą Roślin.

(6) MRiRW; „Badania nad wpływem translokacji 1B/1R na efektywność uzyskiwania linii DH pszenicy oraz ich wartość technologiczną", 1 stycznia 2016 – 31 grudnia 2016, Współpraca z Małopolska Hodowla Roślin. Sp. z o.o

(7) NCN; OPUS 12: „Wyjaśnianie współdziałania hormonów i jego roli w kształtowaniu architektury roślin jęczmienia (Hordeum vulgare L.)", nr 2016/23/B/NZ9/03548, 06 września 2017 r. – 05 września 2020 r., Współpraca z Uniwersytetem Śląskim.

(8) NCN; OPUS 18; Melatonina jako nadrzędny czynnik w kształtowaniu architektury korzenia i adaptacji do suszy przez regulację współdziałania fitohormonów u jęczmienia (Hordeum vulgare L.); 2019/35/B/NZ9/00208; 2020- 07-27; 2023-07-26; Współpraca z Institute For Plant Molecular and Cell Biology, Polytechnic University of Valencia, Hiszpania.

(8) MRiRW; Wpływ stresu niedoboru wody na rozwój i architekturę systemu korzeniowego u jęczmienia (Hordeum vulgare L.); HOR hn-801-8/14 zad. 106; 2018- 01-01; 2020-12-31; Współpraca z The National Plant Phenomics Center (NPPC), Institute of Biological, Environmental and Rural Sciences at Aberystwyth University, UK.

(9) MRiRW; Badania asocjacyjne oraz molekularne uwarunkowania odporności jęczmienia jarego na stresy środowiskowe; Zad. 14; 2021-2025; 279 600 (rok 2021) Współpraca z ALSIA Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy.

(10) European Plant Phenotyping Network 2020, 5 th Call; Horizon 2020 research and innovation programme under grant agreement No 731013; High-throughput phenotyping of barley varieties response to drought for understanding crops adaptation to arid climate; ID 426; 2020.03.12; 2021.10.31; ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto, Włochy), A. Petrozza (ALSIA Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto, Włochy.

(11) European Plant Phenotyping Network 2020, 2 nd Call; Horizon 2020 research and innovation programme under grant agreement No 731013; Drought effects on roots developmental aspects in spring barley population differentiated in the sdw1/denso locus; ID 154; 2018.09.06; 2020.01.21 ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto, Włochy), A. Petrozza (ALSIA Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto, Włochy.

5.9.5. Udział w konsorcjach

(i) Konsorcjum BIOTRIGEN powołane w celu opracowania i wdrożenia modelu przyspieszania hodowli pszenicy (Triticum aestivum L.) z wykorzystaniem metod biotechnologicznych. W skład

konsorcjum wchodzą: Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Danko, Hodowla Roślin Sp. z o.o., Hodowla Roślin Rolniczych „Nasiona Kobierzyc" Sp. z o.o. oraz IGR PAN.
(ii) Konsorcjum w ramach projektu NCN OPUS 12 „Wyjaśnianie współdziałania hormonów i jego roli w kształtowaniu architektury roślin jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.)", nr 2016/23/B/NZ9/03548; Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu, Uniwersytet Śląski w Katowicach.

5.9.6. Opracowania i instrukcję wdrożeniowe powstałe we współpracy z badaczami z innych ośrodków

(i) Opracowanie "Instrukcji otrzymywania linii DH i SSD jęczmienia jarego" w ramach projekt MR 41 pt. „Optymalizacja procesu homozygotyzacji mieszańców jęczmienia jarego w aspekcie skracania cyklu hodowlanego" przez zespół z Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach (Szarejko I., Chmielewska B., Gajecka M., Jelonek J., Sławińska-Zydroń G., Siwińska D.) oraz Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu (Surma M., Adamski T., Kuczyńska A., Krystkowiak K., Trzeciak R., Mikołajczak K., **Ogrodowicz P**.) (Poznań 2013).
(ii) Instrukcja wdrożeniowa „Metody biotechnologiczne w hodowli pszenicy – wybrane zagadnienia" opracowana w ramach realizacji projektu BIOTRIGEN. Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu (Surma M., Adamski T., Kuczyńska A., Krystkowiak K., Trzeciak R., Mikołajczak K., **Ogrodowicz P**., Wiśniewska H., Kwiatek M.) oraz Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu (Tomkowiak A., Nawracała J., Mikołajczyk S., Weigt D.).
(iii) Instrukcja wdrożeniowa „Metody biotechnologiczne otrzymywania form homozygotycznych i mieszańcowych roślin strączkowych" Surma M., Adamski T., Kuczyńska A., Mikołajczak K., **Ogrodowicz P**., Pudelska H., Wojciechowicz K., Trzeciak R., Anioła A., Holewińska R. Opracowanie wykonane na podstawie wyników doświadczeń przeprowadzonych w ramach realizacji 13 zadania 2.3 Programu Wieloletniego na lata 2016-2020: „Zwiększenie wykorzystania krajowego białka paszowego dla produkcji wysokiej jakości produktów zwierzęcych w warunkach zrównoważonego rozwoju" obowiązującego w latach 2016-2020 ustanowionego na podstawie uchwały nr 222/2015 Rady Ministrów z dnia 15 grudnia 2015 r. Poznań 2020.
(iv) **Ogrodowicz P**., Mikołajczak K., Kuczyńska A., Krystkowiak K, Surma M., Adamski T. (2014). „Methodology of system approach to study drought tolerance in barley: Plant materials and analysed traits in the greenhouse and field experiments" Dissertations and Monographs IPG PAS.

5.9.7. Udział w międzynarodowych i krajowych warsztatach

(1) I Warsztaty Projektu POLAPGEN-BD „Narzędzia biotechnologiczne służące do otrzymywania zbóż o zwiększonej odporności na suszę", Poznań, 5-6.01.2010.
(2) II Warsztaty Projektu POLAPGEN-BD „Narzędzia biotechnologiczne służące do otrzymywania zbóż o zwiększonej odporności na suszę", - wygłoszony wykład „Patenty w dziedzinie genomiki i hodowli roślin", Poznań, 11-12.01.2011.

(3) Wageningen, Netherlands – workshops LemnaTec (PhenoDays 2012, 10 – 12 October 2012).
(4) Scientific Workshop "High-throughput measurement protocols in plant physiology", POLAPGEN, Institute of Plant Genetics PAS, Poznań 11.12.2012.
(5) III Warsztaty Projektu POLAPGEN-BD „Narzędzia biotechnologiczne służące do otrzymywania zbóż o zwiększonej odporności na suszę", Puławy, 10-11.05.2012.
(6) IV Warsztaty Projektu POLAPGEN-BD „Narzędzia biotechnologiczne służące do otrzymywania zbóż o zwiększonej odporności na suszę", Kraków, 25-26.03.2013.
(7) Scientific Workshop transPLANT „Plant genomics resources and phenotypic data standardization" Poznań, 27-28.06.2013.

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

6.1. Wygłoszone seminaria, ustne doniesienia konferencyjne

(i) **Ogrodowicz P**., Kuczyńska A., Krystkowiak K., Mikołajczak K., Surma M., Adamski T., Krajewski P., Kaczmarek Z. i Konsorcjum POLAPGEN „Fenotypowanie i genotypowanie linii RIL jęczmienia jarego w badaniach odporności na suszą" Nauka dla Hodowli i Nasiennictwa Roślin Uprawnych, Zakopane, 4-8. luty 2013.
(ii) **Ogrodowicz P**., Kuczyńska A., Krystkowiak K., Mikołajczak K., Surma M., Adamski T., Krajewski P., Kaczmarek Z. i Konsorcjum POLAPGEN „Fenotypowanie i genotypowanie linii RIL jęczmienia jarego w badaniach odporności na suszą" Nauka dla Hodowli i Nasiennictwa Roślin Uprawnych, Zakopane, 4-8. luty 2013.
(iii) **Ogrodowicz P**., Kuczyńska A., Krystkowiak K., T Adamski T., Krajewski P., Surma M., Mikołajczak K., Sawikowska A., Gudyś K., Guzy-Wróblewska J., Szarejko I. : "Identification of QTL associated with yield and earliness in barley RIL lines derived from hybrids between European and Syrian varieties differentiated in tolerance to water deficiency" III National Conference, Genetics and Genomics in Improving Plants - from Model Plant to New Variety, 5-7 November 2014, Poznań.
(iv) **Ogrodowicz P**., Surma M., Adamski T., Kaczmarek Z., Święcicki W. K., Stopyra P., Kuczyńska A., Krystkowiak K., Mikołajczak K. Effects of temperature on growth during in vitro embryo culture of field bean (Vicia faba var. minor L.), EUCARPIA Meeting "Breeding Grasses and Protein crops in the Era of Genomics", Wilno, Litwa, 11 – 14 września 2017.

6.2. Udział w konferencjach i warsztatach międzynarodowych i krajowych

(1) PhenoDays 2011, Wageningen, Holandia, 12-14 października 2011.
(2) EPPN Plant Phenotyping Symposium, Barcelona, Hiszpania, 11-12 listopada 2015.
(3) XXth EUCARPIA General Congress "Plant breeding: the art of bringing science to life". Zurich, Szwajcaria, 29 sierpnia - 1 września 2016.
(4) Central European Congress of Life Sciences EUROBIOTECH, Kraków, 11 – 14 września 2017.
(5) XI Sympozjum Genetyka Ilościowa Roślin Uprawnych, Świeradów Zdrój, 3 – 6 czerwca 2017.

(6) EMPHASIS, EPPN2020, ECOLCHANGE, Tartu, Estonia, 22 – 24 listopada 2017.
(7) EUCARPIA Meeting "Breeding Grasses and Protein crops in the Era of Genomics", Wilno, Litwa, 11 – 14 września 2017.
(8) XV Ogólnopolska Konferencja Kultur In Vitro i Biotechnologii Roślin., Rogów, Polska. 17–20 września 2018.
(9) 9 th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology, 9-12 września 2019, Toruń, Polska European Conference on Crop Diversification 2019", Budapeszt, Węgry, 18-21 września 2019.
(10) IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany", 5-7 listopada 2019, Poznań, Polska.
(11) VI Polski Kongres Genetyki, 27-30.06.2022, Uniwersytet Jagielloński, Kraków, Polska.
(12) PAS/CNR Horizon Europe Networking Event (online); prezentacja Zakładu Fenomiki Zbóż w kontekście potencjalnej współpracy z włoskimi badaczami związanymi z CNR jako podstawa budowy konsorcjów naukowych, które mogłyby się ubiegać o finansowanie w konkursach programu ramowego Horyzont Europa, 17 listopada 2022

6.2. Osiągniecia dydaktyczne

6.2.1. Wygłoszone seminaria i wykłady.

(i) „Noc Biologów" – ogólnopolskie warsztaty dla młodzieży gimnazjalnej i licealnej, Poznań, 15 stycznia 2016
(ii) Warsztaty dla studentów kierunku Biologia roślin użytkowych, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, 9 i 10 maja 2016
(iii) „Fenotypowanie roślin", Wydział Biologii, Uniwersytet im Adama Mickiewicza, 3 czerwca 2020, warsztaty dla studentów kierunku Biologia roślin użytkowych
(iv) „Wczesność jako efektywny mechanizm tolerancji jęczmienia jarego na suszę" - Szkolenie dla studentów Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu z Wydziału Biologii, 14 czerwca 2023

6.2.2. Opieka merytoryczna nad stażystami

(i) Mateusz Oszust, Program stażowy dla studentów Uniwersytetu im. A. Mickiewicza w Poznaniu, 2 lipca – 15 września 2019, opiekun: **P. Ogrodowicz**
(ii) Przymuszała Marta, Program stażowy dla studentów Uniwersytetu im. A. Mickiewicza w Poznaniu, 02.07–15.09.2018 r., opiekun: **P. Ogrodowicz**
(iii) Grzelak Natalia, Program stażowy dla studentów Uniwersytetu im. A. Mickiewicza w Poznaniu, 02.07–15.09.2018 r., opiekun: **P. Ogrodowicz**
(iv) Sylwia Łyżwińska, staż naukowy, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, 01.08.-30.09.2020, opiekun: **P. Ogrodowicz**
(v) Bartłomiej Szeptycki, staż naukowy, UAM w Poznaniu, 11.10.2021-10.05.2022 r., opiekun: **P. Ogrodowicz.**

6.3. Doniesienia konferencyjne

Nazwa konferencji oraz termin	Liczba posterów
Nauka dla Hodowli i Nasiennictwa Roślin Uprawnych, Zakopane, 7-11. luty 2011r.	1
XIII Ogólnopolska Konferencja Kultur In Vitro i Biotechnologii Roślin, Rogów, 24 – 27 września 2012.	1
EUCARPIA 19th General Congress "Plant Breeding for Future Generations", 21-24.05. 2012, Budapeszt, Węgry	2
29th LC/MS Montreux Symposium, 7-9 November 2012, Montreux, Szwajcaria	1
XIII Ogólnopolska Konferencja Kultur In Vitro i Biotechnologii Roślin, Rogów, 24 – 27 września 2012	1
PhenoDays 2012, 10 – 12 October 2012, Wageningen, Netherlands.	1
XV-th Meeting of the EUCARPIA Section - Biometrics in Plant Breeding, 5-7 September 2012, Hohenheim, Niemcy	1
IV Polski Kongres Genetyki, 10-13 września 2013, Poznań	2
InterDrought-IV 2-7.09.2013 r., Perth, Australia.	1
European Plant Genetic Resources Conference, 10 -13 June 2013, Alnarp, Sweden	1
Nauka dla Hodowli i Nasiennictwa Roślin Uprawnych, Zakopane, 4-8. luty 2013r.	1
EUROBIOTECH, Kraków, 11 – 14 września 2017	1
XI Sympozjum Genetyka Ilościowa Roślin Uprawnych, Świeradów Zdrój, 3 – 6 czerwca 2017	3
EMPHASIS, EPPN2020, ECOLCHANGE, Tartu, Estonia, 22 – 24 listopada 2017	1
XV Ogólnopolska Konferencja Kultur In Vitro i Biotechnologii Roślin., Rogów, Polska. 17–20 września 2018	1
XV Overall Polish in vitro and Plant Biotechnology Conference, 17–20 September 2018, Rogów; BioTechnologia 2018	2
Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology. 9-12 września 2019	1
European Conference on Crop Diversification 2019", Budapeszt, Węgry, 18-21 września 2019	1
VI Polski Kongres Genetyki, Kraków, 27-30.06.2022	3

6.4. Osiągnięcia organizacyjne

Członek komitetu organizacyjnego: IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany", 5-7 listopada 2019, Poznań

6.5. Uzyskane nagrody

(i) Wyróżnienie pracy doktorskiej 2015

(ii) Nagroda indywidualna Dyrektora IGR PAN za osiągnięcia publikacyjne w roku 2013

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

7.1. Recenzowanie prac naukowych

MDPI – IJMS (3); Agriculture (1); Plants (6); Genes (2); Cells (1); Sustainability (1)

Frontiers in Plant Science (1)

BMC – BMC Plant Biology (1)

7.2. Współpraca z podmiotami

Poznańska Hodowla Roślin Spółka z o.o. – współpraca w ramach umowy nr 5/POIR/2018/USZCZEGÓŁOWIENIE/2019 na wykonanie prac B+R w ramach Poddziałania 1.1.1 „Badania przemysłowe i prace rozwojowe realizowane przez przedsiębiorstwa" Programu Operacyjnego Inteligentny Rozwój, konkurs Narodowego Centrum Badań i Rozwoju nr 2/1.1.1/2018 „Szybka ścieżka" duże przedsiębiorstwa i konsorcja przedsiębiorstw „Nowe kierunki i technologie w hodowli zbóż i roślin strączkowych grubonasiennych dla zrównoważonego rolnictwa" nr POIR.01.01.01-00- 0449/18-00, 04.04.2019-31.12.2023; A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, **P. Ogrodowicz**, S. Franaszek, M. Kempa, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak; prace badawcze dotyczące selekcji genotypów o korzystnych cechach jakościowych na podstawie analiz pełnej technologii pszenicy oraz jęczmienia, a także analizy molekularne związane z ekspresją 116 genów warunkujących tolerancję zbóż na niedobór wody na materiale roślinnym przekazanym przez firmę hodowlaną

Signed by /
Podpisano przez:

Piotr Paweł
Ogrodowicz

Date / Data:
2023-09-11 10:08

……..……..…….
(podpis wnioskodawcy)