

# **Autoreferat**

**dr inż. Konrad Celiński**

Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu  
Wydział Biologii  
Instytut Biologii Eksperymentalnej  
Zakład Genetyki

Poznań 2019

**1. Imię i nazwisko:**

Konrad Celiński

**2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe/artystyczne – z podaniem nazwy, miejsca i roku ich uzyskania oraz tytułu rozprawy doktorskiej.****2008 – doktor nauk biologicznych w zakresie biologii - genetyki**

Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

Tytuł rozprawy doktorskiej: „*Struktura genetyczna populacji Pinus mugo ze zróżnicowanych siedlisk w Tatrach badana markerami molekularnymi*”.

Praca zrealizowana w Zakładzie Genetyki. Promotor: prof. dr hab. Wiesław Prus-Głowacki, recenzenci: prof. dr hab. Andrzej Lewandowski – Polska Akademia Nauk; prof. UAM dr hab. Ireneusz Odrzykoski – Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

**2007 – magister inżynier ogrodnictwa, specjalność: ogrodnictwo ogólne**

Wydział Ogrodniczy, Akademia Rolnicza im. Augusta Cieszkowskiego w Poznaniu

Praca magisterska, pt. „*Wpływ stosowania regulatorów wzrostu i owocowania w sadzie wiśniowym*” wykonana w Katedrze Sadownictwa. Promotor: prof. dr hab. Eugeniusz Pacholak

**2004 – magister biologii, specjalność biologia molekularna**

Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

Praca magisterska, pt. „*Analiza hybrydyzacji między Pinus uliginosa i Pinus sylvestris z rezerwatu „Torfowisko pod Węglińcem” z zastosowaniem specyficznych gatunkowo markerów cpDNA*” wykonana w Zakładzie Genetyki. Promotor: prof. dr hab. Wiesław Prus-Głowacki

**2002 – licencjat biologii, specjalność biologia molekularna**

Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

Praca licencjacka, pt. „*Polimorfizm genu PH-ACSI kodującego syntazę ACC u Petunia hybrida*” wykonana w Zakładzie Biotechnologii. Promotor: dr Małgorzata Jakubowicz

**3. Informacje o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych/ artystycznych.**

**01.03.2013 do chwili obecnej – Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Genetyki, pełen etat, umowa na czas nieokreślony, adiunkt**

**01.10.2009 – 28.02.2013 – Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Genetyki, pełen etat, umowa na czas określony, adiunkt**

01.03.2009 - 30.09.2009 – Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Genetyki, pół etatu, umowa na czas określony, adiunkt

4. Wskazanie osiągnięcia\* wynikającego z art. 16 ust. 2 ustawy z dnia 14 marca 2003 r. o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. 2016 r. poz. 882 ze zm. w Dz. U. z 2016 r. poz. 1311.):

a) tytuł osiągnięcia naukowego/artystycznego,

**Charakterystyka genetyczna i chemotaksonomiczna wybranych taksonów z kompleksu *Pinus mugo* - implikacje dla systematyki i ochrony**

b) (autor/autorzy, tytuł/tytuły publikacji, rok wydania, nazwa wydawnictwa, recenzenci wydawniczy),

1) Celiński K, Chudzińska E, Gmur A, Piosik Ł, Wojnicka-Półtorak A. 2019. Cytological characterization of three closely related pines - *Pinus mugo*, *P. uliginosa* and *P. × rhaetica* from the *Pinus mugo* complex (*Pinaceae*). *Biologia*, DOI: 10.2478/s11756-019-00201-6

IF<sub>2017</sub> = 0,696; IF<sub>5Y</sub> = 0,844; MNiSW<sub>2017</sub> = 20 pkt

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na opracowaniu koncepcji, zaplanowaniu badań, zebraniu materiału roślinnego, analizie wybranych cech kariotypowych, interpretacji wyników badań, napisaniu manuskryptu oraz kierowaniu projektem, w ramach którego powstała praca. Autor korespondencyjny. Mój udział procentowy szacuję na 70%.

2) Celiński K, Kijak H, Wojnicka-Półtorak A, Buczkowska-Chmielewska K, Sokołowska J, Chudzińska E. 2017. Effectiveness of the DNA barcoding approach for closely related conifers discrimination: A case study of the *Pinus mugo* complex. *Comptes Rendus Biologies*, 340, 339-348, DOI: 10.1016/j.crv.2017.06.002

IF<sub>2017</sub> = 1,313; IF<sub>5Y</sub> = 1,33; MNiSW<sub>2017</sub> = 30 pkt

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na opracowaniu koncepcji i zaplanowaniu przebiegu eksperymentów, zebraniu materiału roślinnego, przeprowadzeniu części analiz genetycznych, interpretacji wyników badań, napisaniu manuskryptu oraz kierowaniu projektem, w ramach którego powstała praca. Autor korespondencyjny. Mój udział procentowy szacuję na 65%.

3) Celiński K, Kijak H, Barylski J, Grabsztunowicz M, Wojnicka-Półtorak A, Chudzińska E. 2017. Characterization of the complete chloroplast genome of *Pinus uliginosa* (Neumann) from the *Pinus mugo* complex. *Conservation Genetics Resources*, 9, 209-212, DOI: 10.1007/s12686-016-0652-6

IF<sub>2017</sub> = 0,742; IF<sub>5Y</sub> = 1,26; MNiSW<sub>2017</sub> = 20 pkt

*Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na opracowaniu koncepcji i zaplanowaniu przebiegu eksperymentów, zebraniu materiału roślinnego, przeprowadzeniu analiz genetycznych, interpretacji wyników badań, napisaniu manuskryptu oraz kierowaniu projektem, w ramach którego powstała praca. Autor korespondencyjny. Mój udział procentowy szacuję na 65%.*

4) Celiński K, Bonikowski R, Wojnicka-Półtorak A, Chudzińska E, Maliński T. 2015. Volatiles as chemosystematic markers for distinguishing closely related species within the *Pinus mugo* complex. *Chemistry and Biodiversity*, 12,1208-1213, DOI: 10.1002/cbdv.201400253

**IF<sub>2015</sub> = 1,444; IF<sub>5Y</sub> = 1,624; MNiSW<sub>2017</sub> = 25 pkt**

*Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na opracowaniu koncepcji i zaplanowaniu przebiegu eksperymentów, interpretacji wyników badań, napisaniu manuskryptu oraz kierowaniu projektem, w ramach którego powstała praca. Autor korespondencyjny. Mój udział procentowy szacuję na 70%.*

5) Bonikowski R, Celiński K, Wojnicka-Półtorak A, Maliński T. 2015. Composition of essential oils isolated from the needles of *Pinus uncinata* and *P. uliginosa* grown in Poland. *Natural Product Communications*, 10, 371-373

**IF<sub>2015</sub> = 0,884; IF<sub>5Y</sub> = 0,899; MNiSW<sub>2017</sub> = 20 pkt**

*Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na opracowaniu koncepcji i zaplanowaniu przebiegu eksperymentów, interpretacji wyników badań, uczestniczeniu w pisaniu manuskryptu oraz kierowaniu projektem, w ramach którego powstała praca. Mój udział procentowy szacuję na 60%.*

6) Celiński K, Zbránková V, Wojnicka-Półtorak A, Chudzińska E. 2015. Biogeography and evolutionary factors determine genetic differentiation of *Pinus mugo* (Turra) in the Tatra Mountains (Central Europe). *Journal of Mountain Science*, 12, 549-557, DOI: 10.1007/s11629-014-3028-y

**IF<sub>2015</sub> = 1,017; IF<sub>5Y</sub> = 1,33; MNiSW<sub>2017</sub> = 20 pkt**

*Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na opracowaniu koncepcji i zaplanowaniu przebiegu eksperymentów, zebraniu materiału roślinnego do badań, przeprowadzeniu wybranych analiz genetycznych, interpretacji wyników badań, napisaniu manuskryptu oraz kierowaniu projektem, w ramach którego powstała praca. Autor korespondencyjny. Mój udział procentowy szacuję na 80%.*

#### **Podsumowując mój udział w sześciu pracach zgłoszonych jako osiągnięcie naukowe:**

we wszystkich pracach mój udział w ich powstaniu był znaczący i większościowy (od 60 do 80%, średnio 68%). W pięciu pracach jestem zarówno autorem pierwszym jak i korespondencyjnym. W jednej pracy jestem autorem drugim. Odpowiadałem za koncepcję przeprowadzanych badań, formułowałem hipotezy badawcze, planowałem metody, zbierałem materiał do badań, przeprowadzałem analizy, interpretowałem uzyskane wyniki, a także pisałem i przygotowywałem

prace do druku. Wszystkie prace zgłoszone jako moje osiągnięcie naukowe finansowane były z projektu badawczego, którego byłem kierownikiem i głównym wykonawcą.

**Ogółem za osiągnięcie: IF = 6,096; IF<sub>5Y</sub> = 7,287; MNiSW<sub>2017</sub> = 135 pkt**

Cytowane (Web of Science/Scopus/Google Scholar): 22/23/26

c) omówienie celu naukowego/artystycznego ww. pracy/prac i osiągniętych wyników wraz z omówieniem ich ewentualnego wykorzystania.

### **Wprowadzenie i cel naukowy podjętych prac**

Rodzaj *Pinus* L. obejmuje ponad sto gatunków sosen, które występują głównie na półkuli północnej w strefie klimatu umiarkowanego. Przedstawiciele tego rodzaju mają duże znaczenie tak ekonomiczne - jako źródło drewna, pulpy drzewnej czy żywicy sosny; jak i ekologiczne - jako ważny a czasami dominujący komponent wielu zbiorowisk roślinnych. Niektóre blisko spokrewnione ze sobą sosny grupuje się w większe jednostki zwane kompleksami (zespołami) a jednymi z najbardziej znanych są te skupione wokół sosny wymowej (*Pinus contorta* Dougl. ex Loud.) i sosny Banksa (*Pinus banksiana* Lamb.) [1], sosny alepskiej (*Pinus halepensis* Mill.) [2], sosny wiotkiej (*Pinus kesiya* Royle ex Gordon) [3] czy kosodrzewiny (*Pinus mugo* Turra) [4].

Kompleks *Pinus mugo*, znany także jako zespół europejskich sosen górskich, obejmuje ponad sto taksonów w różnych rangach [4]. Przedstawiciele tego kompleksu porastają najważniejsze pasma górskie Europy, tj. Pireneje, Alpy czy Karpaty [5]. Badania dotyczące tego kompleksu od lat stanowią spore wyzwanie dla naukowców, gdyż występuje tutaj wyjątkowo duże nagromadzenie ciekawych, lecz złożonych problemów badawczych, tj.: 1) duża zmienność morfologiczna osobników, która utrudnia ich prawidłową identyfikację taksonomiczną; 2) wymiana genów między blisko spokrewnionymi taksonami, która prowadzi do powstawania osobników mieszańcowych o fenotypach pośrednich między fenotypami rodzicielskimi, a także do erozji genetycznej taksonów chronionych; 3) nieznanne, dyskusyjne bądź niejasne pochodzenie i ranga wielu taksonów, czy wreszcie 4) obecność w literaturze wielu różnych nazw - synonimów, odnoszących się (prawdopodobnie) do tego samego taksonu.

Najbardziej znani przedstawiciele kompleksu *Pinus mugo* to *Pinus mugo* Turra (kosodrzewina), *Pinus uncinata* Ramond (sosna hakowata) oraz *Pinus uliginosa* Neumann (sosna błotna). W zależności od autora i opracowania, te trzy sosny funkcjonują albo jako odrębne gatunki, albo jako podgatunki [4,5,6]. *Pinus mugo* to średniej wielkości krzew (1-2 m) o długich i pokładających się gałęziach z symetrycznymi szyszkami występujący głównie we wschodniej części Alp i w Karpatach [7], podczas gdy *Pinus uncinata* to średniej wielkości drzewo (12-20 m) z wyprostowanym pniem i silnie asymetrycznymi szyszkami, występujące przeważnie w zachodnich Alpach i w Pirenejach [8]. Z kolei *Pinus uliginosa* - to jeden z najbardziej enigmatycznych i kontrowersyjnych taksonów należących do tego kompleksu [9]. Sosna ta jest dość zmienna morfologicznie i może być zarówno średniej wielkości krzewem (zwykle jednak dużo wyższym niż *Pinus mugo*) lub mono-, oligo-, lub polikormicznym drzewem z asymetrycznymi szyszkami [5,10]. Występuje jedynie na terenie Europy Centralnej na kilku małych i izolowanych stanowiskach,

będących głównie torfowiskami. W literaturze naukowej sosna błotna (*Pinus uliginosa*) funkcjonuje także jako m.in. *Pinus rotundata*, *Pinus × rotundata*, *Pinus mugo ssp. rotundata*, *Pinus uncinata var. rotundata* czy *Pinus × rhaetica*, pod którą w Polsce jest chroniona [11]. Po raz pierwszy sosna błotna opisana została na Wielkim Torfowisku Batorowskim w Polsce w 1837 roku [12], na którym występuje do dzisiaj. Aktualnie najpoważniejsze zagrożenie dla sosny błotnej stanowi zły stan zdrowotny drzew [13], słabe naturalne odnowienia oraz ryzyko zanieczyszczenia puli genowej sosny błotnej w wyniku niekontrolowanej wymiany genów z sosną zwyczajną (*Pinus sylvestris* L.) i kosodrzewiną (*Pinus mugo* Turra) [14,15]. Kosodrzewina i sosna hakowata, odpowiednio jako *Pinus mugo* i *Pinus uncinata*, zostały sklasyfikowane przez Międzynarodową Unię Ochrony Przyrody (IUCN, ang. international union for conservation of nature) jako taksony najmniejszej troski (LC, ang. least concern), natomiast sosna błotna jako *Pinus mugo ssp. rotundata* jest taksonem zagrożonym (EN, ang. endangered).

Literatura naukowa dotycząca kompleksu *Pinus mugo* jest bardzo obszerna i wielowątkowa. Wśród badań najliczniej reprezentowane są te dotyczące: a) charakterystyki zmienności morfologicznej, anatomicznej i genetycznej poszczególnych taksonów należących do tego kompleksu [16,17,18,19,20,21,22,23,24]; b) poszukiwania i charakterystyki markerów molekularnych wykorzystywanych w opisie struktury genetycznej [7]; c) analizy procesów hybrydyzacji i introgresji [15,25,26,27] czy d) ustalania wzajemnych relacji między taksonami w ramach kompleksu [28,29,30].

Pomimo tak szeroko prowadzonych badań z zastosowaniem różnorodnych podejść, problemy dotyczące identyfikacji, pochodzenia, odrębności taksonomicznej i wzajemnych relacji między *Pinus mugo*, *Pinus uncinata*, *Pinus uliginosa* i *Pinus × rhaetica* pozostają nadal nierozwiązane.

Dlatego też w prowadzonych przeze mnie badaniach, zastosowałem podejścia i metody, które do tej pory albo nie były stosowane w ogóle w analizie przedstawicieli kompleksu *Pinus mugo*, albo stosowano je tylko w odniesieniu do wybranych taksonów.

Podjęte prace miały na celu: 1) analizę i charakterystykę składu związków lotnych i olejków eterycznych izolowanych z igieł wybranych taksonów z kompleksu *Pinus mugo*; 2) opracowanie diagnostycznych markerów chemotaksonomicznych przydatnych do rozróżniania i identyfikacji *Pinus mugo*, *Pinus uncinata* i *Pinus uliginosa*; 3) określenie poziomu polimorfizmu genetycznego ośmiu regionów barkodowych chloroplastowego DNA na różnych poziomach taksonomicznych i wytypowanie regionu najbardziej zmiennego; 4) ocenę efektywności stosowania wspomnianych wyżej ośmiu regionów do identyfikacji mniej lub bardziej odległych filogenetycznie gatunków w rodzinie *Pinaceae*, a w szczególności blisko spokrewnionych taksonów w kompleksie *Pinus mugo*; 5) poznanie i scharakteryzowanie pełnej sekwencji genomu chloroplastowego *Pinus uliginosa*; 6) dostarczenie nowych danych cytogenetycznych na temat cech kariotypowych i zawartości DNA dla *Pinus uliginosa* i *Pinus × rhaetica*; 7) określenie poziomu i wzorca rozmieszczenia zróżnicowania genetycznego populacji *Pinus mugo* pochodzących z różnych siedlisk w Tatrach w oparciu o analizę polimorfizmu markerów międzymikrosatelitarnych.

Warto podkreślić, że w większości prowadzonych przeze mnie badań, analizowany materiał roślinny pochodził z tych samych osobników. Jest to szczególnie cenne, gdyż umożliwia przeprowadzenie w przyszłości kompleksowych badań porównawczych.

### **Wstępne założenia oraz ogólny zarys badań**

Chemotaksonomia wykorzystuje różne dane chemiczne w celu ulepszenia systematyki organizmów żywych. W badaniach taksonomicznych wyniki chemiczne przestają być traktowane tylko jako wyniki uzupełniające bądź dodatkowe, a coraz częściej zaczynają pełnić rolę wiodącą [31]. Dane literaturowe wskazują jednoznacznie, że zastosowanie metabolitów wtórnych pozwala nie tylko na rozróżnienie poszczególnych gatunków czy podgatunków [32,33,34] lecz także na identyfikację osobników mieszańcowych [35].

Mając na uwadze wysoką przydatność metabolitów wtórnych w chemotaksonomii oraz brak tego typu danych dla kompleksu *Pinus mugo*, postanowiłem: 1) określić profil ilościowy i jakościowy związków lotnych (ang. volatiles) izolowanych z igieł *Pinus uncinata*, *Pinus uliginosa* i *Pinus mugo*, oraz 2) na podstawie uzyskanych wyników wytypować diagnostyczne markery chemotaksonomiczne przydatne do identyfikacji tych taksonów. W przypadku kompleksu *Pinus mugo* takie podejście chemotaksonomiczne nie było do tej pory stosowane. Kompozycję związków lotnych izolowanych z igieł sosnowych, zdecydowałem się ustalić w oparciu o metodę mikroekstrakcji z fazy nadpowierzchniowej do fazy stałej/stacjonarnej (HS-SPME, ang. head space-solid phase microextraction), a następnie przeprowadzając analizę jakościową i ilościową z wykorzystaniem chromatografii gazowej sprzężonej ze spektrometrem mas (GC/MS, ang. gas chromatography/mass spectrometry). HS-SPME jest metodą unikatową i polecaną szczególnie w badaniach gatunków chronionych lub zagrożonych, gdyż nie wymaga dużej ilości materiału i jest całkowicie nieinwazyjna [36]. Przydatność połączenia metody ekstrakcji HS-SPME z analizą GC/MS do szybkiej izolacji i identyfikacji różnych związków lotnych została udowodniona w wielu wcześniej prowadzonych badaniach [36,37,38]. Skład olejków eterycznych (ang. essential oils) izolowanych z igieł *Pinus uncinata* i *Pinus uliginosa* ustaliłem dla tych taksonów stosując standardową metodę izolacji przez hydrodestylację, a następnie przeprowadziłem analizę z wykorzystaniem chromatografii gazowej sprzężonej ze spektrometrem mas.

Identyfikację taksonomiczną można prowadzić nie tylko dzięki analizie metabolitów wtórnych ale także wykorzystując w tym celu sekwencję nukleotydową DNA. Jedną z bardziej popularnych w ostatnim czasie metod identyfikacji materiału biologicznego jest barkoding DNA. Metoda ta polega na analizie pojedynczego regionu DNA lub kombinacji wielu różnych regionów DNA zlokalizowanych w genomie badanego obiektu [39,40]. Jest to powszechnie stosowana, szybka i skuteczna procedura identyfikacji, dyskryminacji i odkrywania nowych gatunków. Efektywność (skuteczność) metody barkodingu DNA zależy jednak w dużej mierze od analizowanego regionu, rodzaju badanego organizmu a także od wielkości i kompletności baz danych sekwencyjnych [41]. U roślin wskaźnik dyskryminacji gatunkowej wynosi ok. 70% w przypadku okrytozalążkowych [42], a tylko 32% w przypadku nagonasiennych [40]. Zdecydowana większość badań taksonomicznych roślin prowadzonych metodą barkodingu DNA dotyczyła filogenetycznie odległych okrytozalążkowych, dla których wskaźnik dyskryminacji gatunkowej jest

stosunkowo wysoki. Natomiast niewiele wiadomo na temat efektywności stosowania barkodingu DNA do dyskryminacji blisko spokrewnionych gatunków (m.in. drzew iglastych) i prowadzenia badań na niższym poziomie taksonomicznym, tj. gatunek czy podgatunek. Ponieważ metoda barkodingu DNA nie była do tej pory szerzej stosowana w analizie kompleksu *Pinus mugo* przeprowadzone przeze mnie badania obejmowały: 1) sekwencjonowanie ośmiu regionów barkodowych chloroplastowego DNA u osobników *Pinus mugo*, *Pinus uncinata* i *Pinus uliginosa* w celu uzupełnienia istniejącej bazy danych barkodowych (GenBank); 2) określenie ich poziomu polimorfizmu genetycznego i efektywności w identyfikacji taksonów na różnych poziomach, tj. rodzaj, podrodzaj oraz kompleks *Pinus mugo*; 3) uzyskanie lepszego wglądu w związki taksonomiczne w obrębie kompleksu *Pinus mugo* oraz 4) ocenę, który z analizowanych regionów barkodowych chloroplastowego DNA mógłby być pomocny w rozwiązywaniu podobnych problemów taksonomicznych w innych kompleksach sosnowych.

Ponieważ zastosowanie metody barkodingu DNA nie zawsze gwarantuje identyfikację wszystkich analizowanych taksonów, postanowiłem dodatkowo zsekwencjonować cały genom chloroplastowy *Pinus uliginosa*. Publikacja pełnej sekwencji genomu chloroplastowego *Pinus uliginosa* nie tylko otwiera drogę do dalszego poszukiwania markerów diagnostycznych dla przedstawicieli kompleksu *Pinus mugo* czy prowadzenia bardziej zaawansowanych analiz filogenetycznych i genomicznych, ale także pozwala zastosować w przyszłości całą sekwencję genomu chloroplastowego, jako tzw. superbarkod DNA [43]. Koncepcja dotycząca wykorzystania nie jednego czy nawet kilku wybranych rejonów do identyfikacji taksonów, a właśnie całej sekwencji genomu chloroplastowego, jako tzw. superbarkodu, zyskuje ostatnio coraz więcej zwolenników, głównie z uwagi na spadający koszt prowadzenia tego typu analiz.

W badaniu zależności filogenetycznych i systematycznych sosen bardzo przydatne są także techniki cytogenetyczne [44]. Dane dotyczące zawartości DNA, uzyskane dzięki cytometrii przepływowej, stanowią nie tylko specyficzny dla danego gatunku marker, ale także pomóc w zrozumieniu dynamiki ewolucji genomu [45]. Dane cytogenetyczne, w których obiektem badań byli przedstawiciele kompleksu *Pinus mugo*, są stosunkowo skąpe i obejmują głównie wyniki uzyskane dla *Pinus mugo* i *Pinus uncinata* [44]. Dlatego zdecydowałem się na podjęcie badań w tym zakresie i uzupełnienie dotychczasowego stanu wiedzy o nowe wyniki uzyskane dla innych przedstawicieli tego kompleksu. Analizę cech kariotypowych i zawartości DNA przeprowadziłem dla *Pinus uliginosa* i *Pinus × rhaetica*, dla których takiego opracowania cytogenetycznego jeszcze nie było.

Niektórzy badacze wskazują, że czynniki geograficzne determinują nie tylko związki genetyczne między taksonami w obrębie kompleksu *Pinus mugo* na terenie Europy Zachodniej lecz mogą także wpływać na strukturę genetyczną populacji kosodrzewiny w Europie Środkowej [22,46]. Postanowiłem przyjrzeć się bliżej temu zagadnieniu na styku genetyki i ekologii, analizując poziom i wzorzec rozmieszczenia zróżnicowania genetycznego populacji *Pinus mugo* pochodzących z różnych siedlisk w Tatrach. Charakterystyki struktury genetycznej tych populacji dokonałem w oparciu o analizę polimorfizmu markerów międzymikrosatelitarnych, ISSR (ang. inter simple sequence repeats). Markery te, do tej pory w badaniach *Pinus mugo* nie był stosowane. Umożliwiają one, w przeciwieństwie do markerów mikrosatelitarnych, SSR (ang. simple sequence repeats), analizę całego genomu, a nie tylko wybranych rejonów powtórzonych. Moja główna



hipoteza badawcza zakładała, że populacje *Pinus mugo* z tego samego pasma górskiego, ale pochodzące z dwóch różnych typów siedlisk, reprezentują różne klastry genetyczne.

### **Wyniki przeprowadzonych badań wraz z interpretacją i dyskusją**

Analiza składu związków lotnych igieł *Pinus uncinata*, *Pinus uliginosa* i *Pinus mugo* wykazała obecność w sumie 42 związków, spośród których głównymi składnikami były  $\alpha$ -pinen,  $\delta$ -3-karen i octan bornyłu, stanowiące odpowiednio 39,3%; 40,1% oraz 48,1% składu. W przedziale zawartości od 0,5% do 10% występowało jeszcze siedemnaście innych składników lotnych. Uzyskane przeze mnie wyniki są zbliżone do tych wcześniej publikowanych dla różnych gatunków sosen, gdzie głównym składnikiem także jest  $\alpha$ -pinen. Z drugiej jednak strony, wystąpiły pewne różnice w porównaniu do wcześniej uzyskanych wyników dla *Pinus mugo* [47,48]. Różnice te mogą jednak wynikać zarówno z odmiennego położenia geograficznego analizowanych osobników jak i zajmowanego przez nie siedliska. Wpływ na uzyskane wyniki mogła mieć także zastosowana przeze mnie metoda ekstrakcji – HS-SPME, zamiast powszechniej stosowanej metody hydrodestylacji. Był to jednak wybór w pełni świadomy z uwagi na ograniczoną dostępność materiału roślinnego do badań.

Znaczące różnice jakościowe i ilościowe między analizowanymi trzema taksonami z kompleksu *Pinus mugo* zidentyfikowałem dla następujących sześciu lotnych związków:  $\delta$ -3-karen, (E)- $\beta$ -ocymen, linalol, octan bornyłu, germakren D,  $\delta$ -amorfen. **Uzyskane wyniki jednoznacznie wskazują, że związki te mogą być wykorzystywane jako markery chemotaksonomiczne do identyfikacji taksonów w obrębie kompleksu *Pinus mugo*, a także stanowią dodatkowe cechy (determinanty) diagnostyczne dla danego taksonu.** I tak: *Pinus uncinata* różniła się od *Pinus mugo* i *Pinus uliginosa* w zawartości  $\delta$ -3-karen, (E)- $\beta$ -ocymen i germakrenu D, natomiast *Pinus uliginosa* różniła się od *Pinus mugo* i *Pinus uncinata* głównie w zawartości octanu bornyłu. Wreszcie *Pinus mugo* różni się od *Pinus uliginosa* i *Pinus uncinata* w obecności linalolu i  $\delta$ -amorfenu. Te dwa związki występowały tylko w związkach lotnych izolowanych z igieł *Pinus mugo*.

Uśrednione profile chemiczne głównych związków lotnych (z zawartością powyżej 5%) w igłach poddanych analizie sosen kształtują się następująco: dla *Pinus uncinata*  $\alpha$ -pinen >>> octan bornyłu > kamfen =  $\beta$ -felandren = limonen = myrcen > (E)- $\beta$ -ocymen = (E)-kariofilen; dla *Pinus uliginosa*  $\delta$ -3-karen >>  $\alpha$ -pinen >> (E)-kariofilen = germakren D =  $\beta$ -felandren = terpinolen; dla *Pinus mugo*  $\alpha$ -pinen >  $\delta$ -3-karen >> octan bornyłu > (E)-kariofilen = germakren D = terpinolen<sup>1</sup>.

**Profile te są specyficzne dla analizowanych taksonów i mogą być stosowane jako diagnostyczne markery (klucze) chemosystematyczne do identyfikacji *Pinus mugo*, *Pinus uncinata* i *Pinus uliginosa*.**

Analiza składu olejków eterycznych izolowanych metodą hydrodestylacji z igieł *Pinus uncinata* i *Pinus uliginosa* rosnących na terenie Polski ujawniła z kolei obecność w sumie 53 oraz 76 składników, odpowiednio. **Głównymi składnikami olejków eterycznych *Pinus uncinata* były monoterpeny i octan bornyłu, które razem stanowiły około 30% (46,3g /100 g) podczas gdy u**

<sup>1</sup>Znaczenie poszczególnych symboli przy wyrażaniu różnic w zawartościach procentowych: 0,1-1% (=); 1,1-5% (>); 5,1-15,0% (>>); więcej niż 15,1% (>>>).

*Pinus uliginosa* monoterpenu i seskwiterpenu stanowiły mniej więcej po 40% zawartości. Octan bornylu i  $\alpha$ -pinen stanowił główne składniki obu olejków eterycznych. W składzie olejku z igieł *Pinus uncinata* występował także limonen, kamfen, myrcen oraz (*E*)- $\beta$ -kariofilen, podczas gdy w oleju *Pinus uliginosa*  $\delta$ -3-karen, (*E*)- $\beta$ -kariofilen, germakren D,  $\delta$ -kadinen, germakren D-4-ol i  $\alpha$ -kadinol. Wyniki dotyczące składów izolowanych z igieł związków lotnych oraz olejków eterycznych dla *Pinus uliginosa* i *Pinus uncinata* są pierwszymi doniesieniami na ten temat dla tych taksonów. Szczegóły dotyczące przeprowadzonych przeze mnie analiz oraz uzyskanych wyników zawarte są w pracach 4 i 5, znajdujących się w załączniku 4.

W przeciwieństwie do przeprowadzonych przeze mnie analiz chemotaksonomicznych, które umożliwiły rozróżnienie *Pinus mugo*, *Pinus uncinata* i *Pinus uliginosa*, zastosowanie metody barkodingu DNA do identyfikacji genetycznej tych samych taksonów nie przyniosło już tak jednoznacznych i oczywistych wyników, jakich można by się po tej tak powszechnie stosowanej metodzie spodziewać.

Osiem poddanych analizie regionów barkodowych chloroplastowego DNA zostało starannie wyselekcjonowanych tak, aby reprezentowały zarówno uznane i powszechnie stosowane regiony rdzeniowe, regiony kandydujące oraz inne, dodatkowe i wysoce zmienne regiony.

Spośród wytypowanych regionów **najwyższy poziom polimorfizmu genetycznego wykazywał *ycf1***. Prawie 40% całkowitej długości jego sekwencji było zmienne. Wynik ten przełożył się bezpośrednio na dużą moc dyskryminacyjną tego regionu. Pozostałe regiony uzupełniające, tj. *ycf2* i *trnH-psbA* charakteryzowały się znacznie niższym poziomem polimorfizmu genetycznego. Uzyskane wyniki wyraźnie wskazują, że badane trzy potencjalne i uzupełniające regiony barkodowe wykazują bardzo duży potencjał w zakresie dyskryminacji gatunków w rodzinie *Pinaceae* oraz, że regiony *ycf1* + *ycf2* lub ich kombinacje np. *ycf1* lub *ycf2* razem z *trnH-psbA*, mogą być z powodzeniem stosowane jako nowy dwuregionowy barkod DNA i skutecznie uzupełniać (lub nawet z czasem zastąpić) uniwersalny i powszechnie stosowany, aczkolwiek w tym badaniu niezbyt zmienny, barkod dwuregionowy (*matK* + *rbcL*).

Szczegółowe analizy prowadzone na poziomie rodzajów wykazały, że **rodzaje *Picea* i *Pinus* różnią się znacznie poziomem polimorfizmu genetycznego w badanych regionach barkodowych**, a co za tym idzie **efektywność poszczególnych regionów barkodowych w identyfikacji gatunków jest różna i zależy od rozpatrywanego rodzaju**. W rodzaju *Picea* kolejność regionów barkodowych wg ich malejącej efektywności przedstawia się następująco: *ycf2* > *rbcL* > *trnH-psbA* > *rpl20-rps18* > *trnL-trnF* > *ycf1* = *trnV* > *matK*, podczas gdy dla rodzaju *Pinus* jest to odpowiednio: *ycf1* > *ycf2* > *trnH-psbA* > *rpl20-rps18* > *matK* = *trnL-trnF* > *rbcL* > *trnV*.

**Na poziomie podrodzaju, najbardziej polimorficznymi regionami były *ycf1* w podrodzaju *Strobus* oraz *ycf2* w podrodzaju *Pinus***. Szczegółowe porównanie uzyskanych wyników pozwoliło stwierdzić, że u *Pinaceae* regiony *ycf1* i *ycf2* ewoluowały od dwóch do pięciu razy szybciej niż region *matK* i od czterech do dziesięciu razy szybciej niż regiony *trnV* i *rbcL*. Podsumowując te wyniki można stwierdzić, że **podrodzaj *Strobus* jest znacznie bardziej zróżnicowany genetycznie niż podrodzaj *Pinus*, a rodzaj *Pinus* jest bardziej zróżnicowany niż rodzaj *Picea***.

O ile analizowane regiony były wysoce polimorficzne na różnych poziomach taksonomicznych, tj. rodzaj (*Picea* i *Pinus*) czy podrodzaj (*Pinus* i *Strobus*) i dzięki nim można było bez większego problemu zidentyfikować czternaście gatunków szpilkowych z rodziny *Pinaceae*, o tyle blisko spokrewnionych taksonów z kompleksu *Pinus mugo* przy ich pomocy rozróżnić nie można.

Pomimo analizy sekwencji o łącznej długości ponad sześciu tysięcy nukleotydów nie zidentyfikowałem żadnych różnic genetycznych pomiędzy blisko spokrewnionymi *Pinus uncinata*, *Pinus mugo* i *Pinus uliginosa*. Brak różnic może wynikać zarówno z ich niedawnej dywergencji, procesów hybrydyzacji i introgresji, jak i niskiego tempa mutacji analizowanych regionów barkodowych w tym konkretnym kompleksie. Na podstawie uzyskanych wyników nie można jednoznacznie rozstrzygnąć czy taksony te reprezentują ten sam pojedynczy gatunek (być może z dwoma lub trzema taksonami na poziomie podgatunku), czy stanowią jednak odrębne gatunki. Na tę ostatnią możliwość wskazują zarówno uzyskane przeze mnie wyniki chemotaksonomiczne, jak i wyniki innych analiz dotyczących ewolucji flawonowej.

Przeprowadzone przeze mnie badania trzech przedstawicieli kompleksu *Pinus mugo* są pierwszym tak kompleksowym opracowaniem z wykorzystaniem metody barkodingu DNA. Szczegóły dotyczące przeprowadzonych przeze mnie analiz oraz uzyskanych wyników zawarte są w pracy 2, znajdującej się w załączniku 4.

Ponieważ zastosowanie ośmiu regionów barkowych chloroplastowego DNA nie pozwoliło na rozróżnienie trzech blisko spokrewnionych taksonów z kompleksu *Pinus mugo*, postanowiłem rozszerzyć zakres prowadzonych badań o sekwencjonowanie całego genomu chloroplastowego *Pinus uliginosa* oraz jego pełną charakterystykę.

Kompletny genom chloroplastowy *Pinus uliginosa* ma długość 119,877 pz. Ogólna zawartość par G + C wynosi 38,5% i jest zbliżona do wartości notowanych dla genomów innych przedstawicieli z rodziny *Pinaceae*. Genom chloroplastowy *Pinus uliginosa* zawiera łącznie 112 przewidywanych genów funkcjonalnych, w tym 73 geny kodujące białka, 4 rybosomalne RNA (rRNA) i 35 genów transportowego RNA (tRNA). Pięć genów tRNA zostało zduplikowanych od dwóch (*trnF-GAA*, *trnH-GUG*, *trnS-GCU* i *trnV-GAC*) do czterech razy (*trnM-CAU*). Sześć genów (*petB*, *petD*, *atpF*, *rpl2*, *rpl16*, *rpoCI*) i sześć genów tRNA zawiera jeden intron, podczas gdy jeden gen (*ycf3*) zawiera dwa introny. W chloroplastowym genomie *Pinus uliginosa* nie stwierdziłem obecności dużych powtórzeń odwróconych (IR, ang. inverted repeats).

Publikacja pełnej sekwencji genomu chloroplastowego *Pinus uliginosa* dostarcza przydatnych i obszernych zasobów genomowych do dalszych badań nad opracowywaniem markerów taksonomicznych w kompleksie *Pinus mugo*, otwiera także drogę do analizy procesów hybrydyzacji i introgresji w tym kompleksie, charakteryzowania różnorodności genetycznej *Pinus uliginosa* i skuteczniejszego prowadzenia ochrony pul genowych tego zagrożonego taksonu.

Kompletny genom chloroplastowy *Pinus uliginosa* może być także w przyszłości wykorzystany w całości jako tzw. superbarkod DNA. Według niektórych badaczy koncepcja zastosowania takiego superbarkodu DNA ma ogromny potencjał w zakresie dyskryminacji

taksonów, szczególnie tych blisko spokrewnionych, dla których żaden z pojedynczych regionów barkodowych lub ich różnych kombinacji nie ma wystarczającej rozdzielczości [43].

**Zsekwencjonowany i scharakteryzowany przeze mnie genom chloroplastowy *Pinus uliginosa* jest pierwszą pełną i kompletną sekwencją genomu chloroplastowego przedstawiciela kompleksu *Pinus mugo*, dostępną w bazie GenBank.** Szczegóły dotyczące przeprowadzonych przeze mnie analiz oraz uzyskanych wyników zawarte są w pracy 3, znajdującej się w załączniku 4.

Do ustalania wzajemnych relacji taksonomicznych pomiędzy blisko spokrewnionymi sosnami wykorzystać można także ilościowe (długość chromosomu, wskaźniki asymetryczne) i jakościowe (prążki C) dane cytogenetyczne oraz dane dotyczące wielkości genomu. Tym bardziej, że w rodzaju *Pinus* zawartość DNA jest powiązana z pozycją taksonomiczną [49].

**Wykorzystując jądra komórkowe wyizolowane ze świeżych igieł sosnowych oraz liści *Vicia faba* jako wzorzec wewnętrzny, oszacowałem zawartość DNA dla *Pinus sylvestris* i *Pinus mugo* na odpowiednio,  $46,3 \pm 0,12$  pg oraz  $46,41 \pm 0,23$  pg.** Wartości te różnią się nieznacznie od wcześniej publikowanych dla tych taksonów. Jednakże, na szacowaną zawartość DNA w genomie jądrowym roślin wpływ mogą mieć zarówno warunki wzrostu jak i typ zastosowanego wzorca. **Zawartość DNA dla *Pinus uliginosa* i *Pinus* × *rhaetica*, która określona została dla tych taksonów po raz pierwszy, wynosiła odpowiednio  $46,48 \pm 0,18$  pg oraz  $46,41 \pm 0,22$  pg.** Podstawowa liczba chromosomów jest taka sama dla wszystkich czterech badanych taksonów ( $2n = 2x = 24$ ), a ich kariotypy mają podobną morfologię. Szczegółowej analizie poddałem podstawowe parametry liczbowe, tj. długość chromosomu, indeks centromerowy oraz wskaźniki asymetryczne. **Liczba przewężeń wtórnych (SC, ang. secondary constriction) wydaje się być jedną z najważniejszych cech kariologicznych, która różnicuje badane taksony.** Największą liczbę przewężeń wtórnych (SC) zaobserwowałem u *Pinus* × *rhaetica* (8), a najmniejszą w przypadku *Pinus mugo* i *Pinus uliginosa* (5). Liczba przewężeń wtórnych u *Pinus sylvestris* wynosiła siedem.

**W świetle uzyskanych wyników wydaje się, że *Pinus uliginosa* i *Pinus* × *rhaetica* reprezentują dwa różne taksony, a ich nazwy nie powinny być stosowane wymiennie jako synonimy.** Jednakże, aby móc jednoznacznie określić status taksonomiczny analizowanych przedstawicieli kompleksu *Pinus mugo*, niezbędne jest przeprowadzenie dodatkowych analiz łączących techniki molekularne i cytogenetyczne. **Opublikowane przeze mnie dane cytogenetyczne na temat cech kariotypowych i zawartości DNA dla *Pinus uliginosa* i *Pinus* × *rhaetica* są pierwszymi doniesieniami na ten temat w literaturze dla tych taksonów.** Szczegóły dotyczące przeprowadzonych przeze mnie analiz oraz uzyskanych wyników zawarte są w pracy 1, znajdującej się w załączniku 4.

Ostatnim zagadnieniem związanym z moim osiągnięciem była analiza poziomu i wzorca rozmieszczenia zróżnicowania genetycznego populacji *Pinus mugo* pochodzących z różnych siedlisk w Tatrach. **Charakterystykę struktury genetycznej tych populacji dokonałem w oparciu o analizę polimorfizmu markerów międzymikrosatelitarnych (ISSR), które do tej**

pory w badaniach *Pinus mugo* nie był stosowane. Przeprowadzone badania wykazały, że populacje kosodrzewiny w Tatrach charakteryzuje umiarkowany poziom całkowitej różnorodności genetycznej ( $H_T = 0,263$ ), który jest porównywalny z opisanymi wcześniej wartościami zróżnicowania dla innych gatunków sosen, np. *Pinus squamata*, *Pinus sibirica*, *Pinus sylvestris*, *Pinus koraiensis* czy *Pinus tabulaeformis*, z zastosowaniem tego samego typu markera. Z drugiej strony, współczynnik zróżnicowania genetycznego między populacjami *Pinus mugo* z Tatr był niespodziewanie dość wysoki ( $G_{ST} = 0,168$ ). Tak wysoka jego wartość była raczej zaskakująca, szczególnie przy braku korelacji między odległościami genetycznymi i geograficznymi. Wcześniejsze doniesienia na temat poziomu zróżnicowania genetycznego kosodrzewiny uzyskane na podstawie analizy polimorfizmu izoenzymatycznego, nie wskazywały na tak wysoki poziom zróżnicowania. Różnice między stwierdzonym przeze mnie i publikowanym wcześniej poziomie polimorfizmu genetycznego dla *Pinus mugo*, wynikać mogą z odmiennego tempa mutacji poszczególnych typów markerów molekularnych [50], ale mogą być także wynikiem działania warunków środowiskowych. Wielu autorów wskazuje, że heterogeniczność warunków ekologicznych może bezpośrednio wpływać na strukturę genetyczną populacji [51,52,53,54]. Nie można wykluczyć, że także w przypadku kosodrzewiny w Tatrach, różnorodność warunków środowiskowych odegrała ważną rolę w różnicowaniu jej struktury genetycznej. Słuszność tego założenia potwierdzają wyniki grupowania analizowanych populacji otrzymane dwoma różnymi metodami.

Uzyskane przeze mnie wyniki pokazały, że w Tatrach występują dwie grupy genetyczne *Pinus mugo* odpowiadające zajmowanym przez nie dwóm typom siedlisk. Wyniki te mają duże znaczenie w kontekście ochrony *Pinus mugo* na terenie Tatrzańskiego Parku Narodowego, sygnalizując, że nasiona *Pinus mugo* powinny być zbierane zgodnie z ich geobotaniczną lokalizacją. Szczegóły dotyczące przeprowadzonych przeze mnie analiz oraz uzyskanych wyników zawarte są w pracy 6, znajdującej się w załączniku 4.

**PODSUMOWANIE:**

- Jako pierwszy opisałem skład olejków eterycznych izolowanych z igieł *Pinus uncinata* i *Pinus uliginosa*
- Jako pierwszy zaproponowałem wykorzystanie składu związków lotnych izolowanych z igieł *Pinus mugo*, *Pinus uncinata* i *Pinus uliginosa* do badań chemotaksonomicznych kompleksu *Pinus mugo*
- Jako pierwszy stwierdziłem występowanie istotnych różnic w składzie związków lotnych pomiędzy *Pinus mugo*, *Pinus uncinata* i *Pinus uliginosa* i opracowałem dla tych taksonów diagnostyczny klucz chemotaksonomiczny umożliwiający ich rozróżnienie
- Jako pierwszy zastosowałem osiem regionów barkodowych chloroplastowego DNA do identyfikacji genetycznej *Pinus mugo*, *Pinus uncinata* i *Pinus uliginosa* z kompleksu *Pinus mugo* i wykazałem, że analizowane regiony nie pozwalają na rozróżnienie tych blisko spokrewnionych taksonów
- Wykazałem, że analizowane regiony barkodowe chloroplastowego DNA różnią się znacznie poziomem polimorfizmu genetycznego i efektywnością w dyskryminacji poszczególnych taksonów w rodzinie *Pinaceae* oraz, że do identyfikacji taksonów w rodzajach *Pinus* i *Picea* powinny być stosowane odmienne regiony barkodowe chloroplastowego DNA
- Jako pierwszy opublikowałem pełną sekwencję genomu chloroplastowego *Pinus uliginosa* i dokonałem jego charakterystyki. Jest to jednocześnie pierwsza kompletna sekwencja genomu chloroplastowego przedstawiciela kompleksu *Pinus mugo* w bazie GenBank
- Jako pierwszy opisałem cechy kariotypowe i zawartość DNA dla *Pinus uliginosa* i *Pinus × rhaetica* poszerzając tym samym wiedzę cytogenetyczną na temat kompleksu *Pinus mugo*
- Jako pierwszy zastosowałem markery międzymikrosatelitarne do analizy poziomu i wzorca rozmieszczenia zróżnicowania genetycznego *Pinus mugo* w Tatrach wykazując, że populacje *Pinus mugo* pochodzące z różnych siedlisk reprezentują odmienne kłady genetyczne.

Wyniki powyższych prac zostały przedstawione w postaci serii sześciu monotematycznych publikacji naukowych zgłoszonych jako moje osiągnięcie naukowe, dwóch wygłoszonych referatów i trzech komunikatów posterowych przedstawianych na krajowych i międzynarodowych konferencjach.

Wszystkie prace zostały wykonane w ramach kierowanego przeze mnie projektu badawczego finansowanego przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego.

## Bibliografia:

- [1] Yang RC, Yeh FC, Ye TZ. 2007. Multilocus structure in the *Pinus contorta* – *Pinus banksiana* complex. *Canadian Journal of Botany* 85: 774-784
- [2] Bucci G, Anzidei M, Madaghiele A, Vendramin GG. 1998. Detection of haplotypic variation and natural hybridization in *halepensis*-complex pine species using chloroplast simple sequence repeat (SSR) markers. *Molecular Ecology* 7: 1633-1643
- [3] Businský R, Frantík T, Vít P. 2014. Morphological evaluation of the *Pinus kesiya* complex (*Pinaceae*). *Plant Systematics and Evolution* 300: 273-285
- [4] Christensen KI. 1987. Taxonomic revision of the *Pinus mugo* complex and *P. x rhaetica* (*P. mugo* x *sylvestris*) (*Pinaceae*). *Nordic Journal of Botany* 7: 383-408
- [5] Hamernik J, Musil I. 2007. The *Pinus mugo* complex– its structuring and general overview of the used nomenclature. *Journal of Forest Science* 53: 253-266
- [6] Businský R, Kirschner J. 2006. Nomenclatural Notes on the *Pinus mugo* complex in Central Europe. *Phyton* 46: 129-139
- [7] Celiński K, Pawlaczyk EM, Wojnicka-Półtorak A, Chudzińska E, Prus-Głowacki W. 2013. Cross-species amplification and characterization of microsatellite loci in *Pinus mugo* Turra. *Biologia* 68: 621-626
- [8] Monteleone I, Ferrazzini D, Belletti P. 2006. Effectiveness of neutral RAPD markers to detect genetic divergence between the subspecies *uncinata* and *mugo* of *Pinus mugo* Turra, *Silva Fennica* 40: 391-406
- [9] Celiński K, Kijak H, Barylski J, Grabsztunowicz M, Wojnicka-Półtorak A, Chudzińska E. 2017. Characterization of complete chloroplast genome of *Pinus uliginosa* (Neumann) from the *Pinus mugo* complex. *Conservation Genetic Resources* 9: 209-212.
- [10] Boratyński A. 1978. *Pinus uliginosa* Neumann in the Błędne Skały reserve in Stołowe Mts., *Arboretum Kórnickie* 23: 261-267
- [11] Rozporządzenie Ministra Środowiska z dnia 9 października 2014 r. w sprawie ochrony gatunkowej roślin. Dz.U. 2014 poz. 1409
- [12] Neumann C. 1837. Über eine auf den Seefeldern bei Reinerz u. einigen ähnlichen Gebirgsmooren der königl. Oberförsterei Karlsberg in der Grafschaft Glatz vorkommende noch unbeschrieben Form der Gattung Pinus. – Jahresber. Schlesische Gesellschaft für Vaterländische Kultur 11: 52-57
- [13] Gołąb Z. 1999. *Pinus uliginosa* Neumann in Wielkie Torfowiska Batorowskie (The Great Batorowskie Peatbog) in the Stołowe Mountains. (in Polish). *Szczeliniec* 3: 41-48
- [14] Wachowiak W, Celiński K, Prus-Głowacki W. 2005. Evidence of natural reciprocal hybridisation between *Pinus uliginosa* and *P. sylvestris* in the sympatric population of the species. *Flora. Morphology, Distribution, Functional Ecology of Plants* 200: 563-568.
- [15] Lewandowski A, Dering M. 2006. Crossability between *Pinus uliginosa* and its putative parental species *Pinus sylvestris* and *Pinus mugo*. *Silvae Genetica* 55: 52-54

- [16] Boratyńska K, Bobowicz MA. 2001. *Pinus uncinata* Ramond taxonomy based on needle characters. *Plant Systematics and Evolution* 227: 183-194
- [17] Boratyńska K, Boratyński A, Lewandowski A. 2003. Morphology of *Pinus uliginosa* (*Pinaceae*) needles from populations exposed to and isolated from the direct influence of *Pinus sylvestris*. *Botanical Journal of the Linnean Society* 142: 83-91
- [18] Slavov GT, Zhelev P. 2004. Allozyme variation, differentiation, and inbreeding in populations of *Pinus mugo* in Bulgaria. *Canadian Journal of Forest Research* 34: 2611-2617
- [19] Bączkiewicz A, Prus-Głowacki W. 2005. Morphological and anatomical variability of isoenzymatic identified clones of *Pinus mugo* Turra. *Acta Biologica Cracoviensia Series Botanica* 47: 21-32
- [20] Boratyńska K, Marcysiak K, Boratyński A. 2005. *Pinus mugo* (*Pinaceae*) in the Abruzzi Mountains: high morphological variation in isolated populations. *Botanical Journal of the Linnean Society* 147: 309-316
- [21] Działuk A, Muchewicz E, Boratyński A, Montserrat JM, Boratyńska K, Burczyk J. 2009. Genetic variation of *Pinus uncinata* (*Pinaceae*) in the Pyrenees determined with cpSSR markers. *Plant Systematics and Evolution* 277: 197-205
- [22] Heurtz M, Teufel J, González-Martínez SC, Soto A, Fady B, Alía R, Vendramin GG. 2010. Geography determines genetic relationships between species of mountain pine (*Pinus mugo* complex) in western Europe. *Journal of Biogeography* 37: 541-556
- [23] Boratyńska K, Jasińska AK, Marcysiak K, Sobieralska K. 2011. *Pinus uliginosa* from Czarne Bagno peat-bog (Sudetes) compared morphologically to related pinus species. *Dendrobiology* 65: 17-28
- [24] Działuk A, Boratyńska K, Romo A, Boratyński A. 2017. Taxonomic and geographic variation of the *Pinus mugo* complex on chloroplast microsatellite markers. *Systematics and Biodiversity* 15: 474-479
- [25] Wachowiak W, Celiński K, Prus-Głowacki W. 2005. Evidence of natural reciprocal hybridisation between *Pinus uliginosa* and *P. sylvestris* in the sympatric population of the species. *Flora. Morphology, Distribution, Functional Ecology of Plants* 200: 563-568
- [26] Kormutak A, Demankova B, Gömöry D. 2008. Spontaneous hybridization between *Pinus sylvestris* L. and *P. mugo* Turra in Slovakia, *Silvae Genetica* 57: 76-82
- [27] Wachowiak W, Prus-Głowacki W. 2008. Hybridisation processes in sympatric populations of pines *Pinus sylvestris* L., *P. mugo* Turra and *P. uliginosa* Neumann. *Plant Systematics and Evolution* 271: 29-40
- [28] Prus-Głowacki W, Szweykowski J, Nowak R. 1985. Serotaxonomical investigation of the European pine species, *Silvae Genetica* 34: 162-170



- [29] Prus-Głowacki W, Bujas E, Ratyńska H. 1998. Taxonomic position of *Pinus uliginosa* Neumann as related to other taxa of *Pinus mugo* complex. *Acta Societatis Botanicorum Poloniae* 67: 269-274
- [30] Lewandowski A, Boratyński A, Mejnartowicz L. 2000. Allozyme investigations on the genetic differentiation between closely related pines – *Pinus sylvestris*, *P. mugo*, *P. uncinata* and *P. uliginosa* (*Pinaceae*). *Plant Systematics and Evolution* 221: 15-24
- [31] Kaundun SS, Lebreton P. 2010. Taxonomy and systematics of the genus *Pinus* based on morphological, biogeographical and biochemical characters. *Plant Systematics and Evolution* 284: 1-15
- [32] Rustaiee AR, Yavari A, Nazeri V, Shokrpour M, Sefidkon F, Rasouli M. 2013. Genetic diversity and chemical polymorphism of some *Thymus* species. *Chemistry & Biodiversity* 10: 1088-1098
- [33] Orav A, Kapp K, Raalb A. 2013. Chemosystematic markers for the essential oils in leaves of *Mentha* species cultivated or growing naturally in Estonia. *Proceedings of the Estonian Academy of Sciences* 62: 175-186
- [34] Šarac Z, Bojović S, Nikolić B, Tešević V, Đorđević I, Marin P.D. 2013. Chemotaxonomic Significance of the Terpene Composition in Natural Populations of *Pinus nigra* J.F. Arnold from Serbia. *Chemistry & Biodiversity* 10: 1507-1520
- [35] Gallis AT, Panetsos KP. 1997. Use of cortical terpenes to discriminate *Pinus brutia* (Ten.), *Pinus halepensis* (Mill.) and their hybrids. *Silvae Genetica* 46: 82-88
- [36] Reale S, Pace L, D'Archivio A.A, De Angelis F, Marcozzi G. 2014. Volatiles fingerprint of *Artemisia umbelliformis* subsp. *eriantha* by headspace-solid phase microextraction GC-MS, *Natural Product Research* 28: 61-66
- [37] Lasekan O. 2012. Headspace solid-phase microextraction gas chromatography–mass spectrometry (HS-SPME-GC–MS) determination of volatile compounds in roasted plantains (French sombre and Dwarf Kalapua). *LWT - Food Science and Technology* 46: 536-541
- [38] Yu YJ, Lu ZM, Yu NH, Xu W, Li GQ, Shi JS, Xu ZH. 2012. HS-SPME/GC-MS and chemometrics for volatile composition of Chinese traditional aromatic vinegar in the Zhenjiang region. *Journal of the Institute of Brewing* 118: 133-141
- [39] Hebert PDN, Cywinska A, Ball SL, deWaard JR. 2003. Biological identifications through DNA barcodes, *Proceedings of the Royal Society London B Biological Sciences* 270: 313-321
- [40] Hollingsworth ML, Clark AA, Forrest LL, Richardson J, Pennington RT, Long DG, Cowan R, Chase MW, Gaudeul M, Hollingsworth PM. 2009. Selecting barcoding loci for plants: evaluation of seven candidate loci with species-level sampling in three divergent groups of land plants, *Molecular Ecology Resources* 9: 439-457

- [41] Parmentier I, Duminil J, Kuzmina M, Philippe M, Thomas DW, Kenfack D, Chuyong GB, Cruaud C, Hardy OJ. 2013. How effective are DNA barcodes in the identification of African rainforest trees? *Plos One* 8: e54921
- [42] Fazekas AJ, Burgess KS, Kesanakurti PR, Graham SW, Newmaster SG, Husband BC, Percy DM, Hajibabaei M, Barrett SC. 2008. Multiple multilocus DNA barcodes from the plastid genome discriminate plant species equally well. *Plos One* 30: e2802
- [43] Li X, Yang Y, Henry RJ, Rossetto M, Wang Y, Chen S. 2015. Plant DNA barcoding: from gene to genome. *Biological Reviews of the Cambridge Philosophical Society* 90: 157-166
- [44] Bogunić F, Siljak-Yakovlev S, Muratović E, Pustahija F, Medjedović S. 2011. Molecular cytogenetics and flow cytometry reveal conserved genome organization in *Pinus mugo* and *P. uncinata*. *Annals of Forest Science* 68: 179-187
- [45] Loureirol J, Trávníček P, Rauchová J, Urfus J, Vít P, Štech M, Castrol S, Suda J. 2010. The use of flow cytometry in the biosystematics, ecology and population biology of homoploid plants. *Preslia* 82: 3-21
- [46] Dzialuk A., Boratyński A., Boratyńska K., Burczyk J. 2012. Geographic patterns of genetic diversity of *Pinus mugo* (*Pinaceae*) in Central European mountains. *Dendrobiology* 68: 31-41
- [47] Stevanovic T, Garneau FX, Jean FI, Gagnon H, Vilotic D, Petrovic S, Ruzic N, Pichette A. 2005. The essential oil composition of *Pinus mugo* Turra from Serbia. *Flavour Fragrance Journal* 20: 96-97
- [48] Venditti A, Serrilli AM, Vittori S, Papa F, Maggi F, Di Cecco M, Ciaschetti G, Bruno M, Rosselli S, Bianco A. 2013. Secondary metabolites from *Pinus mugo* Turra subsp. *mugo* growing in the Majella National Park (Central Apennines, Italy). *Chemistry & Biodiversity* 10: 2091-2100
- [49] Sedelnikova TS. 2016. Variability of genome size in conifers under extreme environmental conditions. *Biology Bulletin* 6: 177-188
- [50] Mariette S, Chagné D, Lézier C, Pastuszka P, Raffin A, Plomion C, Kremer A. 2001. Genetic diversity within and among *Pinus pinaster* populations: comparison between AFLP and microsatellite markers. *Heredity* 86: 469-479
- [51] Li Y, Fahima T, Korol AB, Peng J, Röder MS, Kirzhner V, Beiles A, Nevo E. 2000. Microsatellite diversity correlated with ecological-edaphic and genetic factors in three microsites of wild emmer wheat in North Israel. *Molecular Biology and Evolution* 17: 851-862
- [52] Nevo E, Beiles A, Krugman T. 1988. Natural selection of allozyme polymorphisms: a microgeographical differentiation by edaphic, topographical, and temporal factors in wild emmer wheat (*Triticum dicoccoides*). *Theoretical and Applied Genetics* 76: 737-752
- [53] Nevo E, Noy-Meir I, Beiles A, Krugman T, Agami M. 1991. Natural selection of allozyme polymorphisms: micro-geographical spatial and temporal ecological differentiations in wild emmer wheat. *Israel Journal of Botany* 40: 419-450

[54] Turpeinen T, Tenhola T, Manninen O, Nevo E, Nissilä E. 2001. Microsatellite diversity associated with ecological factors in *Hordeum spontaneum* populations in Israel. *Molecular Ecology* 10: 1577-1591

## 5. Omówienie pozostałych osiągnięć naukowo-badawczych

Wątek związany z charakterystyką i identyfikacją genetyczno-chemotaksonomiczną wybranych przedstawicieli kompleksu *Pinus mugo*, choć bardzo interesujący i wiodący w mojej dotychczasowej działalności, nie jest jedynym, którym zajmuję się w swojej pracy naukowej.

Od wielu lat interesuję się także: 1) opracowywaniem i charakterystyką różnych typów markerów molekularnych wykorzystywanych do identyfikacji taksonów, charakterystyki zróżnicowania genetycznego czy analizy procesów hybrydyzacji i introgresji a także samą analizą struktury genetycznej różnych gatunków; 2) analizą struktury genetycznej samoodnawiającej się populacji sosny zwyczajnej (*Pinus sylvestris* L.) i świerka pospolitego (*Picea abies* L.) na terenie Puszczy Białowieskiej, a także 3) biologiczną odpowiedzią sosny zwyczajnej (*Pinus sylvestris* L.) i sosny czarnej (*Pinus nigra* Arn.) na zanieczyszczenia przemysłowe.

W ramach realizacji problematyki dotyczącej zagadnienia pierwszego: a) analizowałem wzór izoenzymatyczny *Callitriche cophocarpa*, *Callitriche stagnalis* i *Callitriche platycarpa*; b) identyfikowałem specyficzny gatunkowo polimorfizm chloroplastowego DNA w rejonie *trnV-rbcL* u sosny zwyczajnej (*Pinus sylvestris* L.) i kosodrzewiny (*Pinus mugo* Turra); c) charakteryzowałem zasoby genowe limby (*Pinus cembra* L.) z marginalnych populacji w Tatrach pod kątem ich ochrony; d) opisywałem zastosowanie markerów międzymikrosatelitarnych (ISSR) do oceny zróżnicowania genetycznego iglastych; e) charakteryzowałem zróżnicowanie genetyczne kosodrzewiny (*Pinus mugo* Turra) w oparciu o połączone wyniki analiz polimorfizmu markerów międzymikrosatelitarnych (ISSR) i mikrosatelitarnych (SSR); f) charakteryzowałem zróżnicowanie genetyczne kosodrzewiny (*Pinus mugo* Turra) w Tatrach pod kątem jej ochrony; g) poszukiwałem specyficznego dla sosny błotnej (*Pinus uliginosa* Neumann) markera SCAR (ang. sequence characterized amplified region); h) dokonałem pierwszej charakterystyki markerów mikrosatelitarnych jądrowego DNA u kosodrzewiny *Pinus mugo* Turra.

W trakcie realizacji powyższych zagadnień współpracowałem z licznym gronem naukowców m.in. prof. dr. hab. Witoldem Wachowiakiem (Instytut Dendrologii, Polska Akademia Nauk), prof. dr. hab. Wiesławem Prus-Głowackim, prof. UAM dr. hab. Ewą Chudzińską, dr. hab. Aleksandrą Wojnicką-Półtorak, dr. hab. Katarzyną Buczkowską-Chmielewską oraz dr. hab. Aliną Bączkiewicz (Zakład Genetyki, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu).

Jako wykonawca aktywnie uczestniczyłem w realizacji dwóch projektów badawczych dotyczących niektórych z wymienionych powyżej zagadnień. Kierownikiem tych projektów był prof. dr. hab. Wiesław Prus-Głowacki (Zakład Genetyki, Instytut Biologii Eksperymentalnej Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu).

Wymiernym efektem realizacji powyższego zagadnienia jest opublikowanie trzech prac indeksowanych w JCR, trzech innych prac nieindeksowanych w JCR, dwóch rozdziałów w monografiach, ogłoszenie siedmiu referatów i prezentacja osiemnastu komunikatów posterowych na krajowych i międzynarodowych konferencjach naukowych (załącznik 6).

W ramach realizacji drugiego zagadnienia dotyczącego analizy struktury genetycznej samoodnawiającej się populacji sosny zwyczajnej (*Pinus sylvestris* L.) i świerka pospolitego (*Picea abies* L.) na terenie Puszczy Białowieskiej, ściśle współpracowałem w tym zakresie z dr hab. Aleksandrą Wojnicką-Półtorak i prof. UAM dr hab. Ewą Chudzińską z Zakładu Genetyki, Instytutu Biologii Eksperymentalnej Wydziału Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu. Do analizy struktury genetycznej sosny zwyczajnej i świerka pospolitego oraz charakterystyki zmian w tej strukturze wykorzystano bardzo obszerny materiał roślinny, podzielony na kilka klas wiekowych, różne typy markerów molekularnych oraz zaawansowane metody statystyczne.

Jako wykonawca aktywnie uczestniczyłem w realizacji dwóch projektów badawczych dotyczących tego tematu, których kierownikiem była dr hab. Aleksandra Wojnicka-Półtorak.

Wymiernym efektem realizacji powyższego zagadnienia jest opublikowanie sześciu publikacji naukowych indeksowanych w bazie JCR, oraz cztery komunikaty posterowe prezentowane na krajowych konferencjach naukowych (załącznik 6).

Od kilku lat zajmuję się także problematyką dotyczącą biologicznej odpowiedzi sosny zwyczajnej (*Pinus sylvestris* L.) i sosny czarnej (*P. nigra* Arn.) na zanieczyszczenia przemysłowe. Zagadnienie to realizuję wspólnie z prof. UAM dr hab. Ewą Chudzińską i dr hab. Aleksandrą Wojnicką-Półtorak (Zakład Genetyki, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu) oraz prof. dr hab. Jeanem Diattą (Zakład Biogeochemii Środowiska, Katedra Chemii Rolnej i Biogeochemii Środowiska, Wydział Rolnictwa i Bioinżynierii, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu). Wpływ różnych typów zanieczyszczeń przemysłowych na sosnę zwyczajną i sosnę czarną określany był przy użyciu metod biometrycznych, chemicznych i genetycznych. Analizowano m.in. wskaźnik asymetrii fluktuacyjnej igieł (FA, ang. fluctuating asymmetry) oraz polimorfizm markerów mikrosatelitarnych jądrowego DNA (SSR). Jako wykonawca aktywnie uczestniczyłem w realizacji trzech projektów badawczych związanych z tym tematem, których kierownikiem była prof. UAM dr hab. Ewa Chudzińska (załącznik 6).

Wymiernym efektem tej współpracy są dwie publikacje indeksowane w bazie JCR (w jednej z nich jestem autorem korespondencyjnym), rozdział w anglojęzycznej monografii pt.: „Heavy Metal Contamination of Soils. Monitoring and Remediation.”, wydanej w 2015 roku nakładem wydawnictwa Springer International Publishing, jeden referat oraz sześć komunikatów posterowych (w tym jeden nagrodzony na międzynarodowej konferencji w Lizbonie) prezentowanych na krajowych i międzynarodowych konferencjach naukowych (załącznik 6).

Do tej pory uczestniczyłem w dwudziestu jeden konferencjach krajowych, m.in. Zjazdach Polskiego Towarzystwa Botanicznego (2016, 2013, 2010), Polskim Kongresie Genetyki (2013, 2007), Biologia i Ekologia Roślin Drzewiastych (2018, 2013) i dziesięciu międzynarodowych, m.in.

Biological diversity – from cell to ecosystem – interdisciplinary study of genetic, pharmacological, and biological diversity. International Conference of the Polish Botanical Society (2017), *Ex situ* conservation of plants – problems and solutions. 2nd International Conference (2015), 7th International Workshop on Biomonitoring of Atmospheric Pollution (BIOMAP) (2015), International Conference „Biological Reactions of Forests to Climate Change and Air Pollution” (2012), 9th International Symposium on Chromatography of Natural Products (2014), 13th International Scientific Conference of PhD. Students and Young Scientists and Pedagogues (2012), IVth International Conference on Research and Education (2017) wygłaszając dziesięć referatów oraz prezentując trzydzieści jeden komunikatów posterowych.

Aktualnie rozszerzam swoje zainteresowania badawcze o nowe grupy organizmów jak i nowe problemy badawcze, tj. wpływ nikotyny i solaniny na modelowy organizm - muszki owocowej - temat realizowany wspólnie z prof. UAM dr hab. Ewą Chudzińską (Zakład Genetyki, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu) oraz dr hab. Zbigniewem Adamskim (Wydziałowa Pracownia Mikroskopii Elektronowej i Konfokalnej, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu) czy badania filogenetyczne przedstawicieli rodziny *Asparagaceae* prowadzone wspólnie z prof. UAM dr hab. Justyną Wiland-Szymańską (Ogród Botaniczny, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu; Zakład Taksonomii Roślin, Instytut Biologii Środowiska, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu) i prof. UAM dr hab. Mirosławą Dabert (Wydziałowa Pracownia Techniki Biologii Molekularnej, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu). Wyniki pierwszych, wstępnych badań były już prezentowane, m.in. na IVth International Conference on Research and Education (2017) oraz II Konferencji naukowej „Biologia i ekologia roślin drzewiastych” (2018) (załącznik 6).

Współpracowałem, bądź nadal współpracuję, z innymi naukowcami zarówno na poziomie Wydziału (Zakład Fizjologii Roślin, Zakład Taksonomii Roślin, Zakład Wirusologii, Wydziałowa Pracownia Techniki Biologii Molekularnej, Wydziałowa Pracownia Mikroskopii Elektronowej i Konfokalnej), Poznania (Ogród Botaniczny, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu; Katedra Botaniki Leśnej, Wydział Leśny, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu; Zakład Biogeochemii Środowiska, Katedra Chemii Rolnej i Biogeochemii Środowiska, Wydział Rolnictwa i Bioinżynierii, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu), Polski (Politechnika Łódzka, Politechnika Białostocka, Instytut Dendrologii Polskiej Akademii Nauk w Kórniku), jak i Europy (Czechy - Uniwersytet w Ostrawie; Słowacja - Uniwersytet Konstantyna Filozofa; Finlandia - Uniwersytet w Turku).

Jako kierownik, główny wykonawca, wykonawca lub opiekun naukowy kierownika projektu uczestniczyłem do tej pory w realizacji dziesięciu projektów badawczych (załącznik 6). Od listopada 2018 roku jestem opiekunem naukowym kierownika projektu w ramach „Diamentowego Grantu”.

Byłem członkiem Komitetu Organizacyjnego VI Warsztatów Naukowych Instytutu Biologii Eksperymentalnej Wydziału Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, które odbyły się w 2018 roku na terenie Ogrodu Botanicznego UAM w Poznaniu.

Aktywnie działałem w Konsorcjum Naukowym Genetyki Drzew Leśnych „DendroGen”. Na spotkaniu założycielskim tego Konsorcjum w 2011 roku na Uniwersytecie Kazimierza Wielkiego w Bydgoszczy, wygłosiłem referat, pt. „Charakterystyka zasobów genowych *Pinus mugo* Turra z Tatr pod kątem ich ochrony”.

Odbyłem trzy staże zagraniczne (w tym jeden długoterminowy finansowany z Narodowego Programu Stypendialnego Republiki Słowackiej) oraz jeden długoterminowy staż krajowy (6 miesięcy) w ramach programu Staż Sukcesem Naukowca (II Edycja) realizowanego przez Poznański Akademicki Inkubator Przedsiębiorczości.

Dwukrotnie, w latach 2013 i 2014, na zlecenie Parku Narodowego Gór Stołowych wykonywałem badania (ekspertyzy) genetyczne.

Regularnie pełnię funkcję recenzenta w renomowanych czasopismach naukowych tj. *Molecules*, *Systematics and Biodiversity*, *Genetica*, *Phytochemistry*, *Environmental Pollution*, *Environmental Science and Pollution Research*, *International Journal of Molecular Sciences*, *Silvae Genetica*, *Dendrobiology*, *Plants*. Do chwili obecnej wykonałem dziewiętnaście recenzji.

Od 2013 roku jestem członkiem Polskiego Towarzystwa Botanicznego.

## 6. Omówienie działalności dydaktycznej i popularyzatorskiej

Prowadziłem zajęcia dydaktyczne, dla studentów pierwszego i drugiego stopnia studiów stacjonarnych i niestacjonarnych, podyplomowych i doktoranckich, zarówno w języku polskim jak i angielskim. Na przestrzeni lat były to m.in.: a) ćwiczenia laboratoryjne z: Genetyki, Genetyki ogólnej, Podstaw genetyki, Genotoksykologii, Aspektów molekularnych w biologii eksperymentalnej, Immunologii, Botaniki sądowej; ćwiczenia komputerowe z: Genetyki populacji, Genetyki populacyjnej, Genetyki ogólnej i ekologicznej, Komputerowej analizy danych biologicznych; ćwiczenia z Genetyki populacji ludzkich, Ekologii organizmu i populacji, Ekologii molekularnej, Metod badań ekologicznych; b) wykłady monograficzne: „Geny pod ochroną”, „Kryminalne zagadki roślin”, „Wybrane zagadnienia z genetyki konserwatorskiej”; c) konwersatoria z Botaniki sądowej. Byłem koordynatorem czterech przedmiotów realizowanych na Wydziale Biologii UAM, tj. „Geny pod ochroną”, „Kryminalne zagadki roślin”, „Wybrane zagadnienia z genetyki konserwatorskiej” i „Botanika sądowa”. Opracowałem nowe materiały dydaktyczne dla kilku przedmiotów, tj.: Genotoksykologia, Genotoxicology, Instrumentation practice - molecular methods, „Geny pod ochroną”, „Kryminalne zagadki roślin”, „Wybrane zagadnienia z genetyki konserwatorskiej”, Botanika sądowa czy Aspekty molekularne w biologii eksperymentalnej.

Jestem współautorem przewodnika do ćwiczeń laboratoryjnych dotyczących podstaw genetyki pod redakcją prof. UAM dr hab. Ewy Chudzińskiej.

Pod moją opieką siedmioro studentów w ramach programu ERASMUS wykonywało jedno lub dwusemestralne projekty badawcze. Z kolei w ramach programu ERASMUS+ pod moim

kierunkiem staż absolwencki odbyła do tej pory jedna osoba. Byłem także opiekunem praktyk dla kilku studentów Wydziału Biologii UAM w Poznaniu.

Do chwili obecnej byłem promotorem pięciu prac licencjackich oraz czterech prac magisterskich zarówno w jednostce macierzystej (Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu), jak i zewnętrznej (Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu). Aktualnie pod moim kierunkiem wykonywana jest jedna praca licencjacka i jedna praca magisterska.

W 2016 roku zostałem powołany na promotora pomocniczego w przewodzie doktorskim mgr Hanny Kijak z Zakładu Genetyki, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu. Temat rozprawy doktorskiej: „Polimorfizm haplotypów chloroplastowego i mitochondrialnego DNA u wątrobowca *Marchantia polymorpha sensu lato*” (promotor prof. UAM Ireneusz Odrzykoski, Zakład Genetyki, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu).

Uczestnicząc w kursach i szkoleniach, tj. „Praktyczny e-learning w pracy dydaktycznej: metodyka i narzędzia”, „Podstawy filogenetyki molekularnej”, „Analiza statystyczna w genetyce populacji”, „Warsztaty komunikacji naukowej” czy „Infografika bez tajemnic – wizualizacja w procesie nauczania”, nieustannie podnoszę swoje kompetencje naukowe i dydaktyczne.

W konkursie Dziekana Wydziału Biologii UAM w Poznaniu na projekty badawcze dla doktorantów II roku studiów doktoranckich, zająłem II miejsce uzyskując finansowanie zgłoszonego projektu.

Za osiągnięcia naukowe i dydaktyczne otrzymałem dwie nagrody Rektora Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu.

Aktywnie działam na rzecz Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu i społeczności akademickiej. Zasiadałem w Sądzie Koleżeńskim I instancji przy Samorządzie Doktorantów UAM w Poznaniu. Byłem członkiem Rady Samorządu Doktorantów Wydziału Biologii UAM oraz Sejmiku Doktorantów UAM w Poznaniu (I kadencja). Obecnie od blisko dwóch kadencji jestem członkiem Rady Wydziału Biologii UAM i Rady Instytutu Biologii Eksperymentalnej Wydziału Biologii UAM oraz członkiem Komisji Wyborczej tegoż Instytutu. Byłem także członkiem Wydziałowego Kolegium Elektorów w trakcie ostatnich Wyborów Dziekana Wydziału Biologii UAM w Poznaniu. W 2007 i 2009 roku byłem protokolantem w trakcie publicznych obron dwóch rozpraw doktorskich: mgr. Tomasza Sternickiego – promotor prof. dr hab. Tomasz Szwaczkowski (Akademia Rolnicza im. Augusta Cieszkowskiego w Poznaniu, aktualnie Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu) oraz mgr Moniki Dragan (Stachowiak) – promotor prof. dr hab. Marek Światoński (Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu).

Czynnie promuję naukę, Wydział i Uniwersytet poprzez udział w wielu wydarzeniach, tj.: Poznański Festiwal Nauki i Sztuki, Noc Biologów, Fascynujący Świat Roślin czy Dni Akademickie. Brałem udział w programie akademickiego wsparcia szkolnego ruchu naukowego „Newton – też był uczniem”. Realizując dwa tematy wykładów: „Czy ewolucja zachodzi?” oraz „Dlaczego wyginęły dinozaury?” w roku szkolnym 2012/2013 odwiedziłem kilkanaście szkół w kilku

województwach. Na Drzwiach Otwartych Instytutu Biologii Eksperymentalnej Wydziału Biologii UAM w Poznaniu (2011) oraz na Drzwiach Otwartych Wydziału Biologii UAM w Poznaniu (2009) prezentowałem metody biologii molekularnej. W latach 2010, 2016 i 2018 wygłosiłem trzy wykłady dla Słuchaczy Uniwersytetu Trzeciego Wieku w Koninie. W ramach otwartych spotkań Oddziału Poznańskiego Polskiego Towarzystwa Botanicznego w 2015 roku wygłosiłem wykład, nt. „Wykorzystanie olejków eterycznych w badaniach taksonomicznych roślin”.



Podsumowując swój dotychczasowy dorobek naukowo-badawczy, dydaktyczny i popularyzatorski, byłem **kierownikiem i głównym wykonawcą jednego projektu badawczego**, finansowanego przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego, którego wyniki zostały opublikowane w formie **siedmiu artykułów naukowych indeksowanych w bazie JCR**, z których sześć stanowi moje osiągnięcie naukowe. Ponadto **jako współautor i wykonawca uczestniczyłem w realizacji dziewięciu innych projektów uczelnianych, międzyuczelnianych i krajowych. Jestem autorem siedemnastu indeksowanych w JCR publikacji naukowych**, trzech rozdziałów w monografiach oraz trzech innych publikacji nieindeksowanych. W swoich badaniach **stosuję zaawansowane techniki rozdzielcze** (sekwencjonowanie nowej generacji, chromatografia gazowa sprzężona ze spektrometrem mas, cytometria przepływowa) oraz analityczne (m.in. bioinformatyczne i statystyczne). **Odbyłem trzy staże zagraniczne i jeden krajowy. Byłem stypendystą Narodowego Programu Stypendialnego Republiki Słowackiej. Uczestniczyłem w dziesięciu konferencjach międzynarodowych i dwudziestu jeden krajowych, wygłaszając dziesięć referatów i prezentując trzydzieści jeden komunikatów posterowych. Byłem członkiem Komitetu Organizacyjnego VI Warsztatów Naukowych Instytutu Biologii Eksperymentalnej Wydziału Biologii UAM. Aktywnie działałem w Konsorcjum Naukowym Genetyki Drzew Leśnych „DendroGen”. Dwukrotnie wykonywałem ekspertyzy na zlecenie Parku Narodowego Gór Stołowych. Współpracuję z ośrodkami naukowymi zarówno w kraju, jak i za granicą. Prowadziłem zajęcia w języku polskim i angielskim dla studentów pierwszego i drugiego stopnia studiów stacjonarnych i niestacjonarnych, podyplomowych oraz doktoranckich. Byłem koordynatorem czterech przedmiotów realizowanych na Wydziale Biologii UAM. Do chwili obecnej wypromowałem dziewięciu dyplomantów (w tym czterech magistrów), zarówno w jednostce macierzystej (Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu), jak i zewnętrznej (Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu). Sprawowałem opiekę naukową nad kilkunastoma studentami realizującymi swoje praktyki, wykonującymi prace licencjackie, magisterskie oraz uczestnikami programów Erasmus i Erasmus+. Jestem współautorem przewodnika do ćwiczeń laboratoryjnych z podstaw genetyki oraz rozdziału w anglojęzycznej monografii dotyczącej zanieczyszczenia gleb metalami ciężkimi. Za osiągnięcia naukowe i dydaktyczne otrzymałem dwie nagrody Rektora Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu. Od lat aktywnie działam na rzecz Uniwersytetu i społeczności akademickiej, początkowo jako członek Rady Samorządu Doktorantów Wydziału Biologii UAM i Sejmiku Doktorantów UAM, a obecnie od blisko dwóch kadencji, jako członek Rady Wydziału Biologii, Rady Instytutu Biologii Eksperymentalnej oraz Komisji Wyborczej tegoż Instytutu. Od 2013 roku należę do Polskiego Towarzystwa Botanicznego a od 2016 roku pełnię funkcję promotora pomocniczego w przewodzie doktorskim. Aktualnie (od listopada 2018 roku) sprawuję funkcję opiekuna naukowego kierownika projektu w ramach „Diamantowego Grantu”. Regularnie pełnię funkcję recenzenta w renomowanych czasopismach naukowych o zasięgu międzynarodowym. Do tej pory wykonałem dziewiętnaście recenzji. Aktywnie promuję naukę poprzez udział w Poznańskim Festiwalu Nauki i Sztuki, Nocy Biologów, Fascynującym Świecie Roślin, Drzwiach Otwartych, Dniach Akademickich czy wykładach dla Uniwersytetu Trzeciego Wieku. Uczestniczę w kursach i szkoleniach, nieustannie podnosząc swoje kompetencje naukowe i dydaktyczne.**

Syntetyczne zestawienie mojego dorobku naukowego zawiera Tabela 1.

Tabela 1. Zestawienie dorobku naukowego habilitanta na dzień 27-02-2019

Rodzaj aktywności	Przed doktoratem	Po doktoracie	Łącznie
Prace oryginalne w czasopismach indeksowanych w bazie JCR:	1	16*	17
Prace oryginalne w czasopismach nieindeksowanych w bazie JCR	2	1	3
Rozdziały w monografiach	0	3	3
Referaty wygłoszone na konferencjach	1	9	10
Komunikaty posterowe	6	26	32
Projekty (kierownik, opiekun naukowy kierownika projektu)	1	2	3
Projekty (wykonawca)	6	3	9
Recenzje publikacji	0	19	19
Wypromowani dyplomanci	0	9	9
Sumaryczny IF wg JCR	1,09	17,48	18,57
Sumaryczny IF <sub>5Y</sub> wg JCR	1,63	20,71	22,34
Sumaryczna punktacja MNiSW <sub>2017</sub>	25	355	380
Indeks Hirscha wg WoS/Scopus/Google Scholar	6/6/7		
Łączna liczba cytowań wg WoS/Scopus/Google Scholar	83/93/126		

\*uwzględniono pracę - DOI: 10.2478/s11756-019-00201-6, opublikowaną online 27-02-2019

28. 02. 2019r.  
Konrad Celiński