

Załącznik nr 2

Autoreferat

Dr inż. Sylwia Okoń

Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

Wydział Agrobiotechnologii

Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin

Lublin 2018

1. Imię i Nazwisko: Sylwia Magdalena Okoń (z d Wacko)

2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe z podaniem nazwy, miejsca i roku uzyskania oraz tytułu
 - a) Doktor nauk rolniczych, dyscyplina - agronomia, specjalność: biotechnologia i genetyka roślin (06.2011); Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie. Tytuł rozprawy: „Identyfikacja markerów SCAR sprzężonych niektórymi genami odporności na mączniaka prawdziwego w owsie zwyczajnym (*Avena sativa* L.)”. Promotor: Prof. dr hab. Krzysztof Kowalczyk

 - b) Magister inżynier biotechnologii (06.2006), Wydział: Nauk o Żywności i Biotechnologii, Akademia Rolnicza w Lublinie. Tytuł pracy magisterskiej: „Wykorzystanie markerów RAPD i ISSR do oceny zróżnicowania genetycznego *Avena sterilis* L.”. Promotor: dr Edyta Paczos-Grzęda

3. Informacje o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych
 - **01.03.2012 – obecnie - adiunkt**, Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie,

 - **01.10.2006-28.02.2012 - pracownik inżynierjno-techniczny**, Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie,

4. Wskazanie osiągnięcia* wynikającego z art. 16 ust. 2 ustawy z dnia 14 marca 2003 r. o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz.U. Nr 65, poz 595 ze zm.):

a) Tytuł osiągnięcia naukowego

Cykl ośmiu publikacji pod wspólnym tytułem:

Analiza wirulencji *Blumeria graminis* f.sp. *avenae* w Polsce oraz wykorzystanie dzikich gatunków z rodzaju *Avena* do poprawy odporności na mączniaka prawdziwego w owsie zwyczajnym (*Avena sativa* L.).

b) Autor/autorzy publikacji, rok wydania, nazwa wydawnictwa

(podano IF i punkty MNiSW z roku opublikowania pracy, w przypadku prac opublikowanych w 2017 i 2018 roku podano IF i punkty MNiSW z roku 2016)

1. Okoń S., Ociepa T., Paczos-Grzęda E., Ladizinsky G. (2018) Evaluation of resistance to *Blumeria graminis* (DC.) f. sp. *avenae*, in *Avena murphyi* and *A. magna* genotypes. *Crop Protection*, 106: 177–181. **IF₂₀₁₆=1,834; MNiSW₂₀₁₆=30**
2. Okoń S., Ociepa T., Nucia A. (2018) Molecular identification of *Pm4* powdery mildew resistant gene in oat. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, DOI: 10.15835/nbha46210904. **IF₂₀₁₆=0,480; MNiSW₂₀₁₆=15**
3. Okoń S., Ociepa T. (2017) Virulence structure of the *Blumeria graminis* DC.f. sp. *avenae* populations occurring in Poland across 2010–2013. *European Journal of Plant Pathology*, 149(3): 711-718. **IF₂₀₁₆=1,478; MNiSW₂₀₁₆=30**
4. Okoń S., Paczos-Grzęda E., Ociepa T., Koroluk A., Sowa S., Kowalczyk K., Chrzęstek M. (2016) *Avena sterilis* L. Genotypes as a Potential Source of Resistance to Oat Powdery Mildew. *Plant Disease*, 100(10):2145-2151. **IF₂₀₁₆=3,173; MNiSW₂₀₁₆=35**
5. Okoń S., Ociepa T., Paczos-Grzęda E., Kowalczyk K. (2016) Analiza poziomu odporności polskich odmian owsa zwyczajnego (*Avena sativa* L.) na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* DC. f. sp. *avenae* Em. Marchal). *Annales UMCS*, 71(3):51-60. **MNiSW₂₀₁₆=9**

6. Okoń S. (2015) Effectiveness of resistant genes to powdery mildew in oat. *Crop Protection*, 74:48-50. **IF₂₀₁₅=1,652; MNiSW₂₀₁₅=30**
7. Okoń S., Chrzęstek M., Kowalczyk K., Koroluk A. (2014) Identification a new sources of resistance to powdery mildew in oat. *European Journal of Plant Pathology*, 139(1):9-12 1,610. **IF₂₀₁₄=1,490; MNiSW₂₀₁₄=30**
8. Okoń S. (2012) Identification of powdery mildew resistance genes in Polish common oat (*Avena sativa* L.) cultivars using host-pathogen tests. *Acta Agrobotanica*, 65(3):63-68. **MNiSW₂₀₁₂=7**

Kopie prac naukowych stanowiących główne osiągnięcie naukowe wraz z oświadczeniami współautorów określających ich indywidualny wkład w powstanie każdej publikacji, stanowią załączniki nr 5 oraz nr 6

- c) Omówienia celu naukowego ww. prac i osiągniętych wyników wraz z omówieniem ich ewentualnego wykorzystania

WSTĘP

Owies zwyczajny jest rośliną uprawianą na całym świecie. Największymi producentami owsa, według FAO są: Rosja, Kanada, Polska, Australia, Finlandia, USA, Hiszpania i Brazylia. (<http://www.fao.org>). Owies zwyczajny znajduje szerokie zastosowanie przede wszystkim jako pasza dla zwierząt, jednakże ze względu na wysoką wartość odżywczą wykorzystywany jest również w żywieniu ludzi, między innymi do produkcji płatków, kaszy czy otrąb (Bartnikowska i in. 2000; Maciejewicz-Ryś i Sokół 1999; Petkov i in. 1999). Oprócz szerokiego wykorzystania owsa w żywieniu, znalazł on również zastosowanie w przemyśle farmaceutycznym i kosmetycznym przy produkcji preparatów do pielęgnacji skóry, włosów i paznokci (Jasińska 1999). Do licznych zastosowań owsa zalicza się również możliwość jego wykorzystania do celów energetycznych (Janowicz 2006; Kwaśniewski 2010). Ponadto, owies zwyczajny zasługuje na uwagę, jako roślina fitosanitarna w

plodozmianach zbożowych. Wydziela bowiem specyficzne substancje organiczne o działaniu fungistycznym w stosunku do występujących w glebie patogenów (Pawłowska i in. 1999).

Owies zwyczajny jest zbożem wrażliwym na wiele chorób, które mogą w istotny sposób obniżać wysokość i jakość plonów. Jedną z najgroźniejszych chorób owsa jest mączniak prawdziwy powodowany przez grzyb pasożytniczy *Blumeria graminis* DC. f.sp. *avenae* Em. Marchal. Patogen ten występuje powszechnie w Europie i Ameryce Północnej (Schwarzbach i Smith 1988; Aung i in. 1977; Okoń i Ociepa 2017). Choroba ta występuje każdego roku przez co przyczynia się do znacznego ograniczenia wielkości i jakości otrzymanych plonów. Straty plonu ziarna owsa powodowane przez mączniaka prawdziwego wynoszą od 5 do 10% a w latach sprzyjających infekcji mogą sięgać nawet 40% (Clifford 1995; Hsam i in. 1997). Na rozwój grzyba duży wpływ wywierają warunki pogodowe. Większe nasilenie choroby zaobserwowano po łagodnych zimach i ciepłych wiosnach. Rozwojowi grzyba sprzyjają również wczesny siew i zbyt zwarty łan (Priestley i Bayles 1979). Wynikiem porażenia tym patogenem jest spadek efektywności fotosyntezy, spadek liczby i masy ziarniaków oraz obniżenie zawartości węglowodanów w ziarniakach (Roderick i Jones 1988; Roderick i in. 2000). Ważną cechą epidemiologiczną mączniaka prawdziwego jest zdolność do zakażenia roślin w szerokim zakresie temperatur i wilgotności. Duża zmienność genetyczna i zdolność do generowania nowych form poprzez mutacje i rekombinacje DNA powoduje, że grzyb ten bardzo szybko adaptuje się do nowych warunków (Bennet 1984; Bayles 1997).

Ograniczenie strat w produkcji zbóż powodowanych przez mączniaka prawdziwego można osiągnąć poprzez stosowanie odpowiednich zabiegów agrotechnicznych takich jak: właściwie ułożone plodozmiany, odpowiedni dobór gatunków i odmian do uprawy, uprawę zasiewów mieszanych i stosowanie mieszanin odmian o różnym stopniu odporności oraz przez integrowane systemy uprawy i ochrony roślin (Czembor i Gacek 1995; Strzembicka i in. 1998; Gacek 2000). Hodowla i wprowadzanie do uprawy odmian, które posiadają geny lub ich kombinacje warunkuje odporność na *Blumeria graminis* f.sp. *avenae* i wpływa na ograniczenie występowania patogenu (Feuillet i Keller 1998). Aby hodowla odpornościowa była efektywna konieczne jest prowadzenie systematycznych badań struktury i dynamiki zmian frekwencji wirulencji patogenu w celu prognozowania efektywności źródeł odporności używanych w programach hodowlanych i uprawianych odmianach. Uzyskanie odmian o trwałej w czasie, stabilnej i efektywnej odporności w różnych warunkach środowiska jest procesem złożonym i wymagającym dużych nakładów pracy. Pietrusińska i Czembor (2015) wskazują, że proces uzyskiwania odmian odpornych powinien być poprzedzony dokładną

charakterystyką poziomu odporności odmian uprawianych na danym obszarze oraz analizą wirulencji populacji patogenu. Autorzy zwracają również uwagę na konieczność opracowania szybkiej i pewnej metody pozwalającej na monitorowanie wprowadzania genów do form uprawnych.

CEL BADAŃ STANOWIĄCYCH OSIAGNIĘCIE NAUKOWE

W związku z niewielką ilością badań dotyczących problematyki mączniaka prawdziwego w owsie, podstawowym celem badań obejmujących osiągnięcie naukowe była:

- Analiza zmian w strukturze wirulencji populacji mączniaka prawdziwego owsa występującej na terenie Polski (**B.3**)
- Analiza efektywności opisanych do tej pory genów odporności na mączniaka prawdziwego w owsie oraz wskazanie genów o największym potencjale i możliwości wykorzystania w programach hodowlanych (**B.6**)
- Identyfikacja genów odporności oraz charakterystyka poziomu odporności na mączniaka prawdziwego polskich odmian owsa zwyczajnego (**B.8, B.5**)
- Identyfikacja nowych, efektywnych źródeł odporności na mączniaka prawdziwego wśród dzikich gatunków należących do rodzaju *Avena* oraz wskazanie gatunków najbardziej przydatnych do podnoszenia odporności w owsie (**B.1, B.4, B.7**)
- Identyfikacja markerów DNA sprzężonych z obecnie najbardziej efektywnym na terenie kraju genem *Pm4* odporności na mączniaka prawdziwego w owsie (**B.2**)

MATERIAŁ ROŚLINNY I METODY BADAŃ

Material do badań stanowiły:

- Linie i odmiany referencyjne z genami odporności na mączniaka prawdziwego: Jumbo - *Pm1*, Cc3678 - *Pm2*, Mostyn - *Pm3*, Av1860 - *Pm4*, Am27 - *Pm5*, Bruno - *Pm6* i APR122 - *Pm7* oraz odmiana wrażliwa Fuchs (**B.1, B.3, B.4, B.5, B.6, B.7, B.8**)
- 51 polskich odmian owsa zwyczajnego znajdujących się na liście Krajowego Rejestru Odmian Uprawnych w latach 1990-2016 (**B.5, B.8**)

- Genotypy należące do dzikich gatunków z rodzaju *Avena* pozyskane z różnych banków genów: Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) (Gatersleben, Niemcy) - Plant Gene Resources of Canada (PGRC) (Kanada), National Germplasm Resources Laboratory's (USA), IHAR (Polska), N. I. Vavilov Institute of Plant Genetic Resources (VIR) (St. Petersburg, Rosja), Genetic Resources Unit, Institute of Biological, Environmental and Rural Sciences (IBERS) (Aberystwyth, Wales), National Small Grains Collection (NSGC) (Aberdeen), Plant Gene Resources of Canada (PGRC), stanowiące kolekcję Instytutu Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin (**B.1, B.4, B.7**)
- 154 rośliny populacji F₂ Av1860 × Fuchs segregujące pod względem odporności na mączniaka prawdziwego uzyskane z krzyżowania linii Av1860 z genem *Pm4* z odmianą Fuchs wrażliwą na mączniaka prawdziwego (**B.2**)
- Jednozardnikowe izolaty mączniaka prawdziwego pozyskane z populacji patogenu skolekcjonowanych na terenie Polski w latach 2010-2015 (**B.1, B.3, B.4, B.5, B.6, B.7, B.8**)

Metody wykorzystane w badaniach

- Testy fizjologiczne typu żywiciel-patogen (**B.1, B.2, B.3, B.4, B.5, B.6, B.7, B.8**)

Wszystkie testy żywiciel-patogen wykonano zgodnie z metodyką opisaną przez Okoń i Kowalczyka (2012). Testy przeprowadzono na pierwszych liściach 10-dniowych siewek. Fragmenty liści wykładano na płytki Petriego wypełnione do połowy agarą z dodatkiem benzimidazolu (6 g agaru na 1 l wody oraz 35 mg/l benzimidazolu). Płytki z fragmentami liści inokulowano w wieży inokulacyjnej, umieszczając ok. 500-700 zarodników mączniaka prawdziwego na 1 cm². Następnie szalki umieszczano w fitotronie, w temperaturze ok. 17°C przy natężeniu światła ok. 4 kLx przez 10 dni. Po dziesięciu dniach od inokulacji izolatami mączniaka prawdziwego określano porażenie liści w skali 5° (gdzie 0 oznacza brak porażenia, a 4 porażenie, w którym grzybnia zajmuje powyżej 50% powierzchni liścia). Wyróżniono trzy klasy reakcji na zastosowane izolaty. Odporna – gdy infekcja względem odmiany podatnej wynosiła 0-20%, pośrednia – jeśli infekcja względem odmiany podatnej wynosiła ok. 20-50% i nieodporna (wrażliwa) – gdy objawy mączniaka prawdziwego obejmowały ponad 50% powierzchni liścia.

W oparciu o testy żywiciel-patogen przeprowadzono:

- Ocenę poziomu odporności odmian uprawnych i dzikich gatunków z rodzaju *Avena*
 - Ocenę efektywności opisanych do tej pory genów odporności na mączniaka prawdziwego
 - Fenotypowanie populacji segregującej względem odporności na mączniaka prawdziwego uzyskanej w wyniku krzyżowania linii Av1860 z genem *Pm4* z odmianą Fuchs wrażliwą na mączniaka prawdziwego
 - Ocenę odporności dzikich gatunków należących do rodzaju *Avena*
- Analiza wirulencji izolatów mączniaka z wykorzystaniem programu HaGis (Herrmann i in. 1999) **(B.3)**

Dane uzyskane w wyniku testów żywiciel-patogen wykonanych na zestawie linii i odmian kontrolnych bazujących na izolatach mączniaka prawdziwego zebranych w różnych częściach kraju przekonwertowano na matrycę binarną. Symptomy odczytane w testach fizjologicznych jako 0, 1 lub 2 klasyfikowały izolat jako awirulentny i przepisywano mu wartość 0, zaś odczyt 3 lub 4 klasyfikował izolat jako wirulentny i przypisywano mu wartość 1.

Uzyskana w ten sposób matryca pozwoliła na ocenę:

- Frekwencji wirulencji analizowanych izolatów mączniaka prawdziwego
 - Zmian wirulencji populacji mączniaka prawdziwego na przestrzeni ostatnich kilku lat
 - Kompleksowości izolatów i ich zróżnicowania
 - Liczby patotypów mączniaka prawdziwego
- Genotypowanie populacji segregującej z wykorzystaniem techniki DArTseq **(B.2)**

Analizy DArTseq wykonano w Diversity Arrays Technology w Australii wg opracowanej i opatentowanej metodyki.

Przeprowadzone analizy pozwoliły na wytypowanie markerów DNA typu silicoDArT sprzężonych z genem *Pm4* odporności na mączniaka prawdziwego.

- analizy bioinformatyczne związane z analizą sekwencji i projektowaniem starterów do PCR wykonano w oparciu o narzędzia programu CLCMyWorkbench 7.9 (B.2)

WYNIKI

Określenie wirulencji populacji *Blumeria graminis* f.sp. *avenae* na terenie Polski

Monitorowanie dynamiki zmian wirulencji populacji *Blumeria graminis* na danym obszarze ma ogromne znaczenie dla lepszego wykorzystania dostępnych źródeł odporności na ten patogen (Heun 1987). Analiza zmienności wirulencji patogenu pozwala na określenie dynamiki zmian zachodzących w populacji związanych z możliwością przełamania odporności warunkowanej genami dominującymi. Dane dotyczące poziomu wirulencji patogenu mogą być przydatne przy wyborze genów odporności zapewniających wysoki poziom ochrony na przestrzeni wielu lat w różnych warunkach środowiska oraz przy wyborze efektywnych genów do tworzenia piramid genowych. W dostępnej literaturze brak jest doniesień na temat zmian wirulencji mączniaka prawdziwego owsa, dlatego też celem podjętym w publikacji B.3 było określenie poziomu wirulencji populacji *Blumeria graminis* f.sp. *avenae* na terenie Polski. Przedmiotem analiz były jednozarodnikowe izolaty mączniaka prawdziwego pozyskane z różnych części kraju w latach 2010-2013. Z każdej populacji patogenu pobranej z określonej lokalizacji uzyskano po 20 jednozarodnikowych izolatów. Poziom wirulencji uzyskanych izolatów określony został na podstawie testów żywiciel-patogen przeprowadzonych na zestawie 8 linii referencyjnych ze zdefiniowanymi genami odporności: Jumbo - *Pm1*, Cc3678 - *Pm2*, Mostyn - *Pm3*, Av1860 - *Pm4*, Am27 - *Pm5*, Bruno - *Pm6* i APR122 - *Pm7* oraz odmiany wrażliwej Fuchs. Do oceny stopnia porażenia linii kontrolnych zastosowana została skala 5-stopniowa, w której 0 oznacza brak infekcji, brak widocznych objawów porażenia mączniakiem prawdziwym, 1 – ograniczony rozwój patogenu, widoczne pojedyncze i niewielkie kolonie, 2 – widoczna grzybnia z niewielką ilością zarodników zajmująca mniej niż 20% powierzchni liścia, 3 - grzybnia rozległa zajmująca 20%-50% powierzchni liścia, 4 – obfita grzybnia zajmująca ponad 50% powierzchni liścia. Uzyskane w testach żywiciel-patogen wyniki zostały przekonwertowane na matrycę 0-1 z uwzględnieniem warunku, że jeżeli symptomy choroby zostały ocenione jako 0, 1 lub 2 to izolat był klasyfikowany jako awirulentny dla danego genu odporności, natomiast jeśli symptomy choroby zostały ocenione jako 3 lub 4 izolat został sklasyfikowany

jako wirulentny dla danego genu. Na podstawie uzyskanej matrycy oceniono frekwencję wirulencji poszczególnych izolatów, ich kompleksowość i zróżnicowanie. Izolaty zostały również zgrupowane w odpowiednie patotypy, określono również podobieństwo patotypów mączniaka prawdziwego występującego w Polsce. Analizy zostały przeprowadzone w oparciu o program HaGiS Tool (Herrmann i in. 1999).

Testowane izolaty mączniaka prawdziwego niemal całkowicie przełamały odporność warunkowaną genami *Pm1*, *Pm3* i *Pm6*. Frekwencja wirulencji wobec tych genów wahała się w przedziale 80-100%. Izolaty mączniaka prawdziwego skolekcjonowane na terenie kraju zaczęły przełamywać odporność warunkowaną genem *Pm7*, jednakże frekwencja wirulencji wobec tego genu utrzymała się na bardzo niskim poziomie i nie przekroczyła 10%. Świadczy to o tym, że obecnie występujące patotypy mączniaka prawdziwego zaczynają przełamywać odporność warunkowaną tym genem. Żaden z testowanych izolatów mączniaka prawdziwego nie przełamał odporności warunkowanej genami *Pm2*, *Pm4* i *Pm5*.

Kolejnym parametrem pozwalającym na charakterystykę populacji patogenu jest kompleksowość. Parametr ten określa liczbę linii referencyjnych, które zostały porażone przez dany procent izolatów. Analizowane w prezentowanej pracy izolaty mączniaka prawdziwego najczęściej przełamywały odporność trzech spośród siedmiu genów odporności wykorzystanych w testach żywiciel-patogen, były to geny *Pm1*, *Pm3* i *Pm6*. Żaden z testowanych izolatów mączniaka prawdziwego nie był w stanie przełamać odporności jednocześnie zestawu 5, 6 lub 7 analizowanych genów odporności.

Na podstawie modelu porażenia poszczególnych linii kontrolnych przez badane izolaty mączniaka prawdziwego określono patotypy tych izolatów za pomocą kodu opracowanego przez Glimour (1973). Łącznie zidentyfikowano 7 patotypów. Najczęściej występującym patotypem był 700, który reprezentowany był przez ok. 80 % analizowanych izolatów mączniaka prawdziwego. W roku 2010 zidentyfikowano 2 patotypy, w 2011 pięć patotypów natomiast w 2012 i 2013 zidentyfikowano po 6 patotypów mączniaka prawdziwego, Zróżnicowanie patotypów było bardzo niskie ze względu na niewielką ilość analizowanych form kontrolnych oraz ze względu na fakt, że niemal wszystkie izolaty były wirulentne wobec genów *Pm1*, *Pm3* i *Pm6*. Jednakże zauważyć można wzrost zróżnicowania populacji w kolejnych latach.

Przeprowadzone badania wykazały, że zróżnicowanie populacji mączniaka prawdziwego na terenie kraju jest niewielkie, ale zaobserwować można wzrost poziomu wirulencji w odniesieniu do opisanych do tej pory genów odporności. Zmiany te są jednak na tyle powolne że można przypuszczać, iż w najbliższych latach nie pojawią się na terenie kraju

patotypy, które zdolne będą całkowicie przełamać odporność warunkowaną genami *Pm4*, *Pm5* i *Pm7*.

Charakterystyka poziomu odporności odmian uprawianych na terenie kraju

Nieustanne zmiany w środowisku naturalnym niosą za sobą potrzebę dokładnej charakterystyki odmian uprawnych w kontekście ich odporności na różnego rodzaju choroby grzybowe, w tym na mączniaka prawdziwego. Do tej pory za podstawowe narzędzie służące do identyfikacji genów odporności na mączniaka prawdziwego uznaje się testy żywiciel-patogen (Hsam i in. 1997; 1998; Hsam i Zeller 1998; Kowalczyk i in. 2004). Dotychczas w owsie zidentyfikowano i opisano osiem genów odporności na mączniaka prawdziwego. Z dostępnej literatury wynika, że w programach hodowlanych tego zboża na świecie wykorzystywane były jedynie trzy z nich OMR1 (*Pm6*), OMR2 (*Pm1*) i OMR3 (*Pm3*) (Hsam i in. 1997; 1998). W dostępnej literaturze niewiele jest doniesień o podejmowanych próbach przyporządkowania genów odporności na mączniaka prawdziwego do polskich odmian owsa zwyczajnego. Pierwszą próbę podjęli Hsam i in. (1998), którzy ocenili odporność 71 polskich odmian owsa zwyczajnego. Autorzy przypisali odmiany Dragon i Boruta do grupy odporności OMR1 (gen *Pm6*). Pozostałe analizowane odmiany były wrażliwe na mączniaka prawdziwego. Kowalczyk i in. (2004) podjęli próbę przyporządkowania polskich odmian owsa do grupy odporności OMR2 (gen *Pm1*). Autorzy wykazali, że jedynie odmiana Skrzat wykazała wzór porażenia identyczny z odmianą Jumbo posiadającą gen *Pm1*. Odmiennym wzorem porażenia charakteryzowały się odmiany Deresz, Dragon i Hetman. Analizowane odmiany owsa zostały już skreślone z Krajowego Rejestru odmian uprawnych, dlatego też celem podjętym w publikacjach **B.5** i **B.8** było określenie poziomu odporności polskich odmian owsa uprawianych na terenie kraju w ostatnim 25-cio leciu. Przedmiotem analiz były odmiany wpisane do Krajowego Rejestru odmian uprawnych w latach 1991-2016. Analizę poziomu odporności przeprowadzono w oparciu o testy żywiciel-patogen. Do testów wybrano izolaty mączniaka prawdziwego skolekcjonowane na terenie polski i charakteryzujące się zróżnicowanym porażeniem zestawu linii referencyjnych ze zdefiniowanymi genami odporności na mączniaka prawdziwego. Dobór izolatów umożliwił postulowanie w analizowanych odmianach genów odporności na mączniaka prawdziwego. Analizy wykazały, że spośród 51 testowanych polskich odmian owsa zwyczajnego jedynie dwie odmiany (Skrzat i Gniady) posiadały wzór porażenia identyczny z odmianą Jumbo posiadającą gen *Pm1* (dawniej określane jako Grupa OMR2). Gen *Pm6* (OMR1) zidentyfikowano w odmianach

Dragon i Rajtar, wzór porażenia tych odmian pokrywał się ze wzorem porażenia odmiany Bruno posiadającej gen *Pm6*. Przeprowadzone testy wykazały, że odmiany Deresz i Grajcar posiadały wzór porażenia pasujący do odmiany Mostyn zawierającej gen *Pm3* (OMR3). W odmianach Celer, Kasztan, Maczo i Nawigator zidentyfikowano wzory porażenia różniące się od wzorów zestawu linii referencyjnych, co może wskazywać, że odmiany te posiadają kombinacje różnych genów odporności na mączniaka prawdziwego. Odmiany te były odporne na pojedyncze izolaty mączniaka prawdziwego co nie gwarantuje efektywnego poziomu odporności na mączniaka prawdziwego występującego na terenie kraju. Przeprowadzone badania potwierdziły, że w polskich programach hodowlanych, podobnie jak w programach europejskich, wykorzystywane były jedynie trzy spośród opisanych genów odporności na mączniaka prawdziwego w owsie: *Pm1*, *Pm3* i *Pm6*. Niewielka liczba zidentyfikowanych odmian posiadających geny odporności sugeruje, że konieczne jest wprowadzenie do programów hodowlanych większej liczby genów warunkujących efektywną odporność. Ważną strategią w hodowli odpornościowej jest tworzenie piramid genowych opartych o efektywne geny odporności. Piramidyzacja genów pozwala na uzyskanie odporności na wiele ras patogenu i umożliwia utrzymanie efektywnej ochrony roślin przez długi okres czasu.

Analiza efektywności opisanych do tej pory genów odporności na mączniaka prawdziwego

Podnoszenie poziomu odporności odmian uprawnych polega na wprowadzaniu do ich genomu efektywnych genów odporności, które będą chroniły rośliny przed infekcją przez długi okres czasu i w różnych warunkach środowiska. Informacje o odporności linii ze zdefiniowanymi genami odporności na mączniaka prawdziwego w owsie pochodzą z lat 1977-1998 (Jones 1977; Jones i Roderick 1986; Sebesta i in. 1991). Herrmann i Roderick (1996) opisali linię APR122 jako wysoce odporną zarówno w warunkach laboratoryjnych w stadium siewki jak i w stadium rośliny dorosłej. Również Hsam i in. (1997; 1998) wykazali, że linia APR122 z genem *Pm7* posiada wysoki poziom odporności na stosowane przez autorów izolaty mączniaka prawdziwego. Hsam i in. (1997; 1998) wskazali także, że gen *Pm4* był wysoce efektywny przeciwko mączniakowi prawdziwemu w owsie. Brak jest natomiast jakichkolwiek informacji na temat efektywności genów *Pm1*, *Pm3* i *Pm6*, które zostały zidentyfikowane w wielu odmianach owsa (Hsam i in. 1997; 1998; Kowalczyk i in. 2004; Okoń 2012; Okoń i in. 2016). Celem badań podjętych w pracy **B.6** było określenie

efektywności opisanych do tej pory genów odporności na mączniaka prawdziwego w warunkach Polski. Przedmiotem analiz były dostępne w 2015 roku linie i odmiany referencyjne: Jumbo z genem *Pm1*, Mostyn z genem *Pm3*, Av1860 z genem *Pm4*, Bruno z genem *Pm6*, APR122 z genem *Pm7*. Ocenę efektywności genów przeprowadzono z zastosowaniem testów żywiciel-patogen w oparciu o jedno-zarodnikowe izolaty mączniaka prawdziwego skolekcjonowane na terenie kraju. Przeprowadzone analizy wykazały, że geny *Pm1* i *Pm3* są nieefektywne wobec populacji mączniaka prawdziwego występującego obecnie na terenie polski wschodniej. Wobec izolatów patogenu zebranych w Polsce zachodniej wykazały umiarkowany poziom efektywności. Również gen *Pm6* nie warunkował wysokiego poziomu odporności linii referencyjnej. Odporność warunkowana tym genem została przełamana przez wszystkie izolaty zebrane na terenie kraju. Przeprowadzone badania wykazały, że najbardziej efektywne w warunkach Polski są geny *Pm4* i *Pm7*. Gen *Pm4* był całkowicie odporny na wszystkie izolaty mączniaka wykorzystane w testach żywiciel-patogen. Gen *Pm7* wykazał odporność na 53 izolaty mączniaka prawdziwego. Wobec dwóch izolatów skolekcjonowanych w Polsce zachodniej wykazał odpowiedź umiarkowaną. Można więc przypuszczać, że odporność warunkowana genem *Pm7* będzie słabła w kolejnych latach w miarę pojawiania się nowych, bardziej wirulentnych populacji mączniaka prawdziwego. Obserwacje własne przeprowadzone w latach 2016-2017 (wyniki nieopublikowane) wykazują, że wysoki poziom odporności utrzymuje również gen *Pm5*, który również nie był do tej pory stosowany w programach hodowlanych. Gen ten został już wprowadzony do genomu gatunków heksaplidalnych i z powodzeniem może być wykorzystany do podnoszenia poziomu odporności odmian uprawnych owsa (Yu i Herrman 2005). Uzyskane wyniki badań wskazują, że w warunkach Polski najbardziej efektywny jest gen *Pm4*, który był odporny na wszystkie izolaty mączniaka prawdziwego skolekcjonowane na terenie kraju. Gen ten stanowi obecnie najbardziej obiecujące źródło odporności na mączniaka prawdziwego i powinien być stosowany w hodowli odpornościowej owsa.

Opracowanie markerów DNA dla najbardziej efektywnych genów odporności na mączniaka prawdziwego na terenie kraju

Celem wielu programów hodowlanych jest selekcja genotypów posiadających korzystne cechy użytkowe. Obecnie coraz większe znaczenie w procesie selekcji mają markery molekularne oparte o analizy DNA. Wykorzystanie markerów molekularnych pozwala skrócić czas oraz obniżyć koszty selekcji. Ponadto wykorzystanie markerów

molekularnych pozwala na porównanie wiedzy dotyczącej zarówno fenotypu analizowanych roślin jak i ich genotypu. Selekcja wspierana markerami podnosi wydajność procesu oraz oferuje możliwość analizy genotypu na bardzo wczesnym etapie rozwoju rośliny, niezależnie od warunków środowiska i konieczności wystąpienia stresu abiotycznego lub biotycznego, co ma ogromne znaczenie szczególnie w selekcji genotypów odpornych na choroby powodowane przez patogeny grzybowe (Collard i in. 2005; 2008). Odporność owsa na choroby grzybowe jest trudnym do rozwiązania problemem w hodowli i uprawie owsa, wynikającym głównie ze złożoności genetycznych podstaw odporności roślin na choroby oraz z relatywnie niewielką liczbą doniesień na temat analiz molekularnych genomu owsa. Dotychczas w owsie zidentyfikowano jedynie kilka specyficznych markerów powiązanych z ważnymi cechami użytkowymi jak odporność na rdzę koronową (Wight i in. 2003; Chong i in. 2004; McCartney i in. 2011), rdzę źdźbłową (Penner i in. 1993), czas spoczynku nasion (Fennimore i in. 1999), karłowatość (Milach i in. 1997), zawartość β -glukanu (Orr i Molnar 2008) czy odporność na mączniaka prawdziwego (Yu i Herrmann 2006; Okoń i Kowalczyk 2012). Przeprowadzone badania wykazały, że obecnie najbardziej efektywnym genem odporności na mączniaka prawdziwego w owsie jest gen *Pm4*. Na przełomie ostatnich 6 lat nie zidentyfikowano na terenie Polski izolatów mączniaka prawdziwego zdolnych do przełamania odporności warunkowanej tym genem. Gen *Pm4* jest obecnie najbardziej obiecującym źródłem odporności na mączniaka prawdziwego w owsie i może być z powodzeniem wykorzystany do podnoszenia odporności odmian uprawnych. Bardzo ważnym elementem prac hodowlanych jest możliwość monitorowania transferu genu do form uprawnych oraz szybki i pewny proces selekcji. W związku z tym celem prac podjętych w publikacji **B.2** była próba przyporządkowania znacznika molekularnego pozwalającego na identyfikację genu *Pm4* w genomie owsa. Przedmiotem analiz było 157 roślin populacji F_2 Av1860 \times Fuchs segregujących pod względem odporności na mączniaka prawdziwego. Ocenę segregacji cechy przeprowadzono w oparciu o testy żywiciel-patogen bazujące na izolatach mączniaka prawdziwego awirulentnych dla genu *Pm4*. Zaobserwowano rozszczepienie roślin na odporne i wrażliwe na mączniaka prawdziwego zgodne z modelem 3 rośliny odporne :1 roślina wrażliwa. Uzyskany wynik wskazuje, że odporność warunkowana jest pojedynczym genem dominującym. W celu potwierdzenia uzyskanych wyników przeprowadzono fenotypowanie populacji F_3 . Uzyskane rozszczepienie cechy było zgodne z modelem 1:2:1 i potwierdziło, że analizowana cecha warunkowana jest pojedynczym genem dominującym. Analizowana populacja poddana została genotypowaniu z wykorzystaniem technologii DArTseq. Jest to wysoko przepustowa metoda genotypowania, która pozwala na

zwiększanie gęstości map genetycznych (Ren i in. 2015; Milczarski i in. 2016), przeprowadzanie analiz filogenetycznych (Al-Beyroutiová i in. 2016), czy prowadzenie selekcji genomowej (dos Santos i in. 2016). W przeprowadzonych badaniach technologia DArTseq została wykorzystana do identyfikacji markerów sprzężonych z odpornością na mączniaka prawdziwego. Metoda ta pozwala na uzyskanie dwóch rodzajów markerów molekularnych: dominujących i bardziej licznych markerów silicoDArT oraz kodominujących i bardziej informatywnych markerów SNP. Przeprowadzone analizy są pierwszym krokiem opracowania skutecznej metody identyfikacji genu *Pm4*, dlatego też dotyczą przyporządkowania markerów silicoDArT do analizowanej cechy. Łącznie uzyskano 46 230 markerów silicoDArT, wśród których 10564 było polimorficzne w analizowanej populacji. 126 markerów było silnie skorelowanych z odpornością na mączniaka prawdziwego. Markery te pozwoliły na rozróżnienie roślin odpornych i wrażliwych na mączniaka prawdziwego w analizowanej populacji. Segregacja markerów skorelowanych z analizowaną cechą pasowała do modelu 3:1. Wśród 126 markerów do potencjalnej konwersji w markery specyficzne wytypowano 48 markerów silicoDArT. Analiza długości fragmentów oraz ich sekwencji pod kątem możliwości zaprojektowania starterów pozwoliła na wybór 20, dla których opracowano specyficzne pary starterów. Po przeprowadzeniu reakcji amplifikacji do dalszych testów wybrano początkowo 5 par, które amplifikowały oczekiwane produkty w pulach roślin odpornych i linii Av1860 z genem *Pm4*. Reakcja przeprowadzona na homozygotycznych osobnikach odpornych i wrażliwych na mączniaka prawdziwego pozwoliła na wybór 3 par starterów amplifikujących produkty wyłącznie w roślinach odpornych. Wybrane pary starterów zweryfikowano w reakcji przeprowadzonej na całej populacji Av1860 x Fuchs. Analizy wykazały, że wszystkie 3 markery były wysoce skorelowane z analizowaną cechą. Najlepszy współczynnik korelacji z cechą fenotypową uzyskano dla startera Pm4-9, który może być wykorzystany jako marker diagnostyczny dla genu *Pm4* w procesie selekcji wspieranej markerami.

Poszukiwanie nowych, efektywnych źródeł odporności na mączniaka prawdziwego wśród dzikich gatunków należących do rodzaju *Avena*

Poszerzanie zmienności genetycznej form uprawnych i wprowadzanie do nich genów odporności na choroby jest ważnym aspektem wielu programów hodowlanych. Dzikie gatunki spokrewnione z gatunkami uprawnymi stanowią bogate źródło wielu genów, które mogą poprawiać szereg cech form uprawnych (Reader i Miller 1991; McIntosh i in. 1998; Shi

i in. 1998; Xu i Kasha 1992; Pickering i in. 1995). Również u owsa dzikie gatunki były wielokrotnie wykorzystywane jako źródło cennych genów dla form uprawnych (Aung i in. 1977; Sebesta i in. 1993; Hermann i Roderick 1996; Sánchez-Martín i in. 2012; Tan i Carson 2013). W związku z bardzo niskim poziomem odporności polskich odmian owsa zwyczajnego na mączniaka prawdziwego oraz niewielką liczbą zidentyfikowanych efektywnych genów warunkujących wysoka odporność konieczne jest poszukiwanie nowych źródeł odporności. Konieczność taką wskazywali już Hsam i in. (1997; 1998). Do tej pory w owsie zidentyfikowano szereg potencjalnych źródeł odporności na choroby grzybowe, zarówno w gatunku uprawnym *A. sativa* (Jones 1983; Hsam i in. 1997; Hsam i Zeller 1998) jak i dzikich gatunkach *A. sterilis*, *A. strigosa*, *A. occidentalis*, *A. pilosa*, *A. macrostachya* oraz *A. barbata* (Hoppe i Kummer 1991; Herrmann i Roderick 1996; Yu i Herrmann 2006; Thomas i in. 1980; Aung i in. 1977; Rines i in. 2007; Rines i in. 2017). Jednakże badania te były przeprowadzane dość dawno, a w związku z ciągłymi zmianami wirulencji patogenów występujących na danym terenie konieczne jest poszukiwanie źródeł, które będą efektywne na przestrzeni kolejnych lat. Celem badań podjętych w pracach **B.1**, **B.4** i **B.7** było wytypowanie genotypów należących do dzikich gatunków z rodzaju *Avena*, które mogą być potencjalnie wykorzystane do podniesienia poziomu odporności na mączniaka prawdziwego. Przedmiotem badań były genotypy należące do dzikich gatunków *A. sterilis*, *A. fatua*, *A. magna*, i *A. murphyi*, skolekcjonowane w Instytucie Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin. Do charakterystyki poziomu odporności wykorzystano testy-żywiciel-patogen oparte o izolaty mączniaka prawdziwego skolekcjonowane w różnych częściach kraju w latach 2010-2015. Pierwszym krokiem analiz było wytypowanie gatunków o największym potencjale odporności na mączniaka prawdziwego (publikacja **B.7**). Analizom poddano 9 amerykańskich odmian owsa zwyczajnego, 27 genotypów *A. sterilis*, 11 genotypów *A. fatua*, 15 genotypów *A. magna* i 5 genotypów *A. murphyi*. Przeprowadzone testy wykazały, że największym poziomem odporności charakteryzowały się genotypy należące do gatunków tetraploidalnych. Analizowane genotypy *A. magna* i *A. murphyi* były całkowicie odporne lub wykazały umiarkowaną odpowiedź na zastosowane w testach żywiciel-patogen izolaty mączniaka prawdziwego. Źródłem cennych genów odporności mogą też być genotypy należące do gatunku *A. sterilis*. Wśród analizowanych genotypów 2 było całkowicie odporne na wszystkie zastosowane izolaty mączniaka, 8 wykazało odporność na przynajmniej jeden izolat. Najniższy poziom odporności zidentyfikowano wśród genotypów należących do *A. fatua*. Wszystkie analizowane genotypy były wrażliwe lub wykazały umiarkowany poziom odporności na zastosowane w testach żywiciel-patogen izolaty mączniaka prawdziwego.

Przeprowadzone badania wykazały, że zarówno *A. magna* jak i *A. murphyi* były wysoce odporne na zastosowane izolaty mączniaka prawdziwego, dlatego też testom żywiciel-patogen poddano całą kolekcję genotypów należącą do tych gatunków (publikacja **B.1**). Łącznie przetestowano 62 genotypy *A. magna* i 17 genotypów *A. murphyi*. Testy fizjologiczne przeprowadzono w oparciu o 5 izolatów mączniaka zebranych w różnych częściach Polski w latach 2010-2015 i charakteryzujących się zróżnicowanym poziomem wirulencji. Wśród analizowanych genotypów nie zidentyfikowano całkowicie wrażliwych na mączniaka prawdziwego. 13 genotypów *A. magna* i 5 *A. murphyi* było całkowicie odpornych na wszystkie zastosowane izolaty mączniaka prawdziwego. Świadczy to o wysokim potencjale i możliwości wykorzystania tych genotypów do podnoszenia poziomu odporności odmian uprawnych. Należy jednak wziąć pod uwagę, że transfer efektywnych genów z gatunków dzikich jest często bardzo utrudniony lub wręcz niemożliwy ze względu na liczne bariery krzyżowalności związane z różną liczbą chromosomów w gatunkach uprawnych i gatunkach dzikich. Hsam i in. (1998) wskazują, że bardziej efektywny transfer genów na drodze krzyżowań może być osiągnięty przy wykorzystaniu gatunków, które dzielą przynajmniej jeden genom z gatunkiem uprawnym. Transfer genów z gatunków tetraploidalnych, wymaga jednak dużych nakładów pracy i często jest nieefektywny. Dlatego też podjęto próbę identyfikacji potencjalnych źródeł odporności wśród genotypów należących do *A. sterilis* (publikacja **B.4**). Gatunek ten, podobnie jak owies uprawny jest heksaploidem, dzięki temu transfer nowych genów jest łatwiejszy niż w przypadku gatunków tetraploidalnych czy diploidalnych. Przedmiotem analiz podjętych w publikacji **B.4** było 350 genotypów należących do gatunku *A. sterilis*. Analizowane genotypy pochodziły z 31 różnych krajów świata. Reprezentowały one różne regiony geograficzne: basen Morza Śródziemnego, Bliski Wschód, Afrykę, Europę i Australię. Do testów żywiciel-patogen wybrano izolaty mączniaka prawdziwego skolekcjonowane w latach 2010-2013 charakteryzujące się zróżnicowanym poziomem wirulencji. Wśród testowanych genotypów 10 wykazało całkowitą odporność na zastosowane izolaty mączniaka prawdziwego, aż 137 wykazało umiarkowany poziom odporności. Najwięcej genotypów odpornych pochodziło z regionu Morza Śródziemnego, można więc wnioskować, że region ten jest najbardziej odpowiedni do poszukiwania źródeł odporności na choroby. Podobne obserwacje przeprowadzili Loskutov (2004), Carson (2009; 2010) oraz Tan i Carson (2013). Wyselekcjonowane odporne genotypy poddano ponownym testom żywiciel-patogen z wykorzystaniem 13 dodatkowych izolatów mączniaka prawdziwego. Pozwoliło to dokładniej określić poziom odporności tych genotypów i wybrać te, które mogą być wykorzystane do podnoszenia odporności odmian

uprawnych. Wyniki testów fizjologicznych pozwoliły wytypować 4 najbardziej obiecujące genotypy *A. sterilis*: CN67383 i CN113536 CN 22667, CN22664.

Wybrane na podstawie testów fizjologicznych genotypy *A. sterilis* przekrzyżowano z odmianami Fuchs i Sam wrażliwymi na mączniaka prawdziwego. W populacji F₂ przeprowadzono testy żywiciel-patogen w celu oceny segregacji fenotypowej odporności na mączniaka prawdziwego.

Wśród testowanych populacji rozszczepienie odporności na mączniaka prawdziwego obserwowano jedynie w 2 z nich. Populacje Fuchs × CN22667 i Fuchs × CN22668 były całkowicie porażone przez mączniaka prawdziwego. W populacjach Fuchs × CN67383 i Sam × CN113536 obserwowano rozszczepienie zbliżone do modelu 3 rośliny odporne :1 roślina wrażliwa. Można więc przypuszczać, że zidentyfikowane źródła odporności w genotypach CN67383 i CN113536 są warunkowane pojedynczymi genami dominującymi. W celu potwierdzenia uzyskanych wyników przeprowadzono testy żywiciel-patogen na roślinach populacji F₃. Przeprowadzone testy potwierdziły segregację odporności roślin na mączniaka prawdziwego pasującą do oczekiwanego modelu (1:2:1) co potwierdziło tezę, że w genotypach CN67383 i CN113536 zidentyfikowano nowe geny dominujące warunkujące wysoki poziom odporności na mączniaka prawdziwego w owsie (Okoń i in. 2017). Geny te mogą być z powodzeniem wykorzystywane do podnoszenia odporności form uprawnych owsa na mączniaka prawdziwego.

WNIOSKI

Badania podjęte w publikacjach stanowiących osiągnięcie naukowe pozwoliły na sformułowanie następujących wniosków:

1. Populacje mączniaka prawdziwego występujące na terenie Polski charakteryzuje wzrost poziomu wirulencji w odniesieniu do opisanych do tej pory genów odporności na mączniaka prawdziwego w owsie.
2. Polskie odmiany owsa charakteryzuje niski poziom odporności na mączniaka prawdziwego. Geny *Pm1*, *Pm3* i *Pm6* zidentyfikowane w polskich odmianach są nieefektywne wobec istniejących na terenie kraju ras *Blumeria graminis* f.sp. *avenae*.

3. Analiza efektywności genów wykazała, że geny *Pm4*, *Pm5* i *Pm7* są obecnie najbardziej efektywne przeciwko mączniakowi prawdziwemu na terenie Polski
4. Najbardziej obiecującym źródłem odporności przeciwko mączniakowi prawdziwemu na terenie kraju jest gen *Pm4*.
5. Opracowane markery specyficzne dla genu *Pm4* umożliwiają jego monitorowanie przy wprowadzaniu do odmian uprawnych i tworzeniu piramid genowych oraz selekcję genotypów odpornych
6. Niewielka liczba efektywnych genów odporności na mączniaka prawdziwego w owsie powoduje konieczność poszukiwania nowych efektywnych źródeł odporności wśród dzikich gatunków spokrewnionych z owsem uprawnym
7. Cennym źródłem efektywnych genów odporności na mączniaka prawdziwego w owsie są tetraploidalne gatunki *A. magna* i *A. murphyi* oraz w heksaploidalny gatunek *A. sterilis*

LITERATURA

1. Al-Beyroutiová M, Sabo M, Slezziak P, Dušínský R, Birčák E, Hauptvogel P, Kilian A, Švec M (2016). Evolutionary relationships in the genus *Secale* revealed by DArTseq DNA polymorphism *Plant Systematics and Evolution* 302: 1083–1091.
2. Aung T., Thomas H., Jones T. 1977. The transfer of the gene for mildew resistance from *Avena barbata* (4x) into the cultivated oat *A. sativa* by an induced translocation. *Euphytica*. 26: 623-632.
3. Bartnikowska E., Lange E., Rakowska M. 2000. Ziarno owsa-nieocenione źródło składników odżywczych i biologicznie czynnych. część I. Ogólna charakterystyka owsa. Białka, tłuszcze. *Biuletyn IHAR*. 215: 209-223.
4. Bayles R.A. 1997. Disease development – the interaction of variety resistance and pathogen. *Aspects of Applied Biology*. 50: 249–254.
5. Bennett F.G.A. 1984. Resistance to powdery mildew in wheat: a review of its use in agriculture and breeding programmes. *Plant Pathol*. 33: 279-300.
6. Carson, M.L. (2009) Broad-spectrum resistance to crown rust, *Puccinia coronata* f. sp. *avenae*, in accessions of the tetraploid slender oat, *Avena barbata*. *Plant Disease* 93(4):363-366.
7. Carson, M.L. (2010) Additional sources of broad-spectrum resistance to *Puccinia coronata* f. sp. *avenae* from Canadian accessions of *Avena barbata*. *Plant Disease* 94(12):1405-1410.

8. Chong J, Reimer E, Somers D, Aung T, Penner GA (2004). Development of sequence-characterized amplified region (SCAR) markers for resistance gene *Pc94* to crown rust in oat . Canadian Journal of Plant Pathology. 26: 89-96.
9. Clifford B.C. 1995. Diseases, pest and disorders of oat. In: R.W. Welch (Ed), The Oat Crop, Chapman & Hall, London: 252-278.
10. Collard BCY, Jahufer MZZ, Brouwer JB. Pang ECK (2005). An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: the basic concepts. Euphytica 142, 169–196.
11. Collard BCY, Mackill DJ (2008). Marker-assisted selection: an approach for precision plant breeding in the twenty-first century. Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B Biological Sciences. 363, 557–572.
12. Czembor H.J., Gacek E.S. 1995. Systemy zwiększania trwałości odporności odmian na choroby w hodowli i uprawie zbóż. Mat. II Krajowego Sympozjum: Odporność roślin na choroby, szkodniki i niesprzyjające czynniki środowiska. IHAR Radzików, 12-14 września 1995. 39-48.
13. dos Santos JPR, Pires LPM, de Castro Vasconcellos RC, Pereira GS, Von Pinho RG, Balestre M (2016). Genomic selection to resistance to *Stenocarpella maydis* in maize lines using DArTseq markers. BMC Genetics. DOI 10.1186/s12863-016-0392-3.
14. Fennimore SA, Nyquist WE, Shaner GE, Doerge RW, Foley ME (1999). A genetic model and molecular markers for wild oat (*Avena fatua* L.) seed dormancy. Theoretical and Applied Genetics. 99: 711-718.
15. Feuillet C., Keller B. 1998. Molecular aspects of biotic stress resistance in wheat. Proc. 9th Int. Wheat Genet. Symp., Saskatoon, Saskatchewan, Canada, Oral Presentations. 1: 171-177.
16. Gacek E.S. 2000. Wykorzystanie różnorodności genetycznej roślin w zwalczaniu chorób roślin uprawnych. Post. Nauk Rol. 5: 17-25.
17. Gilmour, J. (1973). Octal notation for designing physiologic races of plant pathogens. *Nature*, 242, 620.
18. Herrmann M., Roderick H.W. 1996. Characterisation of new oat germplasm for resistance to powdery mildew. Euphytica. 89:405–410.
19. Herrmann, A., Löwer, C. F., & Schachtel, G. A. (1999). A new tool for entry and analysis of virulence data for plant pathogens. Plant Pathology, 48, 154–158.
20. Heun M. (1987) Virulence Frequencies Influenced by Host Resistance in the Host-Pathogen System Wheat-Powdery Mildew. Journal of Phytopathology 118(4): 363–366.
21. Hoppe H. D., Kummer M. 1991. New productive hexaploid derivatives after introgression of *Avena pilosa* features. In Cereal Breeding - Eucarpia Cereal Section Meeting, Schwerin (Germany), 24-27 Jun 1991, , p. 56–61.
22. Hsam S.L.K., Pederina E., Gorde S., Zeller F.J. (1998) Genetic studies of powdery mildew resistance in cultivated oat (*Avena sativa* L.). II. Cultivars and breeding lines grown in Northern and Eastern Europe. Hereditas 129:227-230.

23. Hsam S.L.K., Peters N., Paderina E.V., Felsenstein F., Oppitz K., Zeller F.J. 1997. Genetic studies of powdery mildew resistance in common oat (*Avena sativa* L.). I. Cultivars and breeding lines grown in Western Europe and North America. *Euphytica*. 96: 421-427.
24. Hsam S.L.K., Zeller F.J. 1998. Chromosomal location of genes for resistance to powdery mildew in cultivated oat (*Avena sativa* L.). 1. Gene Eg-3 in the cultivar 'Mostyn'. *Plant Breed.* 117: 177-178.
25. Janowicz L. 2006: Ciepło z ziarna. *Agroenergetyka*, 1(15), 38–41.
26. Jasińska Z., Kotecki A. (red.): Szczegółowa uprawa roślin. T. I. Wrocław 1999.
27. Jones I T, Roderick H W. 1986. Sources of resistance in oats to mildew. Welsh Plant Breeding Station , Aberystwyth, Annual Report for 1985, pp. 113-114.
28. Jones, I.T. (1983). Transgressive segregation for enhanced level of adult plant resistance to mildew in the oat cross Mostyn × Maldwyn. *Euphytica*, 32, 499–503.
29. Jones, I.T., 1977. The effect on grain yield of adult plant resistance to mildew in oats. *Ann Appl Biol* 86: 267–277.
30. Kowalczyk K., Hsam S.L.K., Zeller F.J. 2004. Identification of oat powdery mildew resistance group 2 (OMR2) and Polish common oat (*Avena sativa* L.) cultivars. Workshop „Resistance of cereals to biotic stresses”, Radzików, Poland 28.11-01.12.2004: 122-125.
31. Kwaśniewski D. 2010. Produkcja i wykorzystanie ziarna owsa jako odnawialnego źródła energii. *Problemy Inżynierii Rolniczej* 3: 95—101.
32. Loskutov, I. G. 1998. The collection of wild oat species of C.I.S. as a source of diversity in agricultural traits. *Genet. Resour. Crop Evol.* 45:291–295.
33. Maciejewicz-Ryś J., Sokół K. 1999. Wartość pokarmowa ziarna owsa oplewionego i nagoziarnistego. *Żywność. Nauka. Technologia. Jakość.* 1(18): 273-277.
34. McCartney CA, Stonehouse RG, Rossnagel BG, Eckstein PE, Scoles GJ, Zatorski T, Beattie AD, Chong J (2011). Mapping of the oat crown rust resistance gene Pc91. *Theoretical and Applied Genetics*. 122:317-325.
35. McIntosh, R. A., Hart, G. E., Devos, K. M., Gale, M. D., and Rogers, W. J. 1998. Catalogue of gene symbols for wheat. In *Proc. 9th Int. Wheat genetics Symp*, ed. A. E. Slinkard. Saskatoon, Canada: University Extension Press, University of Saskatchewan, p. 1–235.
36. Milach SCK, Rines HW, Philips RL (1997). Molecular genetic mapping of dwarfing genes in oat. *Theoretical and Applied Genetics*. 95: 783-790.
37. Milczarski P, Hanek M, Tyrka M, Stojalowski S (2016). The application of GBS markers for extending the dense genetic map of rye (*Secale cereale* L.) and localization of the *Rfc1* gene restoring male fertility in plants with the C source of sterility-inducing cytoplasm. *Journal of Applied Genetics*. 57:439-451.
38. Okoń S. (2012) Identification of powdery mildew resistance genes in Polish common oat (*Avena sativa* L.) cultivars using host-pathogen tests. *Acta Agrobotanica*, 65(3):63-68.

39. Okoń S, Kowalczyk K (2012). Identification of SCAR markers linked to resistance to powdery mildew on common oats (*Avena sativa* L.) Journal of Plant Disease and Protection. 119 (5/6), 179–181.
40. Okoń S., Ociepa T., Paczos-Grzęda E., Kowalczyk K. (2016) Analiza poziomu odporności polskich odmian owsa zwyczajnego (*Avena sativa* L.) na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* DC. f. sp. *avenae* Em. Marchal. Annales UMCS, 71(3):51-60.
41. Okoń S., Ociepa T. (2017) Virulence structure of the *Blumeria graminis* DC.f. sp. *avenae* populations occurring in Poland across 2010–2013. European Journal of Plant Pathology, 149(3): 711-718.
42. Okoń S., Ociepa T., Nucia A, Kowalczyk K. (2017). Dziedziczenie odporności na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* f. sp. *avenae*) w mieszańcach *A. sativa* x *A. sterilis*. Ogólnopolska Konferencja Naukowa "Nauka dla hodowli i nasiennictwa roślin uprawnych. 30.01-03.02.2017, Zakopane, Polska
43. Orr W, Molnar SJ (2008). Development of PCR-based SCAR and CAPS markers linked to β -glucan and protein content QTL regions in oat. Genome. 51: 421-425.
44. Pawłowska J., Kozłowska-Ptaszyńska Z., Zych J. 1999. Charakterystyka i technologia odmian owsa. Puławy-Radzików-Słupia Wielka. 3-5.
45. Petkov J., Piech M., Łukaszewski Z., Kowieska A. 1999. Porównanie składu chemicznego i wartości pokarmowej owsa nieoplewionego i oplewionego. Żywność. 1 (18) Supl. Kraków. 6: 253-259.
46. Pickering, R. A., Hill, A. M., Michel, M., and Timmerman-Vaughan, G. M. 1995. The transfer of a powdery mildew resistance gene from *Hordeum bulbosum* L. to barley (*H. vulgare* L.) chromosome 2 (21). Theor. Appl. Genet. 91:1288–1292.
47. Pietrusińska A, Czembor J.H. 2015. Piramidyzacja genów — powszechne narzędzie używane w programach hodowlanych. Biuletyn IHAR 278:3-16.
48. Reader, S. M., and Miller, T. E. 1991. The introduction into bread wheat of a major gene for resistance to powdery mildew from wild emmer wheat. Euphytica 53:57–60.
49. Ren R, Ray R, Li P, Xu J, Zhang M, Liu G, Yao X, Kilian A, Yanget X (2015). Construction of a high-density DArTseq SNP-based genetic map and identification of genomic regions with segregation distortion in a genetic population derived from a cross between feral and cultivated-type watermelon Molecular Genetics and Genomics. 290: 1457-1470.
50. Rines H.W., Miller M.E., Carson M., Chao S., Tiede T., Wiersma J., Kianian S.F. (2017) Identification, introgression, and molecular marker genetic analysis and selection of a highly effective novel oat crown rust resistance from diploid oat, *Avena strigosa*. Theoretical and Applied Genetics <https://doi-org-1twvy1mcb1036.han.bg.up.lublin.pl/10.1007/s00122-017-3031-0>
51. Rines H.W., Porter H. L., Carson M.L., Ochocki G.E. (2007). Introgression of crown rust resistance from diploid oat *Avena strigosa* into hexaploid cultivated oat *A. sativa* by two methods: direct crosses and through an initial 2x·4x synthetic hexaploid. Euphytica 158(1–2): 67–79

52. Roderick H.W., Jones E.R.L., Šebesta J. 2000. Resistance to oat powdery mildew in Britain and Europe: a review. *Ann. Appl. Biol.* 136: 85-91.
53. Roderick H.W., Jones I.T. 1988. The effect of powdery mildew (*Erysiphe graminis* f.sp. *avenae*) on yield, yield components and grain quality of spring oats. *Annals of Applied Biology.* 113:455–460.
54. Sánchez-Martín, J., Rubiales, D., Sillero, J. C., and Prats, E. 2012. Identification and characterization of sources of resistance in *Avena sativa*, *A. byzantina* and *A. strigosa* germplasm against a pathotype of *Puccinia coronata* f.sp. *avenae* with virulence against the *Pc94* resistance gene. *Plant Pathol.* 61:315–322.
55. Schwarzbach E., Smith I.M. 1988. *Erysiphe graminis* DC. In *European Handbook of Plant Diseases*. Eds I. M. Smith, J. Dunez, R. A. Lelliot, D. H. Philips and S. A. Archer, Blackwell, Oxford.
56. Šebesta, J., Kummer, M., Roderick, H.W., Hoppe, H.D., Cervenka, J., Swierczewski, A., Müller, K., 1991. Breeding oats for resistance to rusts and powdery mildew in central Europe. *Ochr Rostlin* 27: 229-238.
57. Šebesta, J., Roderick, H. W., Chong, J., and Harder, D. E. 1993. The oat line *Pc54* as a source of resistance to crown rust, stem rust and powdery mildew in Europe. *Euphytica* 71:91–97.
58. Shi, A. N., Leath, S., and Murphy, J. P. 1998. A major gene for powdery mildew resistance transferred to common wheat from wild einkorn wheat. *Phytopathology* 88:144–147.
59. Strzembicka A., Gacek E., Węgrzyn S., Nadziak J. 1998. Powdery mildew intensity, grain yield and its stability of the mixtures of spring wheat cultivars. *Plant Breeding and Seed Science.* 42: 47-55.
60. Tan, M.Y.A., Carson, M.L., 2013. Screening wild oat accessions from Morocco for resistance to *Puccinia coronata*. *Plant Dis.* 97, 1544–1548.
61. Thomas H., Powell W., Aung T. 1980. Interfering with regular meiotic behavior in *Avena sativa* as a method of incorporating the gene for mildew resistance from *A. barbata*. *Euphytica.* 29: 635–640.
62. Studies of powdery mildew resistance in cultivated oat (*Avena sativa* L.). II. Cultivars and breeding lines grown in Northern and Eastern Europe. *Hereditas.* 129: 227-230.
63. Wight CP, Tinker NA, Kianian SF, Sorrells ME, O'Donoghue LS, Hoffman D, Groh S, Scoles GJ, Li CD, Webster FH, Philips RL, Rines HW, Livingston SM, Armstrong KC, Fedak G, Molnar SJ (2003). A molecular marker map in 'Kanota' × 'Ogle' hexaploid oat (*Avena* ssp.) enhanced by additional markers and a robust framework. *Genome.* 46: 28-47.
64. Xu, J., and Kasha, K. J. 1992. Transfer of a dominant gene for powdery mildew resistance and DNA from *Hordeum bulbosum* into cultivated barley (*H. vulgare*). *Theor. Appl. Genet.* 84:771–777.
65. Yu J., Herrmann M. 2006. Inheritance and mapping of a powdery mildew resistance gene introgressed from *Avena macrostachya* in cultivated oat. *Theor. Appl. Genet.* 113:429-437.

8. Omówienie pozostałych osiągnięć naukowo-badawczych

a. Przebieg pracy naukowej przed uzyskaniem stopnia doktora

W 2001 roku rozpoczęłam studia wyższe na kierunku Biotechnologia na Wydziale Rolniczym, Akademii Rolniczej w Lublinie (obecnie Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie). W czasie studiów w ramach rozwijania wiedzy i umiejętności z zakresu biologii molekularnej, rozpoczęłam prace w laboratorium analizy genomu Instytutu Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin. Pod kierunkiem dr Edyty Paczos-Grzęda wykonywałam zadania związane z izolacją DNA z materiału roślinnego, analizy PCR oraz rozdziały elektroforetyczne. Od 2004 roku brałam aktywny udział w realizacji tematu finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi z zakresu wytwarzania materiałów wyjściowych dla hodowli roślin pt. ”Synteza nowych form owsa przydatnych dla hodowli w oparciu o krzyżowanie oddalone”. W ramach powierzonych mi obowiązków brałam udział w procesie krzyżowania różnych genotypów owsa zwyczajnego z dzikimi gatunkami należącymi do rodzaju *Avena*, dzięki temu opanowałam trudną technikę prowadzenia krzyżowań oddalonych roślin zbożowych. W sierpniu 2005 roku odbyłam miesięczną praktykę zawodową w Centrum Biotechnologii Stosowanej, Akademii Polonijnej w Częstochowie. W czasie praktyki uczestniczyłam w pracach dotyczących analizy zróżnicowania genetycznego różnych gatunków z rodzaju *Avena* za pomocą markerów SSR. Zapoznałam się również z techniką rozdziału produktów reakcji PCR w żelu poliakrylamidowym.

W czasie studiów byłam przewodniczącym Studenckiego Koła Naukowego Biotechnologów, Sekcji Biotechnologów Roślin. W ramach działalności Koła Naukowego wykonywałam prace związane z analizami molekularnymi wybranych genów u roślin zbożowych. Były one prezentowane na konferencjach Studenckich Kół Naukowych (**III.B.35; III.B.36**).

Pracę magisterską na temat „Wykorzystanie markerów RAPD i ISSR do oceny zróżnicowania genetycznego *Avena sterilis* L.” wykonałam w Instytucie Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, pod kierunkiem dr Edyty Paczos-Grzęda. W 2006 roku ukończyłam studia na Wydziale Nauk o Żywności i Biotechnologii uzyskując tytuł zawodowy magistra inżyniera. Za bardzo dobre wyniki w nauce uzyskane w czasie studiów otrzymałam Dyplom Wyróżniającego się Absolwenta oraz Honorową Odznakę Akademii Rolniczej w Lublinie.

W październiku 2006 roku rozpoczęłam pracę na stanowisku starszego technika w Instytucie Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin na Wydziale Rolniczym Akademii Rolniczej (obecnie Wydział Agrobioinżynierii Uniwersytetu Przyrodniczego) w Lublinie.

W ramach powierzonych mi obowiązków uczestniczyłam w realizacji projektu finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi pt. "Synteza nowych form owsa przydatnych dla hodowli w oparciu o krzyżowanie oddalone". W ramach projektu wykonywałam krzyżowania owsa zwyczajnego z dzikimi gatunkami należącymi do rodzaju *Avena*. Brałam również udział w analizach molekularnych i cytologicznych uzyskanych w ramach projektu mieszańców oddalonych. Uzyskane wyniki były prezentowane na konferencjach krajowych oraz w postaci publikacji naukowych (**III.B.28; III.B.29; II.D.28; II.D.32**). Uczestniczyłam również w pracach mających na celu określenie zróżnicowania genetycznego gatunków owsa należących do rodzaju *Avena* w oparciu o różne techniki molekularne jak RAPD, ISSR czy SSR (**III.B.33; III.B.34; II.D.26; II.D.27; II.D.30; II.D.31**).

W 2009 roku podjęłam współpracę z Katedrą Entomologii Wydziału Ogrodniczego UP w Lublinie w ramach której zostały przeprowadzone analizy podobieństwa genetycznego odmian leszczyny. Analizie z wykorzystaniem markerów RAPD podano 6 odmian leszczyny uprawianej na terenie polski. Uzyskane wyniki prezentowane były na konferencji naukowej oraz zostały opublikowane w formie artykułu (**III.B.31; II.D.23**).

W ramach współpracy z Zakładem Ekologii Rolniczej UP w Lublinie przeprowadziłam analizy zróżnicowania genetycznego odmian orkiszu będących przedmiotem doświadczeń pracowników zakładu. Przeprowadzone badania pozwoliły na dokładniejszą charakterystykę analizowanych obiektów i umożliwiły uzupełnienie danych o współczynniki podobieństwa oparte na markerach molekularnych (**III.B.27; II.D.25**). Współpraca podjęta z Zakładem Ekologii Rolniczej dotyczyła również analizy zróżnicowania genetycznego chwastów występujących w uprawach pszenicy zwyczajnej przy stosowaniu zróżnicowanych dawek herbicydów. Analizy wykazały, że stosowanie zróżnicowanych dawek herbicydów nie wpłynęło na zróżnicowanie genetyczne chwastów (**II.D.20**). Przeprowadzono również badania mające na celu określenie poziomu zróżnicowania genetycznego przytulii czepnej występującej na dwóch różnych siedliskach gruntów odłogowanych. Wspólna klasteryzacja genotypów z poszczególnych siedlisk naturalnych może świadczyć o tym, że typ siedliska, gleba oraz długotrwałe odłogowanie mogą powodować różnicowanie przytulii czepnej (**II.D.3**).

W latach 2008-2010, jako główny wykonawca, brałam udział w realizacji projektu finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi pt. „Identyfikacja genów karłowatości i odporności na choroby w pszenicy i pszenżycie za pomocą markerów DNA”. W ramach tego projektu prowadziłam badania nad identyfikacją genów karłowatości w genomie pszenicy. W głównej mierze badania te dotyczyły identyfikacji genu *Rht8*, który jest jednym z najbardziej efektywnych genów karłowatości (**III.B.26; III.B.32; II.D.22; II.D.29**). W wyniku współpracy ze spółkami hodowli roślin prowadziłam również diagnostykę obecności genów warunkujących odporność na choroby grzybowe w liniach hodowlanych pszenicy zwyczajnej. Uzyskane wyniki były wykorzystane w selekcji genotypów posiadających efektywne geny odporności (**III.B.25; III.B.30; II.D.22; II.K.2**).

W latach 2008-2010 uczestniczyłam w realizacji grantu Nr PBZ-MNiSW-2/3/2006/2 pt. „Identyfikacja oraz określenie markerów DNA dla genów odporności na mączniaka prawdziwego u owsa zwyczajnego i pszenżyta przydatnych w hodowli tych zbóż”, wchodzącym w skład projektu badawczego zamawianego przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego Nr PBZ-MNiSW-2/3/2006 pt. „Nowe metody genetyki molekularnej i genomiki służące doskonaleniu odmian roślin uprawnych”. Realizowałam badania dotyczące identyfikacji markerów molekularnych dla genów odporności na mączniaka prawdziwego w owsie zwyczajnym. Zagadnienia realizowane w ramach tego zadania były przedmiotem mojej pracy doktorskiej. Przedmiotem prowadzonych badań były linie i odmiany owsa z genami odporności na mączniaka prawdziwego warunkującymi odporność typu OMR1 (*Pm1*), OMR2 (*Pm6*) i OMR3 (*Pm3*). Odmiany te posłużyły do uzyskania populacji F₂ segregujących pod względem odporności na mączniaka prawdziwego. Na podstawie rozszczepienia cechy określiłam sposób dziedziczenia odporności warunkowanej poszczególnymi genami. Uzyskane populacje były również przedmiotem analiz molekularnych mających na celu identyfikację markerów molekularnych dla genów *Pm1* i *Pm6*. Wynikiem prowadzonych badań było opracowanie znaczników molekularnych blisko sprzężonych z analizowanymi genami odporności. Opisane wyżej wyniki były prezentowane na konferencjach naukowych w formie plakatów oraz zostały opublikowane w formie artykułów naukowych (**III.B.23; III.B.24; II.D.14; II.D.15; II.D.19; II.A.8**)

Stopień doktora nauk rolniczych uzyskałam w 2011 roku

b) Przebieg pracy naukowej po uzyskaniu stopnia doktora

Po uzyskaniu stopnia doktora, kontynuowałam prace związane z uzyskiwaniem mieszańców oddalonych owsa. W latach 2011-2013 realizowałam zadania związane z krzyżowaniem owsa zwyczajnego z dzikimi gatunkami owsa w ramach projektu „Wykorzystanie dzikich gatunków z rodzaju *Avena* do poszerzenia zmienności genetycznej owsa zwyczajnego”. Wiele z uzyskanych mieszańców oddalonych owsa zostało wdrożone do praktycznej hodowli jako nowe źródła zmienności genetycznej owsa. W ramach poszerzania umiejętności związanych z uzyskiwaniem mieszańców oddalonych roślin zbożowych od 2014 roku biorę udział w realizacji projektu badawczego „Wytwarzanie nowych źródeł genetycznych pszenżyta w oparciu o krzyżowanie oddalone”, finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi, gdzie realizuję zadania związane z krzyżowaniem roślin pszenżyta i pszenicy z dzikimi gatunkami należącymi do rodzaju *Aegilops*.

Kolejnym elementem mojej pracy zawodowej są badania związane z analizą zmienności genetycznej różnych gatunków roślin. We współpracy z Katedrą Roślin Przemysłowych i Leczniczych przeprowadziłam badania mające na celu analizę zróżnicowania genetycznego gatunków należących do rodzaju *Gypsophila* o potencjalnych możliwościach wykorzystania do przemysłowej produkcji saponin. Uzyskane wyniki pozwoliły na wytypowanie gatunków najbardziej odmiennych oraz tych, które posiadają największy potencjał do produkcji saponin i wykorzystania w przemyśle farmaceutycznym (II.A.1). Również we współpracy z naukowcami z Katedry Roślin Przemysłowych i Leczniczych przeprowadziłam analizy molekularne genotypów należących do chronionego gatunku *Arnica montana*. Gatunek ten wpisany jest do czerwonej księgi gatunków zagrożonych wyginięciem. Analizowany materiał pochodził ze szkółki roślin rozmnożonych w warunkach *in vitro* i stanowił kolekcję Katedry. Analizowane genotypy charakteryzowały się niewielkim zróżnicowaniem genetycznym (III.B.19; II.A.5). Wąska pula genowa może być przyczyną sukcesywnego zmniejszania się naturalnie występujących populacji arniki górskiej, dlatego też celowe dla zachowania gatunku jest przeanalizowanie różnorodności genetycznej naturalnie występujących populacji arniki. Uzyskane wyniki pozwoliły na rozpoczęcie współpracy z Katedrą Ekologii UMCS, Katedrą Ochrony i Kształtowania Środowiska Politechniki Białostockiej oraz Katedrą Botaniki Uniwersytetu Yanka Kupala w Grodnie. Celem rozpoczętych w 2016 roku badań jest ocena zróżnicowania genetycznego populacji arniki górskiej występujących na terenie Polski i Białorusi oraz wytypowanie populacji o najwyższym współczynniku zróżnicowania genetycznego. Wytypowane populacje staną się wyjściowymi do pobrania nasion i rozmnożenia w kulturach *in vitro*, a

następnie do reintrodukcji najbardziej zróżnicowanych genotypów do środowiska naturalnego w celu zasilenia populacji naturalnych (**III.B.4**).

We współpracy z Pracownią Towaroznawstwa Produktów Roślinnych przeprowadziłam analizy zróżnicowania genetycznego odmian mięty różnorodnych pod względem cech morfologicznych oraz zawartości olejków eterycznych (**III.B.5; II.A.3**). Kolejnym zagadnieniem z zakresu analizy roślin zielarskich były badania prowadzone nad rumiankiem pospolitym. Zastosowanie technik RAPD i ISSR pozwoliło na określenie zróżnicowania genetycznego odmian rumianku pospolitego oraz genotypów skolekcjonowanych ze środowiska naturalnego (**II.A.6, II.D.18**).

Ważnym elementem mojej pracy zawodowej są prace związane z odpornością roślin zbożowych na choroby. W latach 2011-2013 byłam głównym wykonawcą w projekcie „Wykorzystanie MAS do wprowadzania genów karłowatości i odporności na choroby w pszenicy i pszenżycie”, finansowanym przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi w ramach którego realizowałam badania z zakresu identyfikacji genów odporności na choroby grzybowe w pszenicy zwyczajnej. Przedmiotem realizowanych prac były odmiany i linie hodowlane pszenicy zwyczajnej pochodzące ze spółek hodowli roślin. Obecność genów odporności identyfikowana była w oparciu o dostępne w literaturze naukowej markery molekularne typu STS i SCAR. Uzyskane w ramach projektu wyniki prezentowane były na konferencjach naukowych (**III.B.17; III.B.18; III.B.20; III.B.21**) oraz przedstawione w publikacjach (**II.D.5; II.D.6; II.D.11; II.D.12; II.D.16; II.D.17**).

Od 2014 roku biorę udział w realizacji projektu „Piramidyzacja genów odporności na rdzę koronową w genomie owsa oraz identyfikacja i lokalizacja markerów DNA dla tych genów” finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi, w którym zaangażowana jestem w badania związane z oceną odporności owsa na rdzę koronową. Wynikiem tych badań jest stworzenie kolekcji izolatów rdzy koronowej występującej na terenie Polski oraz określenie poziomu odporności odmian owsa zwyczajnego na ten patogen. Ponadto wytypowane zostały potencjalne źródła odporności na rdzę koronową wśród genotypów należących zarówno do heksaploidalnego gatunku *A. sterilis* jak i do tetrapoidalnych gatunków *A. murphyi*, *A. magna* i *A. insularis* (**II.A.4; II.D.4; II.D.10; III.B.6; III.B.7; III.B.16**).

W 2017 roku w ramach programu ERASMUS+ wzięłam udział w dwóch szkoleniach z zakresu genetyki i genomiki patogenów grzybowych powodujących mączniaka prawdziwego u różnych gatunków roślin. Dzięki zdobytym umiejętnościom i poszerzeniu wiedzy dotyczącej interakcji rośliny i patogenu rozpoczęłam współpracę z Zakładem

Fitopatologii i Mykologii Wydziału Ogrodnictwa i Architektury Krajobrazu UP w Lublinie. Podjęta współpraca dotyczy analizy zróżnicowania genetycznego oraz analiz filogenetycznych grzybów patogenicznych powodujących mączniaka prawdziwego u kminku i mięty. W oparciu o markery RAPD oraz analizę sekwencji barkodowych typu ITS wykonaliśmy badania potwierdzające przynależność gatunkową zebranych izolatów patogenu oraz oszacowaliśmy ich podobieństwo genetyczne. Wyniki przeprowadzonych analiz zostały opublikowane w pracach naukowych (**II.A.2**)

Od 2012 roku pracuję na stanowisku adiunkta w Instytucie Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie. W związku z tym zaangażowana jestem w proces dydaktyczny realizowany na Uniwersytecie. Prowadzę zajęcia dydaktyczne ze studentami kierunków towaroznawstwo, bioinżynieria, gospodarka przestrzenna i leśnictwo. Samodzielnie opracowałam program 2 modułów: bioprodukty, który realizowany jest na kierunku bioinżynieria oraz produkty biotechnologiczne, który realizowany jest na kierunku towaroznawstwo. Sprawowałam opiekę nad 4 studentami przygotowującymi prace inżynierskie oraz nad 19 przygotowującymi prace magisterskie.

9. Sumaryczne zestawienie ważniejszych osiągnięć:

Mój dotychczasowy dorobek naukowy składa się z 53 prac i obejmuje oryginalne prace twórcze opublikowane w czasopismach z bazy JCR (14 pozycji), w czasopismach spoza bazy JCR (32 pozycje), monografie (2), rozdziały w podręcznikach akademickich (2) i prace popularnonaukowe (3). Łączny IF prac opublikowanych w bazie JCR, zgodnie z rokiem opublikowania wynosi 18,434. Wszystkie prace zostały opublikowane po uzyskaniu stopnia doktora, 6 z nich wchodzi w skład dorobku stanowiącego osiągnięcie habilitacyjne. IF publikacji wchodzących w skład osiągnięcia habilitacyjnego wynosi 10,107.

Łączna punktacja mojego dorobku wg MNiSW wynosi 783, punktacja obejmuje oryginalne prace twórcze (46 pozycji – 523 punkty), monografie i podręczniki akademickie (4 pozycje – 40 punktów), patenty (2 pozycje – 60 punktów), aplikacje i wdrożenia (160 punktów). Punktacja dorobku naukowego przed uzyskaniem stopnia doktora wynosi 90, po uzyskaniu stopnia doktora 693. Przedstawione w tabeli 1 dane bibliometryczne prezentują mój rozwój naukowy przed i po doktoracie

Ponadto jestem współautorem 40 doniesień prezentowanych na międzynarodowych i krajowych konferencjach naukowych zarówno w formie posterów jak i referatów. Brałam udział w realizacji 9 projektów badawczych, w 2 pełniłam funkcję kierownika projektu.

Tabela 1. Dane bibliometryczne dorobku naukowego

| | Liczba ogółem | Liczba prac z listy JCR | Sumaryczny IF | Sumaryczna liczba punktów MNiSW |
|-----------------------------------------------------------|---------------|-------------------------|---------------|---------------------------------|
| Opublikowane prace naukowe | 46 | 14 | 18,434 | 523 |
| - przed uzyskaniem stopnia doktora | 16 | 0 | 0 | 90 |
| - po uzyskaniu stopnia doktora | 22 | 8 | 8,237 | 247 |
| - wchodzące w skład osiągnięcia habilitacyjnego | 8 | 6 | 10,107 | 186 |
| Patenty, | 2 | | | 60 |
| wdrożenia, | 2 | | | 60 |
| aplikacje | 27 | | | |
| sekwencje DNA | 10 | | | 100 |
| Monografie i podręczniki akademickie | 4 | | | 40 |
| Łączna liczba punktów | | | | 783 |
| komunikaty prezentowane na konferencjach naukowych | 40 | | | |
| - przed uzyskaniem stopnia doktora | 13 | | | |
| - po uzyskaniu stopnia doktora | 27 | | | |
| Realizowane projekty badawcze | 9 | | | |
| - kierowane projekty badawcze | 2 | | | |
| Indeks Hirsha wg bazy Web of Science | 2 | | | |
| Indeks Hirsha wg bazy Scopus | 3 | | | |
| Indeks Hirsha wg bazy Google scholar | 7 | | | |

Sylwia Okoń