

Autoreferat

dr Aleksandra Wojnicka-Półtorak

Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

Wydział Biologii

Instytut Biologii Eksperymentalnej

Zakład Genetyki

Poznań 2018

1. Imię i Nazwisko.**Aleksandra Wojnicka-Półtorak****2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe.**

- 1993 – stopień magistra biologii, specjalność biologia eksperymentalna. Praca magisterska pt. „Próby mikrorozmnażania wybranych gatunków rodzaju *Aesulus* w warunkach hodowli *in vitro*” wykonana pod kierunkiem prof. dr hab. Macieja Zenktelea w Zakładzie Botaniki Ogólnej UAM.
- 1997 – stopień doktora nauk biologicznych w zakresie biologii. Rozprawa doktorska pt. „Procesy mikroewolucyjne w populacjach *Pinus sylvestris* L. zachodzące pod wpływem zanieczyszczenia przemysłowego” wykonana pod kierunkiem prof. dr hab. Wiesława Prus-Głowackiego w Zakładzie Genetyki UAM.

3. Informacje o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych.

- 06.04.1993 – 31.08.1993 - Instytut Roślin i Przetworów Zielarskich w Poznaniu
½ etatu na stanowisku technik-biolog
- 01.10.1993 – 31.12.1997 - studia doktoranckie Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Zakład Genetyki
- 01.01.1998 - do chwili obecnej - Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Zakład Genetyki na stanowisku adiunkta

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:

„Dynamika struktury genetycznej samoodnawiającej się populacji *Picea abies* i *Pinus sylvestris* w Puszczy Białowieskiej”

b) publikacje wchodzące w skład osiągnięcia naukowego:

1. **A. Wojnicka-Półtorak**, W. Prus-Głowacki, K. Celiński, A. Korczyk. 2013. Genetic aspects of age dynamics of a natural *Picea abies* (L.) Karst. population in the Białowieża Primeval Forest, Poland. *New Forests* 44:811-825.
IF₂₀₁₃ **1.783**; **30** pkt MNiSW
Udział 70%. Wkład: koncepcja badań; pozyskanie finansowania badań (grant MNiSW 3P04F00725); zaplanowanie metodyki zbioru materiału; obliczenia statystyczne; opracowanie i interpretacja wyników badań; przygotowanie manuskryptu; przygotowanie odpowiedzi na uwagi recenzentów; autor korespondencyjny.
2. **A. Wojnicka-Półtorak**, W. Wachowiak, K. Celiński, W. Prus-Głowacki, A.F. Korczyk. 2014. "Genetic heterogeneity in age classes of naturally regenerated old growth forest of *Picea abies* (L.) Karst." *Silvae Genetica* 63 (5): 185 – 190.
IF₂₀₁₄ **0.278**; **20** pkt MNiSW
Udział 70%. Wkład: koncepcja badań; pozyskanie finansowania badań (grant MNiSW 3P04F00725); zaplanowanie metodyki zbioru materiału; opracowanie i interpretacja wyników badań; współprzygotowanie manuskryptu; korekta artykułu; autor korespondencyjny.
3. **A. Wojnicka-Półtorak**, K. Celiński, E. Chudzińska. 2016. "Temporal dynamics in the genetic structure of a natural population of *Picea abies*". *Biologia* 71/8 DOI: 10.1515/biolog-2016-0109.
IF₂₀₁₆ **0.759**; **20** pkt MNiSW
Udział 75%. Wkład: koncepcja badań; pozyskanie finansowania badań (grant NCN NN304 169740); zaplanowanie metodyki zbioru materiału; prace terenowe; opracowanie i interpretacja wyników badań; przygotowanie manuskryptu; przygotowanie odpowiedzi na uwagi recenzentów; autor korespondencyjny.
4. **A. Wojnicka-Półtorak**, K. Celiński, E. Chudzińska. 2017. "Genetic differentiation between generations of *Pinus sylvestris* natural population: a case study from the last European primeval forest" *Austrian Journal of Forest Sciences*
IF₂₀₁₇ **0.24**; **20** pkt MNiSW

Udział 75%. Wkład: koncepcja badań; pozyskanie finansowania badań (grant MNISW 3P04F00725 i NCN NN304 169740); zaplanowanie metodyki zbioru materiału; opracowanie i interpretacja wyników badań; przygotowanie manuskryptu; korekta artykułu; autor korespondencyjny.

5. **A. Wojnicka-Półtorak**, K.Celiński, E. Chudzińska. 2017. Genetic diversity among age classes of a *Pinus sylvestris* (L.) population from the Białowieża Primeval Forest, Poland. *Forests* 8, 227; doi:10.3390/f8070227.

IF₂₀₁₇ **1.951**; **40** pkt MNiSW

Udział 75%. Wkład: koncepcja badań; pozyskanie finansowania badań (grant MNISW 3P04F00725 i NCN NN304 169740); zaplanowanie metodyki zbioru materiału; opracowanie i interpretacja wyników badań; przygotowanie manuskryptu; korekta artykułu; autor korespondencyjny.

Sumaryczny współczynnik IF zgodnie z rokiem opublikowania **5.011**

Sumaryczna liczba punktów MNiSW wg punktacji z 2016 r. **130**

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

Cele naukowe

Puszcza Białowieska to leśny obiekt, niepowtarzalny pod względem przyrodniczym, naukowym i dydaktycznym w skali Europy, o ponad 500-letniej tradycji celowej ochrony; jedyny w Polsce obiekt przyrodniczy światowego dziedzictwa UNESCO. W Puszczy Białowieskiej zachowały się ostatnie na niżu europejskim fragmenty lasów o pierwotnym charakterze. W porównaniu z innymi lasami Polski, lasy Puszczy Białowieskiej odznaczają się stosunkowo dobrym stanem zachowania drzewostanów pochodzenia naturalnego, o czym w dużym stopniu decyduje sposób odnawiania populacji drzew leśnych poprzez naturalny proces dyspersji pyłku i nasion. Ich specyfika przejawia się wielogatunkową, różnowiekową i wielopiętrową strukturą (Drozdowski i in. 2012). W skład samoodnawiającej się populacji mogą jednocześnie wchodzić osobniki należące do różnych, często odmiennych genetycznie, klas wiekowych, a zróżnicowana wrażliwość tych klas na działanie czynników selekcyjnych może powodować fluktuacje poziomu zmienności genetycznej. Regeneracja drzewostanu i jego zróżnicowanie genetyczne jest kluczowe dla stabilności, wrażliwości i dynamiki

ekosystemu leśnego (Ackzell 1993). Relacje pomiędzy zróżnicowaniem genetycznym i strukturą demograficzną populacji mają fundamentalne znaczenie dla poznania strategii adaptacyjnych drzew leśnych (Korczyk 1995). Jak wskazują doniesienia Chen i Song (1997), struktura demograficzno-genetyczna populacji może ujawnić istotne czynniki oddziałujące na poziom zmienności populacji w przeszłości (drzewa dojrzałe, najstarsze) i obecnie (najmłodsze klasy wieku). Jednakże ze względu na długowieczność drzew leśnych oraz fakt, że niewiele lasów w Polsce i Europie ma złożoną strukturę wiekową, badania tego typu są trudne do przeprowadzenia.

Lasy Puszczy Białowieskiej stwarzają unikalną możliwość badania procesów naturalnego odnawiania drzewostanu w ukształtowanym ekosystemie leśnym. Dają bowiem sposobność zaobserwowania dynamiki procesów selekcyjnych na różnych etapach rozwoju naturalnej populacji, a w konsekwencji pozwalają na śledzenie zachodzących w niej procesów adaptacyjnych. Ma to szczególne znaczenie w odniesieniu do drzew intensywnie uprawianych: *Pinus sylvestris* i *Picea abies*, będących głównymi gatunkami lasotwórczymi w Polsce i Europie o ogromnym znaczeniu ekonomicznym. Ich naturalne (pierwotne) pule genowe zostały mocno zmodyfikowane w wyniku intensywnej gospodarki leśnej, zabiegów hodowlanych i selekcyjnych czy wreszcie transferu nasion (Orzeł i in. 1999; Puumalainen i in. 2003).

Sosna zwyczajna (*Pinus sylvestris*) i świerk pospolity (*Picea abies*) stanowią najważniejsze gatunki lasotwórcze Puszczy Białowieskiej pokrywając odpowiednio 27% i 25% powierzchni Puszczy (Sokołowski 2004). Długoletnie badania (od 1936 roku) dynamiki rozwoju drzewostanów naturalnych Białowieskiego Parku Narodowego w warunkach ochrony ścisłej pokazują zmniejszenie liczebności sosny i regres jej naturalnego odnowienia w XX wieku (Bernadzki i in. 1998). Jako gatunek światłożądny, wymaga ona do odnowienia otwartych, słonecznych stanowisk, które w Puszczy pojawiają się dość rzadko. Strategia życiowa sosny opiera się na dużej produkcji nasion zapewniających „próby odnowienia” (Pawlaczyk 2010). Aktualnie sosna zwyczajna nie odnawia się w Puszczy Białowieskiej w sposób efektywny i jest sukcesywnie wypierana przez cienioznośny świerk pospolity. Ponadto obserwuje się w ostatnich latach zamieranie drzew *P. sylvestris* w obrębie już istniejących odnowień. Mechanizm tego zjawiska nie jest do końca poznany, jako jedną z przyczyn wskazuje się obniżający się poziom wód gruntowych (Paluch 2014).

Świerk, drugi pod względem zajmowanej powierzchni gatunek drzew, jest składnikiem wszystkich siedliskowych typów lasu w Puszczy Białowieskiej. Gatunek najbardziej dynamiczny wśród białowieskich drzew (Pawlaczyk 2010). Bardzo dobrze się

odnawia. Strategia życia świerka to szybki wzrost (od ok. 30-40 roku) i duży potencjał reprodukcyjny (Danielewicz, Pawlaczyk 1998). Czynnikiem eliminującym go z drzewostanów (głównie stare osobniki) są cykliczne gradacje kornika.

Znajomość zróżnicowania genetycznego różnych pokoleń drzew samoodnawiającej się populacji o naturalnym charakterze puli genowej jest cenna zarówno z punktu widzenia genetyki drzew leśnych, hodowli lasu, jak i ochrony rodzimych zasobów genowych *P. sylvestris* i *P. abies*. Jak dotąd, badania zróżnicowania genetycznego w aspekcie demograficznym samoodnawiającej się populacji sosny i świerka w Puszczy Białowieskiej nie były prowadzone, w tym więc ujęciu prezentowany cykl prac ma charakter nowatorski. W cyklu prac będących efektem realizacji dwóch projektów badawczych (MNISW 3P04F00725; NCN NN304 169740) **postawiono następujące cele:**

- Określenie poziomu zmienności genetycznej naturalnie odnawiającej się, różnowiekowej populacji *Picea abies* i *Pinus sylvestris* z Puszczy Białowieskiej.
- Charakterystyka dynamiki struktury genetycznej samoodnawiającej się populacji sosny i świerka w aspekcie demograficznym.

Materiał do badań (igły, nasiona) zebrano na wytypowanych powierzchniach w Puszczy Białowieskiej, w Nadleśnictwie Hajnówka: oddział 631A (*Picea abies*) oraz w rezerwacie „Sitki” (*Pinus sylvestris*).

W każdej populacji dla obu gatunków wytypowano pięć klas wieku drzew:

- Klasa „0” skielkowana w laboratorium z nasion zebranych z obradzających drzew, próba wymieszana losowa (E) - 100 osobników.
- Siewki do 3 roku (S) – 100 osobników.
- Osobniki od 5 do 10 lat (Y) – 100 osobników.
- Drzewa od 30 do 80 lat (M) – 100 osobników.
- Drzewa najstarsze, powyżej 100 i więcej lat (O) – 100 osobników.

Do określenia poziomu zmienności struktury genetycznej badanych populacji sosny i świerka wykorzystano cztery typy markerów charakteryzujące się zróżnicowanym systemem dziedziczenia i obejmujące różne obszary genomu: białka izoenzymatyczne, jądrowe sekwencje mikrosatelitarne (nSSR), chloroplastowe sekwencje mikrosatelitarne (cpSSR) oraz markery mitochondrialnego DNA. Markery białkowe i mikrosatelity jądrowe mają charakter kodominujący pozwalający na detekcję obu form allelicznych u heterozygot.

W rodzinie Pinaceae genom mitochondrialny nie podlega rekombinacji i jest przekazywany przez pokolenia w linii matczynej (tylko przez nasiona) w stosunkowo mało zmienionej formie. Ponadto cechuje go dość niski poziom zmienności (Laroche i in. 1997; Jaramillo-Correa i in. 2003). Markery te wykorzystuje się w badaniach pokrewieństwa genetycznego i analizy migracji drzew leśnych.

Genom chloroplastowy, o bardzo dużej zmienności, dziedziczy się w linii ojcowskiej (przez pyłek i nasiona) i również nie rekombinuje. Markery DNA chloroplastowego są idealnym narzędziem pozwalającym ocenić poziom zróżnicowania genetycznego wewnątrz populacji jak również pomiędzy populacjami, przepływ genów czy identyfikację haplotypów (Soltis i in. 1992; Provan i in. 2001).

Jednoczesne zastosowanie tych czterech typów markerów pozwala w sposób kompleksowy scharakteryzować poziom zmienności genetycznej populacji tych dwóch gatunków z uwzględnieniem ich struktury wiekowej. Takie kompleksowe podejście należy do rzadkości w literaturze naukowej, zaś jest pierwszym w przypadku badań genetyczno-populacyjnych *P. sylvestris* i *P. abies* w Puszczy Białowieskiej.

Wyniki

Analiza jądrowych markerów mikrosatelitarnych umożliwiła opisanie struktury genetycznej populacji *P. abies* i *P. sylvestris* na poziomie DNA w rejonach niekodujących, natomiast analiza markerów izoenzymatycznych na poziomie funkcjonalnych białek (pośrednio rejonów kodujących). Obydwa typy markerów wykazały znaczne zróżnicowanie struktury genetycznej pomiędzy klasami wieku zarówno w populacji świerka jak i sosny. Zastosowane testy statystyczne wskazały istotne różnice częstości alleli i genotypów w poszczególnych loci pomiędzy badanymi pokoleniami (**praca 1, 3, 4**). Allele prywatne występowały we wszystkich klasach wieku, jedynie w loci izoenzymatycznych u *P. abies* obecne były tylko w dwóch najmłodszych pokoleniach (**praca 1, 3, 4**). Analiza dopasowania „multi-locus” pokazała bardzo duże zróżnicowanie pomiędzy badanymi osobnikami w populacjach obydwu gatunków. W populacji świerka 83% drzew cechowało się unikatowym (indywidualnym) genotypem w markerach izoenzymatycznych, zaś w markerach mikrosatelitarnych 100% (**praca 1 i 3**). Dla sosny wartości te przedstawiały się odpowiednio 92% i 100% (**praca 4**).

Zróżnicowanie genetyczne pomiędzy badanymi klasami wieku było wysokie i statystycznie istotne jak pokazała analiza AMOVA. Współczynnik F_{ST} osiągał wartości równe, a nawet wyższe od tych, jakie notuje się pomiędzy różnymi populacjami tych

gatunków: dla świerka 0.001 – 0.062, dla sosny 0.007 – 0.129 (**praca 1, 3, 4**). Ta sama tendencja utrzymywała się również w loci mikrosatelitarnych genomu chloroplastowego, dla których wartość zróżnicowania genetycznego pomiędzy klasami wieku wynosiła dla świerka 0.000 – 0.062, natomiast dla sosny 0.000 – 0.084 (**praca 2 i 5**).

Jednym z parametrów charakteryzujących strukturę genetyczną populacji jest heterozygotyczność, czyli udział genotypów heterozygotycznych w populacji. Wykazano zróżnicowanie wartości tego parametru pomiędzy klasami wieku zarówno populacji świerka jak i sosny. Wyniki uzyskane z analiz izoenzymatycznych i mikrosatelitów jądrowych dla *P. abies* wskazują, że heterozygotyczność obserwowana (H_o) w klasach wieku była niższa niż heterozygotyczność oczekiwana (H_e) dla frekwencji alleli danego locus w populacji w warunkach równowagi Hardy’ego-Weinberga. Największy deficyt heterozygot (statystycznie istotny) w loci izoenzymatycznych stwierdzono w najmłodszej klasie wieku świerka, natomiast w loci mikrosatelitarnych w dwóch najstarszych (**praca 1 i 3**). W populacji sosny zaobserwowano odwrotną tendencję, mianowicie najwyższa heterozygotyczność, w przypadku obu typów markerów, występowała w najmłodszej klasie wieku. Ponadto deficyt heterozygot był znacznie mniejszy, a dla loci mikrosatelitarnych w dwóch najmłodszych klasach wieku stwierdzono nadmiar genotypów heterozygotycznych w stosunku do równowagi Hardy’ego-Weinberga (**praca 4**). Deficyt heterozygot we wczesnych stadiach ontogenetycznych u drzew iglastych jest zjawiskiem dość powszechnym wynikającym z udziału w procesie reprodukcji samozapylenia, kojarzenia krewniaczego oraz obecności alleli zerowych (null). W prezentowanych pracach stanowiących osiągnięcie habilitacyjne, wykluczono te loci, w których stwierdzono obecność alleli zerowych (programy: Micro-Checker, INEST) (**praca 3 i 4**). Znaczny deficyt heterozygot może być konsekwencją fluktuacji epizodów reprodukcyjnych w populacji prowadzących do zaistnienia „czasowego efektu Wahlunda” (ang. temporal Wahlund effect), tzn. zróżnicowania częstości alleli pomiędzy kolejnymi pokoleniami wytwarzanych w populacji nasion (Tonsor i in. 1993; Chung i in. 2003). Jak podkreślają Tonsor i in (1993) wskaźnikiem zaistnienia „czasowego efektu Wahlunda” mogą być istotne różnice frekwencji alleli oraz istotne zróżnicowanie genetyczne (F_{ST}) pomiędzy klasami wieku, co wykazano w prezentowanym cyklu prac (**praca 1, 3 i 4**). Na uwagę zasługują dwie najstarsze klasy wieku *P. abies* i *P. sylvestris* (30-80 lat i powyżej 100 lat), w których istotny deficyt heterozygot może sugerować przewagę selekcyjną w procesie adaptacji w specyficznych warunkach Puszczy Białowieskiej.

Należy podkreślić, że u obu gatunków, zarówno w markerach izoenzymatycznych, jak i w jądrowych markerach mikrosatelitarnych wykryto wpływ procesów selekcyjnych na niektóre

loci. W przypadku izoenzymów u świerka test Ewensa - Wattersona wskazał działanie selekcji w odniesieniu do sześciu z spośród 26 loci (**praca 1**). W przypadku markerów mikrosatelitarnych z czterech badanych loci dwa podlegały selekcji pozytywnej, jak wykazała analiza LOSITAN (**praca 3**). Podobnie u sosny jeden locus izoenzymatyczny z 14 analizowanych podlegał selekcji kierunkowej, zaś z ośmiu loci SSR dwa były pod wpływem selekcji kierunkowej i jeden selekcji stabilizującej (**praca 4**). Uważa się, że markery izoenzymatyczne, jako wywodzące się z sekwencji kodujących, grają rolę w adaptacyjnej zmienności genetycznej, natomiast markery mikrosatelitarne, obejmujące sekwencje niekodujące, mogą być ściśle sprzężone z genami podlegającymi procesom selekcyjnym (efekt „hitch-hiking”). Selekcja oddziałująca na dany locus prowadzi do wzrostu zróżnicowania genetycznego w populacji, co znalazło swoje odzwierciedlenie w wysokich wartościach F_{ST} w tych loci zarówno u *P. abies* (0.02 – 0.063) jak i u *P. sylvestris* (0.02 – 0.28).

Wyniki uzyskane z analizy markerów chloroplastowego DNA potwierdziły zróżnicowanie genetyczne pomiędzy klasami wieku populacji *P. abies* i znacznie większe populacji *P. sylvestris*. Przejawiało się to między innymi obecnością alleli i haplotypów prywatnych w poszczególnych klasach wieku, poziomem zróżnicowania haplotypowego oraz istotnych wartości PhiPT porównywalnych z tymi, jakie występuje pomiędzy populacjami tych gatunków (**praca 2 i 5**). Markery cpSSR wykazały również, że najstarsze (powyżej 100 lat) drzewa sosny dzieli od pozostałych klas wieku badanej populacji największy dystans genetyczny i współczynnik zróżnicowania genetycznego (**praca 5**). Sugeruje to udział wielu różnych drzew (dawców pyłku), również z poza badanej populacji, w epizodach reprodukcyjnych, a tym samym świadczy o intensywnym przepływie pyłku (genów) (**praca 2 i 5**). Potwierdza to również bardzo wysoki odsetek haplotypów unikatowych (77%) u sosny.

Najmłodsza klasa wieku *P. abies* ((siewki otrzymane z zebranych nasion) okazała się być najbardziej odrębna genetycznie od pozostałych, jak pokazały wyniki analizy markerów chloroplastowych, ale również izoenzymatycznych i mikrosatelitów jądrowych. Z jednej strony charakteryzuje się ona największym „bogactwem genetycznym” (najwyższa liczba alleli i haplotypów, allele i haplotypy prywatne, najwyższe zróżnicowanie haplotypowe), z drugiej zaś najniższą heterozygotycznością (**praca 1, 2, 3**).

Genom mitochondrialny drzew iglastych cechuje niskie tempo mutacji i wysoce konserwatywny charakter, stąd poziom wykrywanej zmienności genetycznej nie jest wysoki. U *P. abies* i *P. sylvestris* jest on dziedziczony po matce i rozprzestrzeniany wyłącznie przez nasiona, dlatego młodsze pokolenia odzwierciedlają mitotyp drzew matecznych. Ponadto

duże zwarcie drzewostanu, z jakim mamy do czynienia w Puszczy Białowieskiej, uniemożliwia rozprzestrzenianie nasion na większe odległości. Prezentowane wyniki to potwierdzają, choć nie wszystkie mitotypy stwierdzone w najstarszych drzewach świerka były reprezentowane w młodszych pokoleniach, jako że nie wszystkie dojrzałe osobniki biorą udział w reprodukcji w danym sezonie wegetacyjnym (**praca 3 i 5**). Analiza AMOVA dla loci mitochondrialnych nie wykazała istotnego różnicowania genetycznego pomiędzy klasami wieku badanych gatunków.

Posumowanie

Uzyskane w prezentowanych pracach wyniki wskazują, że naturalnie odnawiające się, populacje sosny i świerka z Puszczy Białowieskiej nie są jednorodne genetycznie, a pomiędzy klasami wieku obserwuje się istotne różnice w poziomie zmienności genetycznej. W badanych pięciu klasach wieku świerka i sosny znaleziono allele i haplotypy unikatowe. Stwierdzono statystycznie istotne różnice częstości alleli pomiędzy poszczególnymi klasami wieku. Interesującym i niespotykanym w doniesieniach literaturowych wynikiem było wykazanie, że poziom różnicowania genetycznego pomiędzy klasami wieku świerka i sosny jest równy, a nawet wyższy niż ten jaki notuje się pomiędzy populacjami tych gatunków. W populacjach badanych gatunków zaobserwowano kierunkowe zmiany częstości pewnych alleli, świadczące o działaniu procesów selekcyjnych.

Należy zaznaczyć, że zarówno w przypadku *P. abies* jak i *P. sylvestris*, zaznacza się tendencja do obniżania poziomu zmienności genetycznej z wiekiem populacji i dostosowywania struktury genetycznej do warunków siedliskowych. Na wyniki te można spojrzeć jeszcze z innej perspektywy przyjmując za punkt wyjścia najstarsze klasy wieku. Widać wówczas, że kolejne, coraz młodsze pokolenia cechuje większe „bogactwo genetyczne”, co świadczy o ich dużym potencjale, a w perspektywie zapewni wystarczająco wysoki poziom zmienności genetycznej do zaistnienia procesów adaptacyjnych. Uważa się bowiem, że zachowywanie wysokiej różnorodności genetycznej zapewnia utrzymywanie potencjału adaptacyjnego populacji.

Na podstawie uzyskanych wyników należy stwierdzić, że intensywny przepływ pyłku, utrudnione rozprzestrzenianie nasion, procesy selekcyjne i adaptacyjne kształtują dynamikę struktury genetycznej samoodnawiającej się populacji *P. abies* i *P. sylvestris* w Puszczy Białowieskiej.

Przedstawione wyniki mogą mieć charakter aplikacyjny w opracowaniu strategii hodowli lasu i ochrony zasobów genowych drzew leśnych. Wskazują bowiem jakie mogą być kierunki

przemian puli genowej samoodnawiającej się populacji w ukształtowanym ekosystemie leśnym. Pokazują jednoznacznie, że następujące po sobie kolejne pokolenia drzew mogą znacząco różnić się pod względem zasobów genetycznych. Oznacza to, że potomstwo drzew doborowych i plantacji nasiennych nie musi zachowywać poziomu zmienniści genetycznej rodziców. Podkreślają również konieczność ochrony możliwie dużych ekosystemów leśnych umożliwiających swobodny przepływ genów między osobnikami i populacjami, a co za tym idzie wysoki poziom zmienności i bogactwa genetycznego. Wyniki przedstawione w pracach mają także implikacje w zakresie praktyk konserwatorskich/ochroniarskich, wskazują również konieczność uwzględniania struktury wiekowej w genetycznych badaniach populacji *P. abies* i *P. sylvestris*.

Literatura

- Ackzell L. 1993. Comparison of planting, sowing and natural regeneration for *Pinus sylvestris* (L.) in Boreal Sweden. *For. Ecol. Manag.* 61, 229–245.
- Bernadzki E., Bolibok L., Brzeziecki B., Zajązkowski J., Żybura H. 1998. Naturalne i antropogeniczne zmiany roślinności Białowieskiego Parku Narodowego. *Archeologia Polski* 18 (1): 181-200.
- Chen X.Y., Song Y.C. 1997. Temporal genetic structure of a *Cyclobalanopsis gluca* population in Huangsham. *Journal of East China Normal University* 4: 79-84.
- Chung M.Y., Nason J.D., Epperson B.K. & Chung M.G. 2003. Temporal aspects of the fine-scale genetic structure in a population of *Cinnamomum insularimontanum* (Lauraceae). *Heredity* 90: 98-106.
- Danielewicz W., Pawlaczyk P. 1998. Rola świerka w strukturze i funkcjonowaniu fitocenozy. W: Boratyński A., Bugała W (red.). *Biologia świerka pospolitego*. Bogucki Wyd. Nauk. Poznań.
- Drozdowski S., Brzeziecki B., Żybura H., Żybura B., Gawron L., Buraczyk W., Zajązkowski J., Bolibok., Szeligowski H., Bielak K., Widawska Z. 2012. Wieloletnia dynamika starodrzewów w zagospodarowanej części Puszczy Białowieskiej: gatunki ekspancyjne i ustępujące. *Sylwan* 156 (9): 663–671.
- Jaramillo-Correa, J.P.; Bousquet, J.; Beaulieu, J.; Isabel, N.; Perron, M.; Bouille, M. 2003. Cross species amplification of mitochondrial DNA sequence-tagged-site markers in conifers: The nature of polymorphism and variation within and among species in *Picea*. *Theor. Appl. Genet.* 106, 1353–1367.
- Korczyk A. 1995. Protection and conservation of gene resources of forest trees in the Białowieża Forest. W: *Protection of Forest Ecosystems Biodiversity of Białowieża Primeval Forest*; Paschalis, P., Rykowski, K., Zajązkowski, S. (red.); Pol Forest Biodiversity Protection Project; Warsaw, Poland.; pp. 95–102
- Laroche, J.; Li, P.; Maggia, L.; Bousquet, J. 1997. Molecular evolution of angiosperm mitochondrial introns and exons. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 94, 5722–5727.

- Orzeł S., Socha J. & Ocha W. 1999. Productivity of mountain spruce stands of medium age classes as related to their altitude location above sea level. *Sylwan* 5: 37-45
- Paluch R. 2014. Rate and direction of changes in tree species composition of natural stands in selected forest associations in the Białowieża Forest. *Forest Res Papers* 74 (4): 385-406.
- Pawlaczyk P. 2010. Zbiorowiska leśne. W: Białowieski Park Narodowy. Poznać-zrozumieć-zachować III. Białowieża, Białowieski Park Narodowy.
- Petit R. J., Bialozyt R., Garnier-Gere P., Hampe A. 2004. Ecology and genetics of tree invasions: from recent introductions to Quaternary migrations. *Forest Ecol. Manage.* 197, 117–137.
- Provan, J., Powell W. and Hollingsworth P.M. 2001. Chloroplast microsatellites: new tools for studies in plant ecology and evolution. *Trends Ecol Evol* 16: 142–147.
- Puumalainen J., Kennedy P. & Folving S. 2003. Monitoring forest biodiversity: a European perspective with reference to temperate and boreal forest zone. *J. Environ. Manage.* 67: 5-14.
- Savolainen O., Pyhajarvi T., Knurr T. 2007. Gene flow and local adaptation in trees. *Ann. Rev. Ecol. Evol. Systemat.* 38, 595–619.
- Sokołowski, A. *Lasy Puszczy Białowieskiej*. Centrum Informacyjne Lasów Państwowych, Warszawa, Polska, 2004.
- Soltis D.E., Soltis P. S. and Milligan B.G. 1992. Intraspecific chloroplast DNA variation: systematics and phylogenetic implications. *In: Molecular Systematics of Plants*. Edited by P.S. Soltis, D.E. Soltis and J.J. DOYLE. Chapman and Hall, New York, pp. 117–150.
- Tonsor S.J., Kalisz J., Fisher J. & Holtsford T.P. 1993. A lifehistory based study of population genetic structure: seed bank to adults in *Plantago lanceolata*. *Evolution* 47: 833-843.

5. Omówienie pozostałych osiągnięć naukowo - badawczych.

Moje zainteresowania naukowe koncentrują się wokół trzech głównych zagadnień:

- Oddziaływanie środowiska (czynniki abiotyczne, zanieczyszczenia przemysłowe, wpływ ozonu) na poziom zmienności genetycznej populacji roślin i związane z tym procesy adaptacyjne.
- Struktura genetyczna populacji drzew leśnych, szczególnie gatunków iglastych o znaczeniu gospodarczym.
- Rozwiązywanie problemów taksonomicznych wybranych grup roślin z wykorzystaniem markerów molekularnych, chemicznych, serologicznych.

- Przez wiele lat koncentrowałam się na problemie zróżnicowania genetycznego *Pinus sylvestris* L. na poziomie populacji i proveniencji w aspekcie silnej presji zanieczyszczeń przemysłowych środowiska. Na tematykę tę zwrócił moją uwagę opiekun naukowy, prof. Wiesław Prus-Głowacki, dzięki któremu miałam możliwość czynnego uczestniczenia w dwóch krajowych i dwóch międzynarodowych projektach badawczych. Dzięki nawiązaniu współpracy z Instytutem Dendrologii PAN w Kórniku, w szczególności z prof. dr hab. Jackiem Oleksynem, uzyskałam możliwość prowadzenia badań na powierzchniach doświadczalnych IUFRO (Międzynarodowa Unia Leśnych Placówek Badawczych) zlokalizowanych w bezpośrednim sąsiedztwie zakładów przemysłowych w Luboniu, Głogowie, Niepołomicach oraz powierzchniach kontrolnych w Kórniku i Supraślu. Wymiernym efektem tych badań była moja rozprawa doktorska „Procesy mikroewolucyjne w populacjach *Pinus sylvestris* L. zachodzące pod wpływem zanieczyszczenia przemysłowego”, cztery indeksowane publikacje, liczne referaty i komunikaty konferencyjne oraz prace magisterskie, nad którymi sprawowałam opiekę. Współpraca ta została później rozszerzona również na inne gatunki drzew iglastych jak *Pinus nigra* i *Pseudotsuga menziesii*.

Głównym celem moich badań była odpowiedź na pytania: i) czy i jaki jest wpływ przemysłowych zanieczyszczeń powietrza na poziom zmienności genetycznej populacji *Pinus sylvestris*; ii) czy pomiędzy populacjami sosny zwyczajnej różnych pochodzeń (proveniencji) istnieją różnice w strukturze genetycznej pod wpływem działającego stresu; iii) czy zróżnicowanie genetyczne obserwowane w badanych populacjach ma charakter zmian mikroewolucyjnych.

Prowadzone przeze mnie badania wyróżniały się obszernym materiałem (20 proveniencji sosny zwyczajnej na każdej powierzchni badawczej), dużą próbą (1200 osobników) i liczbą analizowanych markerów. Uzyskane wyniki pokazały zmiany w strukturze genetycznej proveniencji *Pinus sylvestris* narażonych na działanie silnego stresu (gazowe zanieczyszczenia powietrza) w porównaniu do populacji kontrolnych, wyprowadzonych z tej samej puli nasion (puli genowej). Miały one charakter zmian adaptacyjnych, pozwalających na dostosowanie populacji do niekorzystnych warunków i zwiększających tym samym szanse przeżycia w zanieczyszczonym środowisku. Populacje te wykazywały wyższą heterozygotyczność i większe „bogactwo genetyczne” w stosunku do analogicznych populacji z powierzchni kontrolnych. Wykazano również duże zróżnicowanie genetyczne pomiędzy populacjami sosny pochodzącymi z różnych rejonów europejskiego zasięgu tego gatunku (**Wojnicka-Półtorak 1997**). Zbliżone rezultaty otrzymano w analogicznych badaniach prowadzonych w okolicy KGHM w Głogowie, gdzie głównym

toksyzantem były metale ciężkie powodujące silne skażenie gleby (**Prus-Głowacki, Wojnicka-Półtorak i in. 1999**; 41 cytowań na dzień 28.06.2018). Tematyka ta została również poruszona w dwóch artykułach przeglądowych (**Prus-Głowacki i Wojnicka-Półtorak 1994**; **Wojnicka-Półtorak i in. 2002**).

Niestety stan zdrowia i sytuacja rodzinna nie pozwoliły mi na doskonalenie warsztatu i pogłębianie wiedzy w ośrodkach zagranicznych, dlatego starałam się to czynić na miarę możliwości w kraju.

Na nawiązanie kontaktów zagranicznych pozwolił mi czynny udział w polsko-słowacko-amerykańskim programie badawczym „The Tatra Project” dzięki czemu poszerzyłam moje zainteresowania naukowe o nowe obiekty badawcze (*Picea abies*, *Abies alba*) i nowe aspekty, a mianowicie wpływ siedliska, gazowych zanieczyszczeń powietrza oraz ozonu na pulę genowe populacji (naturalnego i antropogenicznego odnowienia) tych gatunków w Tatrach polskich i słowackich. Zaowocowało to współautorstwem rozdziału w monografii (**Longauer i in. 2002**) dotyczącego porównania struktury genetycznej populacji pochodzących z naturalnego i antropogenicznego odnowienia świerka i jodły eksponowanych na działanie ozonu. Stwierdzono wyższą heterozygotyczność naturalnie odnawiającej się populacji *Picea abies* oraz większe zróżnicowanie genetyczne pomiędzy antropogenicznymi populacjami *Abies alba*. W przypadku obydwu gatunków wykazano znaczne różnice struktury genetycznej porównywanych populacji wskazując jako najbardziej prawdopodobne przyczyny zbyt małą liczbę nasion, które posłużyły do założenia nasadzeń oraz działanie dryfu genetycznego.

Równolegle prowadziłam badania nad genetycznym zróżnicowaniem wewnątrz- i międzypopulacyjnym innych roślin. W ramach współpracy z Uzbecką Akademią Nauk analizowałam zróżnicowanie genetyczne gatunków roślin pustynnych: *Kochia prostrata* var. *virescens* (L.) Schrad. (*Chenopodiaceae*) i gatunków z rodzaju *Salsola* (*Amaranthaceae*). Interesowało mnie szczególnie zróżnicowanie genetyczne i serologiczne związane z zasiedlaniem przez te rośliny skrajnie odmiennych stanowisk. Badania te miały na celu określenie genetycznych podstaw adaptacji do życia w warunkach stresowych, ważnych z ekonomicznego punktu widzenia gatunków roślin pustynnych. Były to pierwsze badania genetyczno-populacyjne prowadzone na tych gatunkach w Uzbekistanie. Ujawniły one bardzo niski poziom zmienności genetycznej wpisując się w hipotezę o ścisłej specjalizacji roślin funkcjonujących w specyficznych, niekorzystnych warunkach środowiska, w tym przypadku pustynnego o wysokim zasoleniu gleby (**Wojnicka-Półtorak i in. 2002**).

Problematykę wpływu zanieczyszczeń przemysłowych na pulę genową populacji *P. sylvestris* realizowałam również w ramach projektu międzywydziałowego (którego byłam pomysłodawcą) z Instytutem Geografii Fizycznej i Planowania Przestrzennego UAM we współpracy z prof. dr hab. Leonem Kozackim i dr hab. Katarzyną Fagiewicz, zakończonych dwoma indeksowanymi publikacjami (**Fagiewicz i in. 2006; Prus-Głowacki i in. 2006**; 20 cytowań na dzień 28.06.2018). Badania genetyczne poprzedzone zostały analizą warunków środowiska (atmosfery i pedosfery) poddanego oddziaływaniu zanieczyszczeń. Dzięki badaniom cytologicznym wykazano liczne aberracje chromosomów i zaburzenia podziału komórek występujące u drzew rosnących na tym obszarze. Wytypowane dwie subpopulacje drzew, o widocznych uszkodzeniach (wrażliwych) i w dobrej kondycji (tolerujących), wykazywały różnice wartości parametrów genetycznych charakteryzujących ich strukturę genetyczną. Wyniki te okazały się bardzo interesujące, dlatego stały się podstawą kontynuacji badań nad tym zjawiskiem przy zastosowaniu innych technik i markerów. Ponadto do badań, obok *Pinus sylvestris*, włączono populację sosny czarnej *Pinus nigra* (drzewa wrażliwe i tolerujące), gatunek o znacznie większej tolerancji na niekorzystne działanie zanieczyszczeń przemysłowych (**Chudzińska i in. 2014**, 12 cytowań na dzień 28.06.2018; **Chudzińska i in. 2016**). W ramach tych zagadnień współpracowałam z prof. dr hab. Ewą Chudzińską z Zakładu Genetyki UAM oraz prof. dr hab. Jeanem Diattą z Zakładu Biochemii Pierwiastków Śladowych Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu. Dzięki tej współpracy możliwe stało się wzbogacenie badań genetycznych o analizy zawartości pierwiastków w materiale roślinnym i glebie oraz analizę morfologii igieł. Badania gleby i materiału roślinnego (igieł) wykazały znaczne przekroczenie norm zawartości metali ciężkich, szczególnie kadmu, cynku i ołowiu. W grupie drzew wrażliwych stwierdzono dziesięć razy wyższy indeks asymetrii fluktuacyjnej (FA) igieł w porównaniu z drzewami tolerującymi. Zastosowanie markerów izoenzymatycznych i jądrowych markerów mikrosatelitarnych (SSR) pokazało znaczne zróżnicowanie genetyczne pomiędzy subpopulacją drzew wrażliwych i tolerujących stres u obydwu gatunków sosen. Podwyższony poziom homozygotyczności drzew lepiej tolerujących stres widoczny był zarówno w pokoleniu drzew rodzicielskich jak i w pokoleniu F₁. Interesującym wynikiem było wykrycie wpływu selekcji stabilizującej w przypadku trzech loci izoenzymatycznych i dwóch mikrosatelitarnych. Jeden locus SSR podlegał selekcji pozytywnej. Wykazano, że w następstwie silnego zanieczyszczenia środowiska, w badanych populacjach sosny zwyczajnej i sosny czarnej, zachodzą procesy adaptacyjne prowadzące do różnicowania się ich pul genowych.

Dodatkowym aspektem mojej współpracy z w/w zespołem były ponadto dwa rozdziały anglojęzycznej monografii (**Chudzińska i in. 2015; Diatta i in. 2015**).

- Jednym z głównych zagadnień badawczych podejmowanych w mojej pracy naukowej jest genetyka populacji roślin nagonasiennych, szczególnie drzew leśnych w aspekcie działań ochroniarskich i konserwatorskich. Prace te mają w równej mierze charakter poznawczy jak i aplikacyjny.

W roku 2003 nawiązałam współpracę z prof. dr hab. Adolfem Korczykiem z Instytutu Badawczego Leśnictwa w Białowieży, co skłoniło mnie do zainteresowania się mało poznanym zagadnieniem zróżnicowania genetycznego w klasach wieku samoodnawiającej się naturalnej populacji sosny zwyczajnej i świerka pospolitego w Puszczy Białowieskiej. Problem ten podjęłam w ramach grantu MNiSW, którego realizację pomyślnie przeprowadziłam będąc na urlopie macierzyńskim i wychowawczym na dwójkę dzieci. Było to możliwe dzięki wspaniałemu zespołowi ludzi, z którym dane mi było współpracować w Zakładzie Genetyki UAM. Po 6 latach przerwy zawodowej wróciłam do pracy w grudniu 2010 roku z przyznaniem kolejnym grantem NCN (we współpracy z Zamiejscowym Wydziałem Leśnym Politechniki Białostockiej), będącym rozszerzeniem i kontynuacją poprzedniego. Rezultaty tych dwóch projektów badawczych stanowią podstawę mojego osiągnięcia naukowego/habilitacyjnego, które opisano powyżej.

Jednym z aspektów moich badań w Puszczy Białowieskiej było opracowanie „genetycznej metryki” dla wybranych, najstarszych (powyżej 100 lat) drzew *Picea abies* w celu zbadania i ochrony ich zasobów genowych (**Wojnicka-Półtorak i in. 2014**). Takie „genetyczne metryki” pozwalają identyfikować poszczególne osobniki, jak również ich wegetatywne potomstwo w archiwum klonów. Wykazano również, że 86% badanych drzew cechuje się unikatowym (niepowtarzalnym) wzorem genotypowym, a 14% osobników jest całkowicie homozygotycznych w zakresie badanych loci.

W ramach rozwijania moich zainteresowań naukowych podjęłam współpracę z dr Piotrem Kosińskim z Instytutu Dendrologii PAN w Kórniku, w rezultacie której zostałam współautorem i głównym wykonawcą projektu badawczego dotyczącego struktury genetycznej europejskich gatunków *Juniperus* sect. *Sabina*. Gatunki te okazały się bardzo trudnym obiektem badawczym wymagającym ode mnie nieszablonowych rozwiązań w pracy laboratoryjnej. Szczególnie cenne okazały się badania genetyczne reliktovej populacji *Juniperus sabina* w Pieninach Centralnych w aspekcie ochrony jej puli genowej. Dotąd brak było doniesień o strukturze genetycznej tego gatunku. Uzyskane wyniki ujawniły, że pomimo

znacznej redukcji liczebności, populacja jałowca sabińskiego z Pienin zachowuje stosunkowo wysoki poziom zmienności genetycznej i znaczne zróżnicowanie pomiędzy osobnikami (**Kosiński i Wojnicka-Półtorak 2010**). Obok cytowanej pracy, efektem tego projektu badawczego były doniesienia konferencyjne oraz dwie prace magisterskie wykonane pod moją opieką.

Brałam udział w projekcie badawczym, finansowanym przez Narodowy Fundusz Ochrony Środowiska i we współpracy z prof. dr hab. Stanisławem Niementurem z IBL w Krakowie, prowadziłam badania zmienności genetycznej na poziomie proveniencji i rodów *Pinus cembra* z czterech tatrzańskich stanowisk. Celem projektu była ocena przydatności różnych proveniencji sosny limby dla wzbogacenia różnorodności gatunkowej regła górnego w Sudetach. Rezultatem tych badań były dwie prace magisterskie i publikacja (**Wojnicka-Półtorak i in. 2015**, 11 cytowań na dzień 28.06.2018). Wykazano polimorfizm genetyczny zarówno na poziomie proveniencji jak i poszczególnych rodów (potomstwo jednego drzewa matecznego). Proveniencja znad Morskiego Oka jako jedyna wykazywała stan równowagi Hardy-Weinberga i cechowała się odrębnością genetyczną. W tej pracy pokazano, że pomimo niewielkich odległości geograficznych, potomstwo tatrzańskich populacji sosny limby jest zdecydowanie bardziej zróżnicowane genetycznie niż karpackie i alpejskie populacje tego gatunku. Ważnym osiągnięciem było wskazanie występowania u *Pinus cembra* zjawiska „mountain effect” (zespół czynników kształtujących poziom zmienności genetycznej populacji górskich) opisanego wcześniej w górskich populacjach *Pinus sylvestris* i *Pinus aristata*.

Zajmowałam się również oceną poziomu zmienności genetycznej drzew doborowych, siewek i klonów sosny rychtalskiej we współpracy z dr Ewą Lenard z Muzeum Przyrodniczego Uniwersytetu Wrocławskiego. Badania te miały charakter aplikacyjny.

Współpracując z dr Konradem Celińskim z Zakładu Genetyki UAM wzięłam udział w opracowaniu markerów mikrosatelitarnych SSR dla *Pinus mugo*, ważnego gatunku ekosystemów górskich Europy. Wysoki koszt opracowania *de novo* markerów SSR dla każdego gatunku stanowi poważne ograniczenie w ich szerszym stosowaniu. W celu obniżenia kosztów wykorzystuje się startery opracowane dla jednego gatunku, do analizy polimorfizmu sekwencji mikrosatelitarnych gatunku pokrewnego (ang. cross- amplification). W pracy **Celiński i in. 2013** (9 cytowań na dzień 28.06.2018) wykorzystano w tym celu markery SSR pierwotnie opracowane dla *Pinus sylvestris* i *Pinus taeda*. Zajmowałam się również oszacowaniem poziomu zróżnicowania genetycznego populacji *Pinus mugo* w Tatrach Zachodnich i Tatrach Wysokich z wykorzystaniem polimorfizmu sekwencji

międzymikrosatelitarnych (ang. ISSR). Wyniki analizy Bayesowskiej i analizy wariancji molekularnej (AMOVA) ujawniły, że analizowane populacje (pomimo niewielkich odległości pomiędzy stanowiskami) formują dwa genetycznie odrębne klastry, które korespondują z ich geobotaniczną lokalizacją w Tatrach Zachodnich i Wysokich (Celiński i in. 2015). Jest to rezultat interakcji wielu czynników genetycznych, środowiskowych, klimatycznych, historycznych i antropogenicznych oddziałujących na tym obszarze.

Aktualnie podjęłam współpracę z prof. UAM dr hab. Lechem Urbaniakiem, koncentrując się na zagadnieniu unikatowych pul genowych reliktowych populacji *Pinus sylvestris* z Tatr, stanowiących mało znane refugium glacialne. Populacje te cechują się odrębnością genetyczną w stosunku do populacji z zasięgu ciągłego tego gatunku. Wykazują również duże zróżnicowanie genetyczne pomimo niewielkich odległości geograficznych. W rezultacie powstała jedna praca (w trakcie recenzji), druga natomiast jest w toku przygotowania.

- Rozwiązywanie problemów taksonomicznych u roślin za pomocą różnych metod (biochemicznych, molekularnych, serologicznych, chemicznych) stanowi kolejny obszar moich zainteresowań naukowych.

Wątrobowce (*Hepaticophyta*) to bardzo ciekawa grupa roślin spokrewniona z mszakami, która od lat jest intensywnie eksplorowana w Zakładzie Genetyki UAM. Jednakże określenie rangi taksonu klasycznymi metodami nastęrcza niejednokrotnie wiele trudności ze względu na duże podobieństwo morfologiczne i częste występowanie gatunków kryptycznych. Dzięki mojej znajomości metod serologicznych i ich wykorzystaniu w badaniach chemotaksonomicznych, udało się pokazać pokrewieństwa między kryptycznymi gatunkami wątrobowców z rodzaju *Pellia* we współpracy z dr Ewą Chudzińską z Zakładu Genetyki UAM (Wojnicka-Półtorak i in. 1997).

Zajmowałam się analizą porównawczą struktury genetycznej potencjalnych naturalnych mieszańców *Pinus mugo* Turra i *Pinus sylvestris* z rezerwatu torfowiskowego „Bór nad Czerwonem”, ich potomstwa oraz populacji rodzicielskich *P. mugo* Turra i *P. sylvestris*. Zarówno populacja mieszańców jak i populacja ich potomstwa odróżniały się zdecydowanie większym „bogactwem genetycznym” (wyrażonym przez wyższą liczbę alleli i genotypów), wyższą heterozygotycznością i współczynnikiem polimorfizmu genotypowego. Współczynnik zróżnicowania genetycznego oraz współczynnik przepływu genów sugerują wysokie powinowactwo mieszańców i ich potomstwa do *P. mugo*, co może świadczyć o introgressywnym charakterze roju mieszańcowego z rezerwatu „Bór nad Czerwonem”

(**Bobowicz i in. 2000**). W ramach tego zagadnienia współpracowałam w Zakładzie Genetyki UAM z zespołem prof.dr hab. Marii Bobowicz.

Współpracując z dr Konradem Celińskim z Zakładu Genetyki UAM zaangażowałam się w nową dla mnie tematykę dotyczącą problemów taksonomicznych w kompleksie *Pinus mugo*, starając się przy tym poszerzać zakres wykorzystywanych metod badawczych. Do kompleksu tego należą między innymi dwa gatunki sosen: *Pinus uncinata* i *Pinus uliginosa* o niejasnej randze taksonomicznej. W celu pogłębienia naszej wiedzy o dodatkowe aspekty zastosowano, po raz pierwszy u tych gatunków, analizę składu olejków eterycznych we współpracy z dr hab. inż. Radosławem Bonikowskim z Politechniki Łódzkiej. Ogółem dla *Pinus uliginosa* zidentyfikowano 87 związków, zaś dla *Pinus uncinata* 98. Zawartości niektórych komponentów znacząco różniły się pomiędzy badanymi taksonami (**Bonikowski i in. 2015**). Kontynuacja tych badań doprowadziła do zaproponowania markerów chemosystematycznych dla trzech gatunków sosen tego kompleksu: *Pinus uncinata*, *Pinus uliginosa* i *Pinus mugo*. Jest to pierwsze doniesienie o zastosowaniu kompozycji związków lotnych z igieł sosny w celu identyfikacji blisko spokrewnionych taksonów (**Celiński i in. 2015**).

Sosna błotna (*Pinus uliginosa*) należy do gatunków zagrożonych wyginięciem ze względu na zmniejszającą się liczebność populacji będącą rezultatem słabego odnawiania się oraz ciągłą hybrydyzację z innymi sosnami kompleksu *Pinus mugo*. Wysoce konserwatywna organizacja genomu i wynikający z tego brak jednoznacznych markerów (pomimo wielu prób ich znalezienia) pozwalających na prawidłową klasyfikację tego taksonu, stały się podstawą do poznania sekwencji całego genomu chloroplastowego. Dokonano tego stosując nowatorską metodę sekwencjonowania nowej generacji (ang. Next Generation Sequencing - NGS). Kompletna sekwencja nukleotydów genomu chloroplastowego *Pinus uliginosa* została zdeponowana w GenBanku (**Celiński i in. 2017a**). Zastosowano również regiony barkodowe chloroplastowego DNA do analizy i rozwiązywania niezgodności taksonomicznych w obrębie rodziny Pinaceae. Analizowane markery okazały się nieprzydatne do identyfikacji blisko spokrewnionych taksonów kompleksu *Pinus mugo*, w przeciwieństwie do bardziej odległych filogenetycznie gatunków (**Celiński i in. 2017b**).

6. Omówienie działalności dydaktycznej i organizacyjnej

Prowadzę zajęcia dydaktyczne realizowane na Wydziale Biologii UAM dla studentów studiów stacjonarnych i niestacjonarnych kierunku Biologia, Biotechnologia, Ochrona

Środowiska, Nauczania Biologii i Przyrody, studentów programu ERASMUS oraz doktorantów w ramach następujących modułów: Genetyka Ogólna, Genotoksykologia, Immunologia, Toksyczne Działanie Substancji Pochodzenia Roślinnego i Zwierzęcego, Komputerowa Analiza Danych Biologicznych. Jestem również współautorem trzech ostatnich modułów. Do chwili obecnej byłam promotorem 8 prac licencjackich i recenzentem 7. Sprawowałam również opiekę nad realizacją 8 prac magisterskich. Jestem współautorem skryptu dla studentów: „Podstawy genetyki. Przewodnik do ćwiczeń laboratoryjnych” pod red. prof. UAM dr hab. Ewy Chudzińskiej.

Angażowałam się w wydarzenia popularyzatorskie promujące naukę. Organizowałam i prowadziłam zajęcia laboratoryjne oraz warsztatowe z zakresu podstaw genetyki, genetyki człowieka, populacji, cytogenetyki w ramach wydarzeń: „Noc Biologów”, „Noc Naukowców”, „Fascynujący Świat Roślin”, „Dni Akademickie”, „Festiwal Nauki” organizowanych na Wydziale Biologii UAM.

W ramach programu TEMPUS razem z prof. Wiesławem Prus-Głowackim i prof. Jeanem Daussanem z Centre National de la Recherche Scientifique Meudon Francja byłam współorganizatorem kursu nowoczesnych metod stosowanych w immunologii.

Sprawowałam opiekę metodyczną i naukową nad stażem:

- mgr Magdaleny Polak, doktorantki z Zakładu Nasiennictwa, Szkółkarstwa i Selekcji Drzew Leśnych Wydziału Leśnego UP w Krakowie w zakresie analizy zmienności genetycznej drzew leśnych.
- Kristiny Toderich i Eleny Shuiskay z Uzbeckiej Akademii Nauk w Samarkandzie w ramach badań nad poziomem zróżnicowania genetycznego roślin pustynnych.

W roku 2018 uzyskałam certyfikat tutora akademickiego wystawiony przez Collegium Wratislaviense.

Byłam inicjatorem i koordynatorem w Zakładzie Genetyki UAM wdrożenia do produkcji skrobi hydrolizowanej do elektroforezy białek we współpracy z firmą Polskie Odczynniki Chemiczne Gliwice. Brałam czynny udział w ustaleniu warunków współpracy, dopracowaniu metodyki hydrolizy skrobi oraz testowaniu i certyfikowaniu kolejnych partii produkcyjnych (2002 – 2003). Efektem tej współpracy była również publikacja popularyzatorska:

A. Wojnicka-Półtorak, M. Danch. 2003. Elektroforeza białek na żelu skrobiowym – wartościowa metoda w badaniach genetyczno-populacyjnych. *Analityka - nauka i praktyka* 3: 39-42. Wydawnictwo „Malamut”.

Jestem członkiem Poznańskiego Towarzystwa Przyjaciół Nauk. W ramach działalności organizacyjnej od roku 2017 reprezentuję grupę niesamodzielną pracowników naukowo-dydaktycznych w Radzie Instytutu Biologii Eksperymentalnej Wydziału Biologii UAM.

