

1. Imię i nazwisko.

Agnieszka Kielbowicz-Matuk (z d. Kielbowicz)

2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe/ artystyczne – z podaniem nazwy, miejsca i roku ich uzyskania oraz tytułu rozprawy doktorskiej.

- Dyplom magistra biologii, specjalność – biologia molekularna (28.06.2001 r.); Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu. Praca magisterska pt.: „Przygotowanie konstruktów zawierających dwa geny *CP PPV* o przeciwnych orientacjach oraz selekcyjny gen *SAP*”, wykonana pod kierunkiem dr. Wojciecha G. Musiała w Zakładzie Biochemii Biopolimerów Wydziału Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu.
- Dyplom doktora nauk rolniczych, dyscyplina – agronomia (08.02.2006 r.); Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu. Rozprawa doktorska pt.: „Określenie zależności pomiędzy ekspresją genów kodujących cyklofilinę i białko transportujące tłuszcze a indukcją odporności *Solanum sogarandinum* na zamrażanie”, wykonana pod kierunkiem prof. dr. hab. Tadeusza Rorata.
- Świadectwo ukończenia studiów podyplomowych na kierunku MENADŻER PROJEKTU BADAWCZO-ROZWOJOWEGO (06.11.2011 r.); Wyższa Szkoła Bankowa w Poznaniu.

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

- 01.2017 - obecnie – asystent w Zakładzie Biologii Stresów Środowiskowych Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu
- 03.2006-12.2016 – adiunkt w Pracowni Genomiki Funkcjonalnej (od 01.01.2013 r. Zakład Biologii Stresów Środowiskowych) Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu
- 02.2006-03.2006 – asystent w Pracowni Genomiki Funkcjonalnej Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu
- 10.2001-01.2006 – słuchacz studium doktoranckiego przy Wydziale Biologii UAM w Poznaniu, wykonanie pracy doktorskiej w Pracowni Genomiki Funkcjonalnej Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu

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. Nr 65, poz. 595 ze zm.).

a) tytuł osiągnięcia naukowego / artystycznego

Białka zawierające domenę palca cynkowego typu B-box – mechanizm regulacji ekspresji genu *BBX24* w cyklu okołodobowym podczas rozwoju oraz w warunkach stresowych u gatunków *Solanum* (*S. tuberosum* i *S. soganandinum*)

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

- * autor korespondencyjny
- wartość IF (*Impact Factor*) wg JCR dla prac opublikowanych przed 2017 rokiem podano zgodnie z rokiem ich opublikowania; w przypadku prac opublikowanych w roku 2017 podano dostępny IF z roku 2016;
- punktację MNiSW dla poszczególnych publikacji podano wg wykazu uaktualnionego w 2016 r.;

P1. Kielbowicz-Matuk A* (2012) Involvement of plant C2H2-type zinc finger transcription factors in stress responses. *Plant Science* 185-186, 78-85. [IF₂₀₁₂ = 2.922; MNiSW₂₀₁₆ = 30].

P2. Kielbowicz-Matuk A*, Czarnecka J (2014) Interplays of plant circadian clock and abiotic stress response network. *Emerging Technologies and Management of Crop Stress Tolerance*, 1st Edition. Volume 1-Biological Techniques. Chapter 20, 487-506, Elsevier. [IF₂₀₁₄ = 0; MNiSW₂₀₁₆ = 0].

P3. Kielbowicz-Matuk A*, Rey P, Rorat T (2014) Interplay between circadian rhythm, time of the day and osmotic stress constraints in the regulation of the expression of a *Solanum* Double B-box gene. *Annals of Botany* 113, 831-842. [IF₂₀₁₄ = 3.2995; MNiSW₂₀₁₆ = 40].

P4. Talar U, Kielbowicz-Matuk A*, Czarnecka J, Rorat T (2017) Genome-wide survey of B-box proteins in potato (*Solanum tuberosum*) – identification, characterization and expression patterns during diurnal cycle, etiolation and deetiolation. *PLOS ONE* 12, e0177471. [IF₂₀₁₆ = 2.806; MNiSW₂₀₁₆ = 35].

P5. Kielbowicz-Matuk A*, Czarnecka J, Banachowicz E, Rey P, Rorat T (2017) *Solanum tuberosum* ZPR1 encodes a light-regulated nuclear DNA-binding protein adjusting the circadian expression of StBBX24 to light cycle. *Plant, Cell and Environment* 40, 424-440. [IF₂₀₁₆ = 6.173; MNiSW₂₀₁₆ = 45].

Sumaryczny Impact Factor: 15.2005

Łączna liczba punktów MNiSW: 150

Opis indywidualnego wkładu habilitanta w powstanie każdej z wieloautorskich publikacji znajduje się w **Załączniku nr 4** i **Załączniku nr 5** pt.: „Wykaz opublikowanych prac naukowych oraz informacja o osiągnięciach dydaktycznych, współpracy naukowej i popularyzacji nauki” (wersja w języku polskim i języku angielskim).

Oświadczenia współautorów określające indywidualny wkład każdego z nich w powstanie poszczególnych publikacji, wchodzących w skład osiągnięcia naukowego, znajdują się w **Załączniku nr 6**.

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

WSTĘP

Wzrost i rozwój roślin jest wynikiem współdziałania czynników zewnętrznych takich jak światło, długość fotoperiodu, temperatura, dostępność wody i soli mineralnych oraz wewnętrznych takich jak regulatory wzrostu, hormony oraz zegar biologiczny (okołodobowy). Współdziałanie pomiędzy tymi czynnikami jest niezbędne aby roślina rozwijała się prawidłowo.

Większość procesów zachodzących w organizmach żywych zmienia się w sposób cykliczny. Rytmiczny przebieg zjawisk jest wynikiem wykształconej w toku ewolucji adaptacji organizmów do cyklicznie zmieniających się warunków panujących na Ziemi (Zawilska i Nowak, 2006). Podczas gdy obrót Ziemi dookoła własnej osi wyznacza 24-godzinny rytm składający się z fazy jasnej i ciemnej, ruch obiegowy Ziemi wokół Słońca w powiązaniu z nachyleniem osi do płaszczyzny orbity tego ruchu warunkuje następstwo klimatycznych pór roku. Większość organizmów żywych dostosowała swój cykl życiowy do zmian zachodzących w cyklu okołodobowym i do okresowych zmian długości fotoperiodu (Uliczka i Gruszka, 2010). U roślin, synchronizacja cyklu rozwojowego z cyklicznymi zmianami w środowisku osiągnięta jest w wyniku wykształcenia endogennego mechanizmu zegara biologicznego (ang. *circadian clock*), który generuje rytmy o okresie ~ 24-godzinnym. Zegar biologiczny koordynuje różne procesy życiowe zachodzące na poziomie fizjologicznym, metabolicznym i molekularnym, dopasowując je do dziennych oraz sezonowych zmian w środowisku (**Kielbowicz-Matuk i Czarnecka, 2014 – P2**). Model opisujący działanie zegara okołodobowego obejmuje ścieżkę wejścia, centralny oscylator oraz ścieżkę wyjścia. Ścieżkę wejścia stanowią receptory, które odbierają sygnały pochodzące ze

środowiska, takie jak światło i temperatura. U roślin zidentyfikowano kilka grup fotoreceptorów, które pochłaniają fale świetlne różnej długości. Należą do nich fitochromy, które absorbują światło czerwone ($\lambda_{max} \approx 660$ nm) i daleką czerwień ($\lambda_{max} \approx 730$ nm), fototropiny pochłaniające światło niebieskie ($\lambda_{max} \approx 490$ nm) i UV-A oraz kryptochromy i receptory zawierające domenę LOV pochłaniające światło niebieskie. Centralny oscylator pełni funkcję nadrzędną w mechanizmie zegara okołodobowego, albowiem synchronizuje sygnały pochodzące ze środowiska z wewnętrznymi ścieżkami regulacyjnymi. Centralny oscylator składa się z transkrypcyjno-translacyjnych pętli działających głównie na zasadzie ujemnego sprzężenia zwrotnego (Hsu i in., 2014). Interakcje genów *CCA1* (ang. *CIRCADIAN CLOCK-ASSOCIATED 1*), *LHY* (ang. *LATE ELONGATED HYPOCOTYL*) i *TOC1* (ang. *TIMING OF CAB EXPRESSION 1; PRR1*) stanowią podstawę głównego sprzężenia zwrotnego. Geny *CCA1* i *LHY* kodują białka należące do rodziny czynników transkrypcyjnych typu MYB-like. Ekspresja genów *CCA1* i *LHY* jest największa o świcie. W tym czasie białka CCA1/LHY wiążą się z promotorem genu *TOC1* i hamują jego ekspresję. Biorąc pod uwagę, że białko TOC1 jest głównym aktywatorem ekspresji genów *CCA1* i *LHY*, stopniowy spadek akumulacji białka TOC1 prowadzi do obniżenia poziomu białek CCA1 i LHY, a w konsekwencji do zniesienia represji ekspresji genu *TOC1* i wznowienia cyklu. Przynajmniej dwie dodatkowe pętle są powiązane ze sprzężeniem zwrotnym genów *CCA1*, *LHY* i *TOC1* (*PRR1*). Elementami tych pętli są geny kodujące białka represorowe, takie jak *PRR7* i *PRR9* (ang. *PSEUDO RESPONSE REGULATOR 7 i 9*), których ekspresja jest indukowana o świcie, gen kodujący białko represorowe, którego ekspresja jest indukowana w południe tj. *PRR5* (ang. *PSEUDO RESPONSE REGULATOR 5*) oraz geny należące do „kompleksu wieczornego” (ang. *Evening Complex, EC*), włączając gen *LUX* (ang. *LUX ARRHYTHMO*), *ELF3* i *ELF4* (ang. *EARLY FLOWERING 3 i 4*) oraz *GI* (ang. *GIGANTEA*) (Nakamichi i in., 2010; Herrero i in., 2012; Farré i Liu, 2013). Podczas gdy represory *PRR5*, *PRR9* i *PRR7* hamują ekspresję genów *CCA1* i *LHY* w ciągu dnia (Greenham i McClung, 2015), białko TOC1 (*PRR1*) pełni funkcję wieczorem. Celem wznowienia kolejnego cyklu, musi nastąpić wyłączenie ekspresji genów kodujących represory *PRR*. Ekspresja genu *PRR9* jest wyłączana wieczorem przez białka kompleksu *EC*. W hamowaniu ekspresji genu *PRR9* bierze również udział białko TOC1 (*PRR1*), które jest także inhibitorem genu *PRR7* oraz genów kompleksu *EC*. Ponadto, dwa dodatkowe białka *ZEITLUPE* (*ZTL*) i *GI* (*GIGANTEA*) są niezbędne dla właściwego działania centralnego oscylatora. Białko *ZTL* tworzy kompleks z białkiem *GI*, który oddziałuje z białkiem TOC1 (*PRR1*) i *PRR5* prowadząc do ich ubiquitynacji, a następnie proteasomalnej degradacji (Baudry i in., 2010). Sygnały wyjściowe

generowane przez centralny oscylator prowadzą do tworzenia rytmów poprzez regulację ekspresji genów, których produkty białkowe są zaangażowane w liczne procesy u roślin, włączając ruchy liści, otwieranie szparek, fotosyntezę, wzrost hipokotyła, rozwój wegetatywny, czas kwitnienia i odpowiedź na działanie stresów biotyczny i abiotyczny (Gardner i in., 2006; Sanchez i in., 2011; Goodspeed i in., 2012; Lai i in., 2012; Shin i in., 2012; **Kielbowicz-Matuk i Czarnecka, 2014 – P2**). Precyzyjne działanie mechanizmu zegara okołodobowego jest bardzo ważne dla właściwego funkcjonowania organizmu. Ponieważ ekspresja prawie 1/3 genów u *Arabidopsis thaliana* jest kontrolowana na poziomie transkryptu przez zegar okołodobowy, można przypuszczać, że zegar jest potencjalnym regulatorem rytmów okołodobowych prawie wszystkich procesów zachodzących w roślinie (Covington i in., 2008; Doherty i Kay, 2010).

Wiele genów, których ekspresja podlega okołodobowej regulacji, koduje białka zawierające domenę palca cynkowego typu B-box należące do rodziny białek B-box (obecnie nazywanej BBX, Khanna i in., 2009). Palec cynkowy składa się z dwóch antyrównoległych β -karderek i jednej α -helisy (**Kielbowicz-Matuk, 2012 – P1**). Wysoce zachowawcze reszty cysteiny i/lub histydyny koordynują atom cynku (Zn^{2+}), co nadaje domenie białkowej określony kształt i orientację przestrzenną. Obecność jonów Zn^{2+} jest bardzo ważna dla stabilności całej domeny. Biorąc pod uwagę liczbę i rozmieszczenie aminokwasów uczestniczących w koordynacyjnym wiązaniu atomu cynku, u roślin wyodrębniono kilka klas domen palca cynkowego: C_2H_2 , C_2HC , C_2HC_5 , C_3HC_4 , $CCCH$, C_4 , C_4HC_3 i C_6 . Wśród nich najlepiej poznana jest klasa C_2H_2 , w której ligandami cynku są dwie cysteiny i dwie histydyny (**Kielbowicz-Matuk, 2012 – P1**). Białka z domeną palca cynkowego C_2H_2 są zaangażowane zarówno w procesy rozwojowe, jak i w regulację odpowiedzi na stresse biotyczne i abiotyczne (**Kielbowicz-Matuk, 2012 – P1**).

Dane literaturowe wskazują, że roślinne białka zawierające palce cynkowe typu B-box mogą uczestniczyć w oddziaływaniach białko-białko (Torok i Edtkin, 2001) i białko-DNA. Rodzina białek BBX składa się z 32 członków u *Arabidopsis thaliana* (Khanna i in., 2009), 30 członków u *Oryza sativa* (Huang i in., 2012) i *Solanum tuberosum* (**Talar i in., 2017 – P4**) oraz 29 członków u *Solanum lycopersicum* (Chu i in., 2016). Pod względem budowy i przypuszczalnie pełnionych funkcji roślinne białka zawierające palce cynkowe typu B-box stanowią bardzo zróżnicowaną grupę białek. Biorąc pod uwagę występowanie w cząsteczce białka domeny B-box i CCT (ang. *CONSTANS*, *CO-like*, *TIMING OF CAB1: TOC1*), jak również liczbę domen B-box: B-box 1 (B1) i B-box 2 (B2), wyodrębniono pięć grup strukturalnych roślinnych białek BBX. U *Arabidopsis thaliana* grupa I składa się z sześciu

członków (BBX1-BBX6) zawierających dwie domeny B-box (B1, B2) i domenę CCT. Grupa II składa się z siedmiu członków (BBX7-BBX13) zawierających dwie domeny B-box (B1, B2) i domenę CCT, przy czym od grupy I odróżnia ją niskie podobieństwo sekwencji aminokwasowej w obrębie domeny B2. Reprezentantami grupy III są białka BBX14-BBX17 zawierające jedną domenę B-box (B1) i domenę CCT. Grupa IV (BBX18-BBX25) charakteryzuje się obecnością dwóch domen B-box (B1 i B2) oraz brakiem domeny CCT na końcu karboksylowym. Natomiast grupa V składa się z siedmiu białek (BBX25-BBX32) zawierających tylko jedną domenę B-box (B1) (Chang i in., 2008; Gangappa i Botto, 2014).

Białka BBX odgrywają ważną rolę w regulacji procesów indukowanych światłem, takich jak fotomorfogeneza (Datta i in., 2006, 2007, 2008; Indorf i in., 2007; Chang i in., 2008; Khanna i in., 2009; Holtan i in., 2011; Fan i in., 2012; Gangappa i in., 2013), unikanie cienia (Crocco i in., 2010, 2011; Gangappa i in., 2013), fotoperiodyczna regulacja kwitnienia (Wenkel i in., 2006; Valverde, 2011). Uczestniczą również w odpowiedzi rośliny na działanie stresowych czynników środowiska (Lippuner i in., 1996; Nagaoka i Takano, 2003; Huang i in., 2012; Wang i in., 2013; **Kielbowicz-Matuk i in., 2014 – P3**).

CEL NAUKOWY I OSIĄGNIĘTE WYNIKI

Jednym z głównych kierunków badań prowadzonych obecnie w Zespole Regulacji Ekspresji Genów jest **poznanie biologicznej funkcji białek zawierających palce cynkowe typu B-box w procesach regulowanych przez światło i zegar biologiczny.**

W przeprowadzonych badaniach (**Talar i in., 2017 – P4**) zidentyfikowano 30 różnych genów *BBX* w genomie *Solanum tuberosum*, odm. Desiree kodujących białka zawierające domeny palca cynkowego typu B-box, a następnie dokonano ich charakterystyki pod względem właściwości strukturalnych oraz profili ekspresji w cyklu okołodobowym oraz w warunkach etiolacji/de-etiolacji. Biorąc pod uwagę liczbę domen B-box i obecność domeny CCT wyodrębniono pięć grup strukturalnych białek należących do rodziny BBX. Dodatkowo w obrębie tych grup dokonano klasyfikacji białek pod względem długości sekwencji aminokwasowej i występowania motywu VP (walina-prolina). Bazując na podobieństwie filogenetycznym białka *StBBX* podzielono na pięć grup filogenetycznych (A-E). Co ciekawe, zaobserwowano wysokie podobieństwo w obrębie grup wyodrębnionych w oparciu o analizę strukturalną i filogenetyczną.

W celu wykazania, które geny *StBBX* podlegają okołodobowej regulacji, została przeprowadzona analiza ich ekspresji w fazie jasnej i ciemnej cyklu okołodobowego u roślin

S. tuberosum, odm. Desiree rosnących w fitotronie przy 14-godzinnym fotoperiodzie (14 godz. światło / 10 godz. ciemność) oraz 24-godzinnym świetle przez 42 godziny (Talar i in., 2017 – P4). Szczegółowa analiza ekspresji genów *StBBX* w fazie jasnej i ciemnej cyklu okołodobowego ujawniła, że większość genów *StBBX* wykazuje 24-godzinną periodyczność poziomu ekspresji, jednakże faza i amplituda rytmu są różne dla poszczególnych genów *BBX*. Biorąc pod uwagę zależność ekspresji genów *StBBX* od fazy świetlnej i ciemnej cyklu okołodobowego, wyodrębniono kilka wzorów ekspresji genów *StBBX*: trzy specyficzne dla fazy jasnej z maksimum ekspresji po 1, 6 lub 12 godzinach od zapalenia światła oraz dwa specyficzne dla fazy ciemnej z maksimum ekspresji po 4 lub 10 godzinach od wyłączenia światła. Ponadto badania wykazały, że ekspresja ośmiu genów, takich jak *StBBX1*, *StBBX4*, *StBBX9*, *StBBX14*, *StBBX16*, *StBBX20*, *StBBX21* i *StBBX25* jest kontrolowana przez zegar okołodobowy, albowiem ekspozycja roślin w 24-godzinnym świetle nie zmienia okołodobowej oscylacji transkryptu obserwowanej w cyklu dzień/noc. Ponieważ ekspresja genów *StBBX* zachodzi na różnych etapach rozwoju wegetatywnego i generatywnego można przypuszczać, że białka BBX pełnią funkcje regulacyjne w fazie jasnej lub ciemnej cyklu okołodobowego na różnych etapach rozwoju rośliny.

Zależność ekspresji genów *StBBX* od fazy ciemnej lub świetlnej cyklu okołodobowego sugeruje, że ekspresja genów *StBBX* jest związana z procesami prowadzącymi do etiolacji (skotomorfogenezy) lub de-etiolacji (tj. z uruchomieniem procesów fotomorfogenezy). Analiza profili ekspresji genów *StBBX* u roślin *S. tuberosum*, odm. Desiree rosnących w ciemności przez cztery dni, a następnie przy 14-godzinnym fotoperiodzie pozwoliła wyodrębnić geny specyficzne dla procesu etiolacji i specyficzne dla procesu deetiolacji (Talar i in., 2017 – P4). Uzyskane dane stanowią ważną perspektywę badań nad wyjaśnieniem funkcji białek BBX w procesach rozwoju zależnych od fazy świetlnej i ciemnej cyklu okołodobowego.

Jednym z białek należących do rodziny *StBBX*, które jest przedmiotem moich wieloletnich badań jest białko określone symbolem BBX24 (Kielbowicz-Matuk i in., 2014 – P3). W oparciu o aktualną klasyfikację białek *StBBX* u *Solanum tuberosum* (Talar i in., 2017 – P4) białku BBX24 przypisano nazwę BBX20.

Gen *BBX24* został wyizolowany z nieuprawnego gatunku *Solanum soganandinum* w badaniach nad mechanizmami adaptacji roślin do zmiennych warunków środowiska (Kielbowicz-Matuk i in., 2007). Porównanie sekwencji aminokwasowej białka BBX24 z *S. soganandinum* do sekwencji białek pochodzących z innych gatunków roślin wyższych

ujawniło, że analizowane białko wykazuje najwyższe podobieństwo do białka BBX24 z *Solanum tuberosum* i *Solanum lycopersicum* (99 i 97 % podobieństwa) oraz do białek BBX24 i BBX25 z *Arabidopsis thaliana*, (59 i 58 % podobieństwa). Na tej podstawie ustalono również przynależność białka BBX24 do grupy białek z rodziny BBX i podrodziny DBB (ang. *Double B-box*), których cechą charakterystyczną jest obecność dwóch, ułożonych tandemowo motywów palcy cynkowych zlokalizowanych na końcu aminowym oraz brak motywu CCT na końcu karboksylowym cząsteczki białka.

Jak dotychczas, **funkcja biologiczna białka BBX24 u gatunków *Solanum*** oraz białek homologicznych u *Arabidopsis thaliana* (BBX24 i BBX25) **nie została poznana ani w procesach kontrolowanych przez zegar okołodobowy, ani w reakcji roślin na stresy**. W początkowych badaniach (Kielbowicz-Matuk i in., 2014 – P3) zamierzałam określić **związek między zegarem okołodobowym a ekspresją genu *BBX24* w warunkach optymalnych dla wzrostu roślin**. Wykazałam, że w warunkach normalnego wzrostu ekspresja genu *BBX24* zarówno na poziomie transkrypty, jak i białka jest zależna od cyklu okołodobowego. Najwyższy poziom transkrypty i białka BBX24 obserwowano w fazie jasnej cyklu okołodobowego natomiast najniższy w fazie ciemnej. Ekspozycja roślin przez 24 godziny na świetle lub w ciemności nie zmienia okołodobowej oscylacji genu *BBX24* obserwowanej w cyklu dzień/noc.

Wstępne badania nad określeniem potencjalnej funkcji białka BBX24 zmierzały do określenia jego wewnątrzkomórkowej lokalizacji. Wykazałam, że białko BBX24 jest zlokalizowane zarówno w jądrze, jak i cytozolu komórki w organach roślin obu gatunków *Solanum*, przy czym obserwuje się zależną od światła dystrybucję białka BBX24 pomiędzy cytozolem i jądrem komórki. Przy 24-godzinnym cyklu świetlnym dystrybucja białka BBX24 wewnątrz komórki ulega zmianom. Najwyższy poziom białka BBX24 w jądrze stwierdzono na początku fazy jasnej. Dłuższa ekspozycja roślin na świetle prowadzi do obniżenia poziomu białka BBX24 w jądrze i wzrostu w cytozolu (Kielbowicz-Matuk i in., 2014 – P3).

W badaniach nad funkcją białka BBX24 u gatunków *Solanum* w dalszej kolejności zamierzałam zidentyfikować czynnik transkrypcyjny (bądź czynniki transkrypcyjne), który reguluje ekspresję genu *BBX24* w cyklu okołodobowym (Kielbowicz-Matuk i in., 2017 – P5).

W tym celu wyizolowałam rejon promotorowy genu *BBX24* o długości 1800 pz przy użyciu Universal Genome Walker™ Kit (Clontech), a następnie przeprowadziłam analizę bioinformatyczną rejonu promotorowego pod kątem występowania w nim różnych sekwencji

cis-regulatorowych. Jedną ze zidentyfikowanych sekwencji był *cis*-element „CAACAGCATC”, którego obecność stwierdzono w promotorach wielu genów podlegających regulacji przez zegar okołodobowy. Zidentyfikowany element określiłam terminem „CIRC” (ang. *circadian regulated*). Dla izolacji czynnika transkrypcyjnego, który wiąże się do sekwencji *cis*-regulatorowej „CIRC” w promotorze genu *BBX24* i kontroluje jego ekspresję w fazie jasnej cyklu okołodobowego, zastosowałam jednohybrydowy system drożdżowy (Clontech). Bibliotekę cDNA przygotowałam na matrycy komórkowego RNA izolowanego z liści *Solanum tuberosum* w czasie kiedy poziom ekspresji genu *BBX24* jest najwyższy, tj. 8 godzin po zapaleniu światła. Przeszukiwanie biblioteki cDNA w kierunku oddziaływań białko-DNA w wyniku kotransformacji i *in vivo* homologicznej rekombinacji pomiędzy liniowaną formą wektora drożdżowego a szczepem reporterowym zawierającym wyselekcjonowaną sekwencję „*cis*”, a następnie selekcja kolonii drożdżowych po transformacji na pożywce z aureobazydyną pozwoliła zidentyfikować gen, określony symbolem *StZPR1*. Gen *StZPR1* koduje białko homologiczne do białek należących do rodziny palcy cynkowych typu C₄. Analiza profilu ekspresji genu *StZPR1* na poziomie transkrypty i białka w cyklu okołodobowym wykazała, że ekspresja genu *StZPR1* jest regulowana przez światło, natomiast nie podlega okołodobowej regulacji. Wewnątrzkomórkowa lokalizacja białka StZPR1 ujawniła, że jest ono zlokalizowane we frakcji chromatynowej jądra komórkowego. Dla potwierdzenia oddziaływania białka StZPR1 w warunkach *in vitro* z sekwencją *cis*-regulatorową związaną z okołodobową regulacją ekspresji genu *BBX24*, zastosowałam technikę EMSA (ang. *electrophoretic mobility shift assay*, test przesunięcia ruchliwości elektroforetycznej), a w warunkach *in vivo* jednohybrydowy system drożdżowy. Z kolei, w celu zidentyfikowania rejonu w białku StZPR1 wiążącego się do motywu „CIRC”, na wstępie został opracowany model struktury drugo- i trzeciorzędowej białka StZPR1. Modelowanie molekularne wykazało, że białko zbudowane jest z dwóch domen: ZPR1.1 i ZPR1.2 połączonych długim łącznikiem. Każda z domen zawiera motyw palca cynkowego zlokalizowany na jej końcu aminowym oraz rejon zbudowany z pięciu antyrównoległych struktur β i trzech helis α , określony terminem „modułu” zlokalizowany na końcu karboksylowym. Co więcej, w oparciu o model struktury trzeciorzędowej wyznaczono aminokwasy, które mogą potencjalnie wiązać się do DNA. Wykazano, że są one zlokalizowane w rejonie pierwszej i drugiej domeny ZPR. Dla potwierdzenia, który rejon w białku StZPR1 wiąże się do motywu „CIRC” w warunkach *in vivo*, przygotowałam cztery skrócone formy białka StZPR1 pozbawione różnych rejonów, a następnie analizowałam ich wiązanie do motywu „CIRC” przy użyciu jednohybrydowego systemu drożdżowego. Badania

wykazały, że w oddziaływaniu StZPR1 z motywem „CIRC” zasadniczą rolę odgrywają obie domeny ZPR, podczas gdy koniec aminowy i karboksylowy cząsteczki białka nie ma wpływu na wiązanie z DNA. Uzyskane dane potwierdziły, że białko StZPR1 jest czynnikiem transkrypcyjnym regulującym ekspresję genu *BBX24*.

Biorąc pod uwagę, że zidentyfikowany czynnik transkrypcyjny StZPR1 jest nowym białkiem należącym do rodziny palca cynkowego typu C4, który nie został dotąd scharakteryzowany u roślin, **w dalszych badaniach zmierzałam poznać rolę jaką białko StZPR1 pełni w okołodobowej regulacji ekspresji genu *BBX24*** u ziemniaka uprawnego *Solanum tuberosum* (Kielbowicz-Matuk i in., 2017 – P5). W tym celu zostały przygotowane rośliny transgeniczne *S. tuberosum*, odm. Desiree z wyłączoną ekspresją genu *StZPR1* przy zastosowaniu konstruktów zawierających prekursorowe sztuczne mikroRNA. Biorąc pod uwagę fakt, że uprawne odmiany ziemniaka są autotetraploidalne, w pierwszej fazie została przeprowadzona identyfikacja czterech form allelicznych genu *StZPR1*. Dla zaprojektowania sztucznych amiRNA zostały wybrane rejony nie wykazujące polimorfizmu. Analizę molekularną transformantów uzyskanych w wyniku niezależnej transformacji czterema konstruktami zawierającymi różne amiRNA względem wydajności wyciszenia ekspresji genu *StZPR1* przeprowadzono na poziomie transkrypcyjnym metodą qRT-PCR i białka metodą Western blot przy użyciu specyficznego przeciwciała skierowanego na białko StZPR1. Badania z zastosowaniem dwóch linii transgenicznych z wyłączoną ekspresją genu *StZPR1* wykazały, że w roślinach transgenicznych następuje zakłócenie okołodobowej oscylacji genu *BBX24* zarówno na poziomie transkrypty, jak i białka. Badania ujawniły, że maksymalna akumulacja transkrypty i białka *BBX24* następuje pod koniec fazy jasnej cyklu okołodobowego, a tym samym jest przesunięta o cztery godziny w porównaniu do maksimum ekspresji genu *BBX24* u roślin typu dzikiego (nietransformowanych).

W celu identyfikacji u *S. tuberosum* innych genów, których ekspresja może być regulowana przez czynnik transkrypcyjny StZPR1 (Kielbowicz-Matuk i in., 2017 – P5) została przeprowadzona metaanaliza danych dostępnych w bazach. Spośród kilku wyselekcjonowanych genów, do badań wybrałam te, u których w rejonie promotorowym występowała sekwencja „CIRC” związana z okołodobową regulacją. Badania wykazały, że w roślinach transgenicznych z wyłączoną ekspresją genu *StZPR1* następuje również zakłócenie okołodobowej oscylacji innych genów *StBBX*, takich jak *StBBX5*, *StBBX9*, *StBBX18* i *StBBX27*.

Biorąc pod uwagę fakt, że roślinne białka zawierające palce cynkowe typu B-box mogą uczestniczyć w odpowiedzi roślin na działanie stresowych czynników środowiska, **w moich badaniach zamierzałam również określić związek między regulowaną przez zegar okołodobowy ekspresją genu *BBX24* a odpowiedzią gatunków *Solanum* na abiotyczne czynniki stresowe prowadzące do dehydratacji komórek.**

W tym celu ekspresję genu *BBX24* analizowałam w różnych organach u gatunków *S. soganandinum* i *S. tuberosum* pod wpływem chłodu, suszy, zasolenia i stres osmotycznego (PEG). Wzrost akumulacji transkryptu i białka *BBX24* obserwowałam w szczytowych częściach pędów i liściach młodych u obu gatunków *Solanum* poddanych działaniu 0.2 M NaCl i stresu osmotycznego (PEG). Warty podkreślenia jest fakt, że akumulacja transkryptu *BBX24* w szczytowych częściach pędów i młodych liściach u gatunków *Solanum* pod wpływem zasolenia była zależna od czasu rozpoczęcia poddawania roślin działaniu stresu solnego, co wskazuje, iż zegar biologiczny „bramkuje” indukowaną zasoleniem ekspresję genu *BBX24*. Tymczasem pod wpływem chłodu i deficytu wody nie obserwowałam zmian w poziomie ekspresji genu *BBX24* w analizowanych organach u obu gatunków (**Kielbowicz-Matuk i in., 2014 – P3**).

Ponadto, jak wskazałam wcześniej, w warunkach optymalnych dla wzrostu zawartość transkryptu i białka *BBX24* w komórce podlega okołodobowej regulacji, z maksimum zawartości w fazie jasnej i minimum w fazie ciemnej cyklu okołodobowego. Tymczasem, badania wykazały, że niska temperatura, zasolenie i stres osmotyczny (PEG) modyfikują okołodobową regulację genu *BBX24*. W tych warunkach stresowych nie obserwowałam obniżenia zawartości białka *BBX24* w fazie ciemnej (**Kielbowicz-Matuk i in., 2014 – P3**).

Najważniejsze osiągnięcia poznawcze prowadzonych badań:

- identyfikacja i charakterystyka 30 różnych genów *BBX* w genomie *Solanum tuberosum*, odm. Desiree, kodujących białka zawierające domeny palca cynkowego typu B-box (**Talar i in., 2017**),
- klasyfikacja 30 genów *StBBX* pod względem profili ekspresji w cyklu okołodobowym oraz w warunkach etiolacji/de-etiolacji (**Talar i in., 2017**),
- wykazanie, że w warunkach normalnego wzrostu ekspresja genu *BBX24* zarówno na poziomie transkryptu, jak i białka jest zależna od cyklu okołodobowego, przy czym

- najwyższy poziom transkryptu i białka BBX24 obserwuje się w fazie jasnej cyklu okołodobowego natomiast najniższy w fazie ciemnej (**Kielbowicz-Matuk i in., 2014**),
- wykazanie, że w okołodobowej regulacji ekspresji genu *BBX24* uczestniczy czynnik transkrypcyjny typu palca cynkowego, określony terminem StZPR1. Czynnik StZPR1, przyłącza się do sekwencji *cis*-regulatorowej „CAACAGCATC” obecnej w promotorze genu *BBX24* i indukuje jego ekspresję w ściśle określonych godzinach fazy świetlnej cyklu okołodobowego (**Kielbowicz-Matuk i in., 2017**),
 - wykazanie, że w roślinach transgenicznych z wyłączoną ekspresją genu *StZPR1* następuje zakłócenie okołodobowej oscylacji genu *BBX24* oraz innych genów *BBX*, takich jak *StBBX5*, *StBBX9*, *StBBX18* i *StBBX27*, których ekspresja jest zależna od zegara okołodobowego (**Kielbowicz-Matuk i in., 2017**),
 - wykazanie, że w warunkach stresowych, takich jak niska temperatura, zasolenie, stres osmotyczny (PEG) nie następuje obniżenie zawartości białka BBX24 w fazie ciemnej rytmu okołodobowego, co wskazuje na zmianę okołodobowej regulacji ekspresji genu *BBX24* pod wpływem czynnika stresowego (**Kielbowicz-Matuk i in., 2014**),
 - wykazanie, że ekspresja genu *BBX24* pod wpływem zasolenia jest zależna od pory dnia, w której rośliny poddano działaniu czynnika stresowego, zatem zegar biologiczny „bramkuje” indukowaną zasoleniem ekspresję genu *BBX24* (**Kielbowicz-Matuk i in., 2014**).

Prace związane z określeniem funkcji białka BBX24 i innych białek BBX w procesach wzrostu i rozwoju ziemniaka uprawnego regulowanych przez światło, zegar okołodobowy i abiotyczne czynniki stresowe stanowią przedmiot bieżących badań:

- w ramach kierowanego przez mnie projektu NCN OPUS 8 (2015-2018) pt.: „Analiza funkcjonalna białka SsBBX24 zawierającego domeny wiążące cynk w cyklu okołodobowym podczas rozwoju i w odpowiedzi na zasolenie” [Załącznik nr 4, II.I.3],
- w ramach kierowanego przez mnie zadania statutowego (2013-2015) pt.: „Poznanie funkcji białka BBX24 zawierającego domeny palca cynkowego typu B-box w cyklu okołodobowym podczas rozwoju i w warunkach stresowych oraz mechanizmów okołodobowej regulacji ekspresji genu *BBX24*”,

- w ramach kierowanego przez mnie zadania statutowego (2016-2018) pt.: „Poznanie roli białek BBX w procesach wzrostu regulowanych przez światło i zegar okołodobowy u gatunków *Solanum*”.

Dotychczas uzyskane wyniki wykazały, że białko BBX24 jest związane z mechanizmami prowadzącymi do przejścia roślin *S. tuberosum* z fazy rozwoju wegetatywnego w generatywny (manuskrypt w przygotowaniu). Ekspresja genu *BBX24* w organach *S. tuberosum* jest zależna od wieku rośliny i ulega znacznemu obniżeniu po pojawieniu się zawiązków kwiatowych. Analiza fenotypowa roślin *S. tuberosum* z wyłączoną ekspresją genu *BBX24* wykazała przyśpieszenie kwitnienia w porównaniu do roślin typu dzikiego o dwa tygodnie. W szczytowych częściach pędu u 3- i 6-tygodniowych roślin kontrolnych *S. tuberosum* wysoki poziom białka BBX24 jest skorelowany z wysokim poziomem ekspresji genów kodujących represory kwitnienia oraz z niskim poziomem ekspresji genów kodujących induktory kwitnienia.

Dodatkowo, analiza fenotypowa roślin *S. tuberosum* z wyłączoną ekspresją genu *BBX24* poddanych działaniu stresowi solnemu wykazała, że rośliny transgeniczne, w porównaniu do roślin nietransgenicznych (odmiany wyjściowej Desiree), cechują się obniżoną tolerancją na zasolenie. W celu uzyskania pełniejszych danych dotyczących obniżonej tolerancji na zasolenie roślin z wyłączoną ekspresją genu *BBX24*, przeprowadziłam analizę ekspresji genów kodujących transportery Na^+ , które odgrywają kluczową rolę w utrzymaniu homeostazy jonowej, takich jak *HKT1*, *NHX3* i *SOS1*, *SOS2*, *SOS3* (ang. *Salt Overly Sensitive*) u roślin transgenicznych i odmiany wyjściowej Desiree poddanych działaniu stresu solnego. Badania wykazały, że pod wpływem soli następuje silna akumulacja transkryptu genów *HKT1*, *NHX3* i *SOS1*, *SOS2*, *SOS3* u roślin nietransformowanych i obniżenie poziomu ich ekspresji u roślin transgenicznych.

W najbliższym czasie badania mojego Zespołu będą koncentrowały się na identyfikacji genów kodujących induktory kwitnienia i tuberyzacji u ziemniaka uprawnego *Solanum tuberosum* L., odm. Desiree, jak również poznaniu regulatorów transkrypcji wśród białek z domeną palca cynkowego typu B-box (StBBX), które kontrolują ekspresję genów dla induktorów kwitnienia i tuberyzacji u uprawnej odmiany Desiree.

5. Omówienie pozostałych osiągnięć naukowo-badawczych (artystycznych).

W 1996 roku podjęłam studia na Uniwersytecie im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, na Wydziale Biologii. Pracę magisterską pt.: „Przygotowanie konstruktów zawierających dwa

geny *CP PPV* o przeciwnych orientacjach oraz selekcyjny gen *SAP*” rozpoczęłam w 2000 roku pod kierunkiem prof. dr hab. Jacka Augustyniaka, a od 2001 roku badania kontynuowałam pod kierunkiem dr. Wojciecha Grzegorza Musiała. Studia wyższe magisterskie ukończyłam z wynikiem bardzo dobrym w 2001 roku, uzyskując tytuł magistra biologii o specjalności biologia molekularna.

W 2001 roku zostałam słuchaczem Studium Doktoranckiego przy Wydziale Biologii Uniwersytetu Adama Mickiewicza w Poznaniu. Pracę doktorską pt.: „Określenie zależności pomiędzy ekspresją genów kodujących cyklofilinę i białko transportujące tłuszcze a indukcją odporności *Solanum soganandinum* na zamarzanie” realizowałam w Pracowni Genomiki Funkcjonalnej Instytutu Genetyki Roślin PAN w Poznaniu, pod kierunkiem prof. dr. hab. Tadeusza Rorata. Celem pracy było wyizolowanie z odpornego na mróz dzikiego gatunku *Solanum soganandinum* genów, których ekspresja jest uruchamiana pod wpływem chłodu tuż po zadziałaniu czynnika stresowego. Na podstawie szczegółowej analizy ekspresji wyizolowanych genów w różnych organach pędów u gatunków *Solanum*, *S. soganandinum* i *S. tuberosum* różniących się odpornością na zamarzanie poddanych działaniu chłodu i innych stresów prowadzących do dehydratacji komórek takich jak zasolenie i deficyt wody wyodrębniłam geny, których ekspresja jest związana z indukcją odpowiedzi roślin na niską temperaturę. Badania realizowałam w ramach 2 projektów: (i) projektu zamawianego pt.: „Wykorzystanie genetycznych i molekularnych podstaw rozmnażania i odporności roślin na stresy środowiskowe dla poprawy właściwości roślin uprawnych” [Załącznik nr 4, II.I.2.]; (ii) projektu MNiSW pt.: „Identyfikacja genów, które ulegają ekspresji w początkowych etapach odpowiedzi roślin na stres chłodu” [Załącznik nr 4, II.I.1].

W dniu 3 grudnia 2007 roku, za cykl prac badawczych: „Wyizolowanie i zidentyfikowanie genów, których ekspresja jest związana z tolerancją odmian uprawnych ziemniaka oraz dzikiego gatunku *Solanum soganandinum* na stresy wywołane chłodem, suszą i zasoleniem”, otrzymałam Nagrodę Zespołową Wydziału Nauk Rolniczych, Leśnych i Weterynaryjnych Polskiej Akademii Nauk [Załącznik nr 4, II.J.2.]. Stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie agronomia, uzyskałam 8 lutego 2006 roku, a moja praca doktorska została wyróżniona przez Radę Naukową IGR PAN [Załącznik nr 4, II.J.1.].

Z dniem 1 lutego 2006 roku zostałam zatrudniona na stanowisku asystenta w Pracowni Genomiki Funkcjonalnej Instytutu Genetyki Roślin PAN, a od dnia 1 marca 2006 roku zostałam zatrudniona na stanowisku adiunkta w tej samej Pracowni. Po zmianie struktury

organizacyjnej IGR PAN (od stycznia 2013 roku) pracuję w Zakładzie Biologii Stresów Środowiskowych, kierowanym przez prof. dr hab. Tadeusza Rorata (w latach 2013-2014) i dr hab. Arkadiusza Kosmałę, prof. IGR (2015-obecnie). Aktualnie pełnię funkcję kierownika Zespołu Regulacji Ekspresji Genów. Od 2008 roku do chwili obecnej jestem kierownikiem statutowych zadań badawczych Zespołu Regulacji Ekspresji Genów.

Po uzyskaniu stopnia doktora moim pierwszym celem stało się wydanie nieopublikowanych wcześniej wyników pracy doktorskiej. Powstały wówczas cztery artykuły: 2 oryginalne (Kielbowicz-Matuk i in., 2007; Kielbowicz-Matuk i in., 2008) i 2 przeglądowe (Kielbowicz-Matuk 2006a; Kielbowicz-Matuk 2006b). Tematyka prac oryginalnych dotyczyła fizjologicznego i molekularnego podłoża odpowiedzi roślin gatunków *Solanum* na stres niskiej temperatury oraz mechanizmów prowadzących do zwiększenia odporności na stres po ekspozycji roślin na działanie czynnika stresowego. Przy zastosowaniu metody hybrydyzacji różnicowej (ang. *differential screening*), której zasada oparta jest na wykorzystaniu różnicy w poziomie ekspresji genów u roślin rosnących w warunkach normalnych oraz poddanych działaniu czynnika stresowego, z dzikiego, nieuprawnego gatunku *S. soganandinum* wyizolowałam geny, których ekspresja ulegała indukcji pod wpływem chłodu. Spośród wyizolowanych genów, szczegółową analizę ekspresji w odpowiedzi na różne abiotyczne czynniki stresowe przeprowadziłam dla genu (*SsCyP*) kodującego cyklofilinę cytoplazmatyczną i genu (*SsLTPI*) kodującego białko transportujące tłuszcze. Badania wykazały, że wzrost poziomu ekspresji genu *SsLTPI* w odpowiedzi na niską temperaturę, suszę i zasolenie jest wynikiem współdziałania czynników organo-specyficznych oraz mechanizmów prowadzących do aklimatyzacji roślin do stresów dehydracyjnych.

Kolejny nurt badań, w którym uczestniczyłam od roku 2011 w ramach projektu POLAPGEN-BD koncentrował się na pracach związanych z poznaniem molekularnych mechanizmów adaptacji *Hordeum vulgare* do warunków suszy. Główne aspekty badań, w które byłam bezpośrednio zaangażowana obejmowały analizę ekspresji genu *HvSec14p* w warunkach optymalnego wzrostu i deficytu wodnego u odmian jęczmienia różniących się odpornością na suszę odm. Saida, Harnal i Express. Badania wykazały, że u roślin rosnących w warunkach kontrolnych białko HvSec14p jest obecne w hipokotylu i korzeniach pierwotnych kiełkującego zarodka oraz w tkankach okrywających ziarniaka na wczesnych etapach jego rozwoju. W warunkach deficytu wody następuje silna akumulacja białka HvSec14p w liściach (Kielbowicz-Matuk i in., 2016). Co istotne, akumulację białka obserwowano jedynie u

odmian jęczmienia charakteryzujących się wysoką odpornością na deficyt wody i wysoką adaptacją do warunków suszy. W dalszych badaniach, celem określenia potencjalnej funkcji białka HvSec14p, przeprowadziłam analizę oddziaływania oczyszczonego, rekombinowanego białka HvSec14p z różnymi jednostkami tłuszczowymi w warunkach *in vitro*. Badania wykazały, że rekombinowane białko HvSec14p jest zdolne do wiązania *in vitro* większości typów fosfatydyloinozytoli, przy czym największe powinowactwo białko HvSec14p wykazywało do 3,5-bisfosforanu fosfatydyloinozytolu, PtdIns(3,5)P₂. Celem potwierdzenia uzyskanych wyników, przeprowadzono modelowanie molekularne trójwymiarowej struktury białka HvSec14p w oddziaływaniu z różnymi fosfatydyloinozytolami. Uzyskane modele potwierdziły zdolność białka HvSec14p do dokowania różnych fosfatydyloinozytoli w tym PtdIns(3)P, PtdIns(4)P, PtdIns(5)P and PtdIns(3,5)P₂ (Kielbowicz-Matuk i in., 2016).

Szczegółowy wykaz mojego dorobku naukowego zamieściłam w **Załączniku nr 4** i **Załączniku nr 5** pt.: „Wykaz opublikowanych prac naukowych oraz informacja o osiągnięciach dydaktycznych, współpracy naukowej i popularyzacji nauki” wersja w języku polskimi i języku angielskim. Poniżej przedstawiam skrócone zestawienie najważniejszych osiągnięć wraz z odnośnikami do odpowiednich punktów wyżej wymienionego wykazu:

- Prace naukowe opublikowane w czasopismach znajdujących się w bazie Journal Citation Reports (JCR): **12** (w tym 4 prace wchodzące w skład osiągnięcia naukowego) [I.B., II.A.];
- Monografie, publikacje naukowe w czasopismach międzynarodowych lub krajowych spoza bazy JCR: **10** (w tym 1 praca wchodząca w skład osiągnięcia naukowego) [I.B., II.D.];
- Sumaryczny *Impact Factor* według listy JCR, zgodnie z rokiem opublikowania (w przypadku prac opublikowanych w roku 2017 uwzględniono dostępny *Impact Factor* z roku 2016):
IF = 27.636 [II.F.] (włączając **IF = 15.2005**) dla 4 publikacji wchodzących w skład osiągnięcia naukowego;
- Sumaryczna liczba punktów MNiSW według uaktualnionej w 2016 roku listy:
318 (nie uwzględniono monografii i czasopism, które nie znajdują się na liście) [II.F.];
- Liczba cytowań publikacji według bazy Web of Science Core Collection: **65** [II.G] (wyszukiwanie Kielbowicz-Matuk A.), wygenerowane dnia 16 października 2017 roku;

- Indeks Hirscha według bazy Web of Science: **h = 4** [II.H.];
- Liczba realizowanych projektów badawczych: **1 UE, 6 MNiSW/NCN** [II.I.];
- Liczba wygłoszonych referatów na międzynarodowych i krajowych konferencjach tematycznych: **9** [II.K.]. Ponadto, **3** referaty wygłoszone na krajowych seminariach naukowych [III.I.3.];
- Liczba pozostałych komunikatów prezentowanych na międzynarodowych i krajowych konferencjach naukowych: **21** [III.B.].

Poza pracą naukową zaangażowana byłam również w działalność dydaktyczną [Załącznik nr 4, III.I.]. Organizowałam konferencje naukowe dla pracowników naukowych, a także warsztaty dla uczniów szkół podstawowych [Załącznik nr 4, III.I.]. W latach 2007-2012 prowadziłam konwersatoria dla doktorantów IGR PAN [Załącznik nr 4, III.I.]. Sprawowałam opiekę naukową nad studentami w ramach pracy licencjackiej i prac magisterskich oraz staży naukowych [Załącznik nr 4, III.J.]. Ponadto byłam promotorem pracy magisterskiej mgr. inż. Jarosława Mlecza. Sprawowałam/sprawuję również opiekę naukową nad dwoma doktorantkami: mgr Agnieszką Wróblewską i mgr inż. Urszulą Talar [Załącznik nr 4, III.K.] oraz pełnię funkcję promotora pomocniczego we wszczętym przewodzie doktorskim mgr inż. Jagody Czarneckiej [Załącznik nr 4, III.K.].

Od roku 2010 jestem członkiem Rady Naukowej Instytutu Genetyki Roślin PAN w Poznaniu, w której od 2015 roku pełnię funkcję Sekretarza i członka Prezydium Rady Naukowej. Od roku 2013 jestem również członkiem Rady Młodych Pracowników Naukowych IGR PAN. Od roku 2004 jestem członkiem Polskiego Towarzystwa Genetycznego. Od 2010 roku byłam członkiem Zarządu Poznańskiego Oddziału PTG, przy czym w latach 2013-2015 pełniłam funkcję Skarbnika Poznańskiego Oddziału PTG.

W latach 2012-2017 wykonałam 50 recenzji publikacji w czasopiśmie międzynarodowych i krajowych.

LITERATURA

Baudry A, Ito S, Song YH, Strait AA, Kiba T, Lu S, Henriques R, Pruneda-Paz JL, Chua NH, Tobin EM, Kay SA, Imaizumi T (2010) F-box proteins FKF1 and LKP2 act in concert with ZEITLUPE to control Arabidopsis clock progression. *The Plant Cell* 22, 606-622.

- Chang CS, Li YH, Chen LT, Chen WC, Hsieh WP, Shin J, Jane WN, Chou SJ, Choi G, Hu JM, Somerville S, Wu SH (2008) LZFI, a HY5-regulated transcriptional factor, functions in Arabidopsis de-etiolation. *The Plant Journal* 54, 205-219.
- Chu Z, Wang X, Li Y, Yu H, Li J, Lu Y, Li H, Ouyang B (2016) Genomic organization, phylogenetic and expression analysis of the B-BOX gene family in tomato. *Frontiers in Plant Science* 7, 1552.
- Covington MF, Maloof JN, Straume M, Kay SA, Harmer SL (2008) Global transcriptome analysis reveals circadian regulation of key pathways in plant growth and development. *Genome Biology* 9, R130.
- Crocco CD, Holm M, Yanovsky MJ, Botto JF (2010) AtBBX21 and COP1 genetically interact in the regulation of shade avoidance. *The Plant Journal* 64, 551-562.
- Crocco CD, Holm M, Yanovsky MJ, Botto JF (2011) Function of B-BOX under shade. *Plant Signaling & Behavior* 6, 101-104.
- Datta S, Hettiarachchi GH, Deng XW, Holm M (2006) Arabidopsis CONSTANS LIKE3 is a positive regulator of red light signaling and root growth. *The Plant Cell* 18, 70-84.
- Datta S, Hettiarachchi C, Johansson H, Holm M (2007) SALT TOLERANCE HOMOLOG2, a B-Box protein in Arabidopsis that activates transcription and positively regulates light-mediated development. *The Plant Cell* 19, 3242-3255.
- Datta S, Johansson H, Hettiarachchi C, Irigoyen ML, Desai M, Rubio V, Holm M (2008) LZFI/SALT TOLERANCE HOMOLOG3, an Arabidopsis B-box protein involved in light-dependent development and gene expression, undergoes COP1-mediated ubiquitination. *The Plant Cell* 20, 2324-2338.
- Doherty CJ, Kay SA (2010) Circadian control of global gene expression patterns. *Annual Review of Genetics* 44, 419-444.
- Fan XY, Sun Y, Cao DM, Bai MY, Luo XM, Yang HJ, Wei CQ, Zhu SW, Sun Y, Chong K, Wang ZY (2012) BZS1, a B-box protein, promotes photomorphogenesis downstream of both brassinosteroid and light signaling pathways. *Molecular Plant* 5, 591-600.
- Farré EM, Liu T (2013) The PRR family of transcriptional regulators reflects the complexity and evolution of plant circadian clocks. *Current Opinion in Plant Biology* 16, 621-629.
- Gangappa SN, Crocco CD, Johansson H, Datta S, Hettiarachchi C, Holm M, Botto JF (2013) The Arabidopsis B-BOX protein BBX25 interacts with HY5, negatively regulating BBX22 expression to suppress seedling photomorphogenesis. *The Plant Cell* 25, 1243-1257.

- Goodspeed D, Chehab EW, Min-Venditti A, Braam J, Covington MF (2012) Arabidopsis synchronizes jasmonate-mediated defense with insect circadian behavior. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 109, 4674-4677.
- Greenham K, McClung CR (2015) Integrating circadian dynamics with physiological processes in plants. *Nature Reviews Genetics* 16, 598-610.
- Herrero E, Kolmos E, Bujdoso N, Yuan Y, Wang M, Berns MC, Uhlworm H, Coupland G, Saini R, Jaskolski M, Webb A, Gonçalves J, Davis SJ (2012) EARLY FLOWERING 4 recruitment of EARLY FLOWERING 3 in the nucleus sustains the Arabidopsis circadian clock. *The Plant Cell* 24, 428-443.
- Holtan HE, Bandong S, Marion CM, Adam L, Tiwari S, Shen Y, Maloof JN, Maszle DR, Ohto MA, Preuss S, Meister R, Petracek M, Repetti PP, Reuber TL, Ratcliffe OJ, Khanna R (2011) BBX32, an Arabidopsis B-Box protein, functions in light signaling by suppressing HY5-regulated gene expression and interacting with STH2/BBX21. *Plant Physiology* 156, 2109-2123.
- Hsu PY, Harmer SL (2014) Wheels within wheels: the plant circadian system. *Trends in Plant Science* 19, 240-249.
- Huang J, Xiaobo Z, Xiaoyu W, Lei W, Weibo X (2012) The rice B-box zinc finger gene family: genomic identification, characterization, expression profiling and diurnal analysis. *PLoS ONE* 7, e48242.
- Indorf M, Cordero J, Neuhaus G, Rodríguez-Franco M (2007) Salt tolerance (STO), a stress-related protein, has a major role in light signalling. *The Plant Journal* 51, 563-574.
- Khanna R, Kronmiller B, Maszle DR, Coupland G, Holm M, Mizuno T, Wu SH (2009) The Arabidopsis B-Box Zinc Finger Family. *The Plant Cell* 21, 3416-3420.
- Kielbowicz-Matuk A (2006a) Roślinne immunofiliny – struktura i funkcje. *Postępy biologii komórki* 33(2), 349-363.
- Kielbowicz-Matuk A (2006b) Białka ns-LTP – funkcjonalny polimorfizm. *Postępy biologii komórki* 33(3), 437-452.
- Kielbowicz-Matuk A (2012) Involvement of plant C2H2-type zinc finger transcription factors in stress responses. *Plant Science* 185-186, 78-85.
- Kielbowicz-Matuk A, Czarnecka J (2014) Interplays of plant circadian clock and abiotic stress response network. *Emerging Technologies and Management of Crop Stress Tolerance*, 1st Edition. Volume 1-Biological Techniques. Chapter 20, 487-506.

- Kielbowicz-Matuk A, Rey P, Rorat T (2014) Interplay between circadian rhythm, time of the day and osmotic stress constraints in the regulation of the expression of a *Solanum* Double B-box gene. *Annals of Botany* 113, 831-842.
- Kielbowicz-Matuk A, Czarnecka J, Banachowicz E, Rey P, Rorat T (2017) *Solanum tuberosum* ZPR1 encodes a light-regulated nuclear DNA-binding protein adjusting the circadian expression of StBBX24 to light cycle. *Plant, Cell and Environment* 40, 424-440.
- Lai AG, Doherty CJ, Nueller-Roeber B, Kay SA, Schippers JHM, Dijkwel PP (2012) CIRCADIAN CLOCK-ASSOCIATED 1 regulates ROS homeostasis and oxidative stress responses. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 109, 17129-17134.
- Lippuner V, Cyert MS, Gasser CS (1996) Two classes of plant cDNA clones differentially complement yeast calcineurin mutants and increase salt tolerance of wild-type yeast. *Journal of Biological Chemistry* 271, 12859-12866.
- Nagaoka S, Takano T (2003) Salt tolerance-related protein STO binds to a Myb transcription factor homologue and confers salt tolerance in Arabidopsis. *Journal of Experimental Botany* 54, 2231-2237.
- Nakamichi N, Kiba T, Henriques R, Mizuno T, Chua NH, Sakakibara H (2010) PSEUDO-RESPONSE REGULATORS 9, 7, and 5 are transcriptional repressors in the Arabidopsis circadian clock. *The Plant Cell* 22, 594-605.
- Sanchez A, Shin J, Davis SJ (2011) Abiotic stress and the plant circadian clock. *Plant Signaling & Behavior* 6, 223-231.
- Shin J, Heidrich K, Sanchez-Villarreal A, Parker JE, Davis SJ (2012) TIME FOR COFFEE represses accumulation of the MYC2 transcription factor to provide time-of-day regulation of jasmonate signaling in Arabidopsis. *The Plant Cell* 24, 2470-2482.
- Talar U, Kielbowicz-Matuk A, Czarnecka J, Rorat T (2017) Genome-wide survey of B-box proteins in potato (*Solanum tuberosum*) - identification, characterization and expression patterns during diurnal cycle, etiolation and deetiolation. *PLoS ONE* 12(5), e0177471.
- Torok M, Etkin LD (2001) Two B or not two B? Overview of the rapidly expanding B-box family of proteins. *Differentiation* 67, 63-71.
- Uliczka i Gruszka (2010) Molekularny mechanizm rytmów okołodobowych u roślin. *Postępy biologii komórki* 37(4), 721-745.
- Valverde F (2011) CONSTANS and the evolutionary origin of photoperiodic timing of flowering. *Journal of Experimental Botany* 62, 2453-2463.

- Wang L, Kim J, Somers DE (2013) Transcriptional corepressor TOPLESS complexes with pseudoresponse regulator proteins and histone deacetylases to regulate circadian transcription. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 110, 761-766.
- Wenkel S, Turck F, Singer K, Gissot L, Le Gourrierec J, Samach A, Coupland G (2006) CONSTANS and the CCAAT box binding complex share a functionally important domain and interact to regulate flowering of Arabidopsis. *The Plant Cell* 18, 2971-2984.
- Zawilska i Nowak (2006) Rytmy biologiczne – uniwersalny system odczytywania czasu. *Nauka* 4, 129-133.

Agnieszka Kielbowicz-Matuk