

Autoreferat

1. Imię i nazwisko: Marek Marzec
2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe lub artystyczne – z podaniem podmiotu nadającego stopień, roku ich uzyskania oraz tytułu rozprawy doktorskiej.

- Stopień naukowy doktora nauk biologicznych w dyscyplinie biologii, nadany przez Radę Wydziału Biologii i Ochrony Środowiska, UŚ, w dniu 5.10.2015, na podstawie rozprawy „Charakterystyka komórek epidermy korzenia mutantów włósnikowych jęczmienia z wykorzystaniem technik histologicznych i molekularnych”
promotor: prof. dr hab. Iwona Szarejko
- Dyplom studiów magisterskich uzyskany w 2009 r. (Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Śląski w Katowicach; kierunek Biologia; specjalizacja Biologia ogólna i eksperymentalna)
- Dyplom studiów licencjackich, uzyskany w 2007 r. (Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Śląski w Katowicach; kierunek Biologia; specjalizacja Biologia ogólna i eksperymentalna)

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

od 01.01.2020	Pracownik naukowo-dydaktyczny, stanowisko: <u>profesor Uczelni</u> , Wydział Nauk Przyrodniczych, Uniwersytet Śląski w Katowicach
01.01.2018 -31.12.2019	Pracownik naukowo-dydaktyczny, stanowisko: <u>adiunkt</u> , Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Śląski w Katowicach.
01.01.2016 -31.12.2017	Pracownik naukowy, stanowisko: <u>post-doc</u> , Department of Physiology and Cell Biology, Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Gatersleben, Niemcy.
01.10.2011 -31.12.2017	Pracownik naukowo-dydaktyczny, stanowisko: <u>asystent</u> , Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Śląski w Katowicach.
16.11.2009 -30.09.2011	Pracownik inżynieryjno-techniczny, <u>stanowisko: biolog</u> (½ etatu), Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Śląski w Katowicach.
01.10.2008 -30.09.2009	Pracownik inżynieryjno-techniczny, <u>stanowisko: starszy technik</u> (½ etatu), Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Śląski w Katowicach.
05.11.2007 -30.09.2008	Pracownik inżynieryjno-techniczny, <u>stanowisko: technik</u> (½ etatu), Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Śląski w Katowicach.

4. Omówienie osiągnięć, o których mowa w art. 219 ust. 1 pkt. 2 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2020 r. poz. 85 z późn. zm.). Omówienie to winno dotyczyć merytorycznego ujęcia przedmiotowych osiągnięć, jak i w sposób precyzyjny określać indywidualny wkład w ich powstanie, w przypadku, gdy dane osiągnięcie jest dziełem współautorskim, z uwzględnieniem możliwości wskazywania dorobku z okresu całej kariery zawodowej.

Rola strigolaktonów w procesach związanych ze wzrostem, rozwojem roślin oraz ich adaptacją do czynników środowiskowych

Cykl powiązanych tematycznie artykułów naukowych:

1. **Marzec M**, Muszynska A. 2015. *In silico* analysis of the genes encoding proteins that are involved in the biosynthesis of the RMS/MAX/D pathway revealed new roles of strigolactones in plants. *International Journal of Molecular Sciences* 16: 6757-6782.
IF z roku publikacji: 3,257; punktacja MNiSW: 30; liczba cytowań: 28
2. **Marzec M**, Gruszka D, Tylec P, Szarejko I. 2016. Identification and functional analysis of the *HvDI4* gene involved in strigolactone signaling in *Hordeum vulgare*. *Physiologia Plantarum*, 158(3):341-355
IF z roku publikacji: 3,33; punktacja MNiSW: 40; liczba cytowań: 21
3. **Marzec M**, Brewer PB. 2019. Binding or hydrolysis? How does the strigolactone receptor work? *Trends in Plant Science* 24 (7), 571-574
IF z roku publikacji: 14,416; punktacja MNiSW: 200; liczba cytowań: 9
4. **Marzec M**, Daszkowska-Golec A, Collin A, Melzer M, Eggert E, Szarejko I. 2020. Barley strigolactone signalling mutant *hvd14.d* reveals the role of strigolactones in abscisic acid-dependent response to drought. *Plant, Cell & Environment* 43 (9), 2239-2253
IF z roku publikacji: 6,362; punktacja MNiSW: 140; liczba cytowań: 0
5. **Marzec M**, Situmorang A, Brewer PB, Brąszewska A. 2020. Diverse roles of MAX1 homologues in rice. *Genes* 11 (11), 1348
IF z roku publikacji: 3,759; punktacja MNiSW: 100; liczba cytowań: 0

Łączny Impact Factor prac wchodzących w skład osiągnięcia naukowego: 31,124

Łączna punktacja MNiSW czasopism, w których ukazały się prace wchodzące w skład osiągnięcia naukowego: 510

Łączna liczba cytowań (bez autocytaowań) prac wchodzących w skład osiągnięcia naukowego: 58

Liczba cytowań została podana na podstawie danych pochodzących z portalu *scholar.google.com* z wyłączeniem autocytowań (na dzień 04.01.2021). Aktualne dane dostępne są pod adresem: <https://scholar.google.com/citations?user=SPr5lgQAAAAJ>

Rola strigolaktonów w procesach związanych ze wzrostem, rozwojem roślin oraz ich adaptacją do czynników środowiskowych

Strigolaktony są najmłodszą grupą hormonów roślinnych, która zaangażowana jest w komunikację między korzeniami roślin a symbiotycznymi bakteriami i grzybami, a także pasożytniczymi roślinami. Wykazano, że strigolaktony, przez hamowanie wzrostu zawiązków bocznych, odgrywają kluczową rolę w kształtowaniu architektury pędu, a także kształtowaniu architektury systemu korzeniowego. Ponadto opisano ich udział w odpowiedzi roślin na stresy abiotyczne, takie jak susza czy zasolenie oraz stresy biotyczne. Podstawowe komponenty szlaków biosyntezy oraz sygnalizacji strigolaktonów zostały już zidentyfikowane i opisane u różnych gatunków roślin. Niemniej niektóre z aspektów dotyczących biosyntezy różnych form strigolaktonów czy mechanizmu percepcji i transdukcji ich sygnału, pozostają dla nas zagadką.

Pierwszy przedstawiciel strigolaktonów został opisany w 1966 roku, gdy wykazano, że substancja wyizolowana z wydzieliny korzenia bawełny (*Gossypium hirsutum*) stymuluje kiełkowanie nasion roślin pasożytniczych z rodzaju *Striga*. Substancja ta została nazwana strigolem [1], a w toku dalszych prac wykazano, że występuje również w wydzielinie korzeni innych roślin, takich jak sorgo (*Sorghum bicolor*), kukurydza (*Zea mays*) oraz proso (*Panicum miliaceum*) [2]. Identyfikacja kolejnych dwóch związków o podobnych właściwościach: sorgolaktonu oraz alektrolu pozwoliła na ich zaliczenie do wspólnej grupy nazwanej strigolaktonami [3]. Niemal równocześnie, w 2005 roku, udowodniono, że strigolaktony zaangażowane są w promowanie symbiotycznych interakcji między korzeniami roślin a arbuskularnymi grzybami mikoryzowymi [4]. Natomiast trzy lata później, w 2008 roku, dwa zespoły badawcze wykazały, że strigolaktony hamują rozkrzewianie pędu u grochu (*Pisum sativum*) i *Arabidopsis* (*Arabidopsis thaliana*) [5] oraz u ryżu (*Oryza sativa*) i *Arabidopsis* [6]. Od tego momentu część badaczy zaczęła opisywać strigolaktony jako nową grupę hormonów roślinnych. W kolejnych latach stanowisko to zostało powszechnie zaakceptowane, ponieważ udowodniono: aktywność biologiczną strigolaktonów w stężeniu niższym niż 10^{-5} M, ich udział w całym wachlarzu procesów związanych ze wzrostem i rozwojem roślin oraz obecność u wielu gatunków roślin i mszaków.

Swoją przygodę ze strigolaktonami rozpocząłem w 2011 roku, wraz z uzyskaniem finansowania w ramach programu Ventures Fundacji na rzecz Nauki Polskiej na projekt naukowy zatytułowany „Poszukiwanie i identyfikacja mutantów strigolaktonowych dla uzyskania materiałów wyjściowych do hodowli jęczmienia w Polsce”. Dzięki temu mogłem stworzyć swoją pierwszą grupę badawczą złożoną z dwóch studentów studiów magisterskich oraz mojego współpracownika dr. hab. Damiana Gruszki. W czasie gdy zaczynaliśmy nasze badania, wiedza o strigolaktonach ograniczała się do znajomości części z komponentów zaangażowanych w ich biosyntezę oraz szlak sygnalizacji. Rola strigolaktonów w świecie roślin dopiero była poznawana i mieliśmy okazję pracować w czasach, gdy każdy rok przynosił nowe odkrycia związane ze strigolaktonami. Tak zostało do dziś, ponieważ w 2019 i 2020 roku pojawiły się dwie przełomowe prace dotyczące mechanizmów związanych ze szlakiem sygnalizacji strigolaktonów [7,8].

W 2011 roku rozpoczęliśmy badania zmierzające do przetestowania hipotezy o możliwości wykorzystania mutantów strigolaktonowych jęczmienia (*Hordeum vulgare*) w programach hodowlanych. Natomiast w latach kolejnych, badania przeze mnie prowadzone dotyczyły głównie:

1. Zrozumienia w jaki sposób strigolaktony wpływają na architekturę części nadziemnej u jęczmienia.
2. Poznania mechanizmów percepcji strigolaktonów.
3. Wykazania udziału strigolaktonów w odpowiedzi roślin na stresy abiotyczne i zidentyfikowania nowych procesów rozwojowych u roślin, które mogą być zależne od strigolaktonów.

1. W jaki sposób strigolaktony wpływają na architekturę części nadziemnej u jęczmienia?

Nasze prace pozwoliły na zidentyfikowanie pierwszego mutantu strigolaktonowego jęczmienia, który niesie mutację w genie *HvD14* kodującym receptor strigolaktonów. Mutant ten, *hvd14.d*, został zidentyfikowany jako jeden z siedmiu nowych alleli genu *HvD14* z użyciem strategii TILLING (Marzec i inni, 2016). Rośliny z allelem *hvd14.d* wykazywały fenotyp charakterystyczny dla mutantów strigolaktonowych - były półkarłowe i wytwarzały więcej źdźbeł w porównaniu do odmiany wyjściowej Sebastian. W toku dalszych prac potwierdzono ko-segregację allelu *hvd14.d* z opisywanym fenotypem na podstawie analizy pokolenia F₂ krzyżówki *hvd14.d* x Sebastian. Natomiast szczegółowe fenotypowanie linii *hvd14.d* wykazało, że rośliny te nie tylko wytwarzają prawie dwukrotnie więcej rozgałęzień pędu, ale wykazują także zaburzenia w rozwoju systemu korzeniowego: mutant strigolaktonowy posiadał krótsze i bardziej rozgałęzione korzenie, w porównaniu do odmiany wyjściowej. Nie wykazano natomiast różnic pomiędzy odmianą wyjściową, a linią *hvd14.d* w aspekcie długości mezokotyłu, liczby korzeni zarodkowych, czy długości korzeni bocznych. Informacje te mogą być wykorzystane przez inne grupy badawcze do selekcji nowych mutantów strigolaktonowych spośród form półkarłowych znajdujących się w ich kolekcjach. W opisywanej pracy wykazano także, że linia *hvd14.d* jest niewrażliwa na traktowanie mieszaniną syntetycznych strigolaktonów (GR24), przy jednoczesnym opisanie odpowiedzi formy wyjściowej na takie traktowanie. Udowodniono, że traktowanie dawką 10⁻⁷ M GR24 skutkuje spowolnieniem rozwoju zawiązków bocznych u siewki odmiany wyjściowej, a dawka 10⁻⁶ M GR24 powoduje całkowite zatrzymanie ich rozwoju. Natomiast nawet najwyższe testowane stężenie GR24 (10⁻⁶ M) nie wpłynęło na rozwój zawiązków bocznych u mutantu *hvd14.d*. Szczegółowe analizy działania GR24 na wzrost zawiązków bocznych, wykazały, że zahamowanie ich wzrostu związane jest ze wzrostem stężenia auksyny w zawiązkach bocznych (Fig. 1).

Oznacza to, że strigolaktony regulują rozkrzewienie części nadziemnej jęczmienia przez uniemożliwienie eksportu auksyny z rozwijających się zawiązków. Stąd efekt traktowania strigolaktonem będzie czasowy i będzie występował tak długo, jak odpowiednie stężenie strigolaktonu będzie obecne w tkankach rośliny. Można przyjąć, że tak samo proces ten przebiega w przypadku endogennych strigolaktonów i umożliwia regulowanie rozwoju poszczególnych zawiązków indywidualnie. Tak długo, jak strigolaktony obecne są w tkankach, auksyna jest akumulowana w zawiązku bocznym co uniemożliwia jego wzrost. Gdy stężenie

strigolaktonów spada, auksyna wypływa z zawiązka na skutek polarnego transportu, dzięki czemu zawiązek może zacząć się rozwijać (Fig. 1). W chwili obecnej wiemy, że strigolaktony zaburzają asymetryczną lokalizację białek PIN w błonie komórkowej, a ich asymetryczna lokalizacja w obrębie komórki odgrywa kluczową rolę w polarnym transporcie auksyny [9].

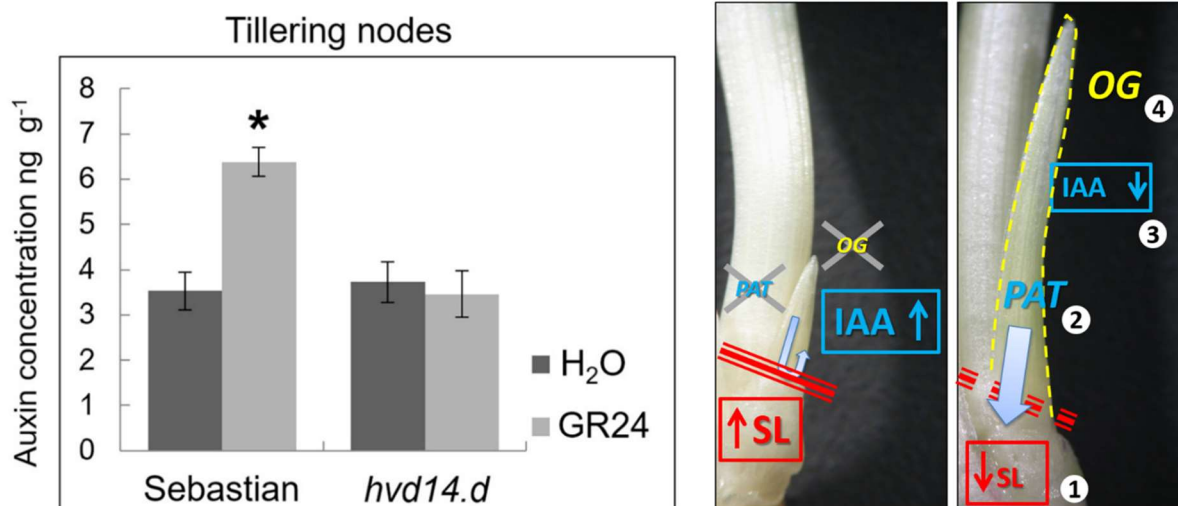


Fig. 1. Wpływ traktowania syntetycznym strigolaktonem na wzrost zawiązków bocznych u jęczmienia. Traktowanie syntetycznym strigolaktonem (GR24) powoduje zatrzymanie wzrostu zawiązków bocznych u jęczmienia co jest połączone z niemal dwukrotnym wzrost stężenia auksyny w tkankach zawiązka w porównaniu do zawiązków w roślin nietraktowanych. Gdy stężenie strigolaktonów ulega zmniejszeniu (1) następuje polarny transport auksyny z tkanek zawiązka (2), co skutkuje spadkiem stężenia auksyny w zawiązku (3) i jego wzrostem (4) (za: Marzec i inni, 2016).

2. Mechanizm percepcji strigolaktonów

Receptor strigolaktonów został po raz pierwszy opisany u ryżu, natomiast dopiero badania nad mutantem petunii wykazały, że należy on do rodziny hydrolaz α/β i może nie tylko związać cząsteczkę strigolaktonu, ale również przeprowadzić jej hydrolizę [10]. Przez długi czas uważano, że tylko mutacje upośledzające aktywność enzymatyczną D14 wpływają na zmianę jego funkcji. W naszej pracy wykazaliśmy, że mutacja poza centrum aktywnym D14 również skutkuje niewrażliwością na strigolaktony. Aby odpowiedzieć na pytanie z czego wynika niewrażliwość linii *hvd14.d* na strigolaktony przeprowadzono analizę wpływu mutacji na strukturę przestrzenną kodowanego białka. Mutacja (zmiana glicyny na kwasu glutaminowy w pozycji 193) zlokalizowana jest w jednej z 4 helis, które budują wejście do centrum aktywnego białka D14. Według modeli, które obowiązywały w 2016 roku, cząsteczka strigolaktonów wiązana jest przez centrum aktywne D14, gdzie dochodzi do reakcji enzymatycznej, w wyniku której część strigolaktonu pozostawała uwięziona wewnątrz receptora. To powodowało zmianę konformacji przestrzennej D14 i możliwość przyłączenia pozostałych białek z kompleksu sygnałowego. Przeprowadzone analizy wykazały, że mutacja *hvd14.d* zwięża światło wejścia do centrum aktywnego HvD14, co skutkuje niemożliwością związania cząsteczki strigolaktonu przez receptor (Marzec i inni, 2016) (Fig. 2). W świetle późniejszych wyników otrzymanych dla innych gatunków mutacja *hvd14.d* stała się szczególnie interesująca dla zespołów badających rolę hydrolizy cząsteczek strigolaktonów w szlaku sygnalizacji tej grupy hormonów.

W 2019 roku opublikowano wyniki badań, wskazujące, że to nie aktywność enzymatyczna receptora D14 jest kluczowa w procesie percepcji strigolaktonów, a samo związanie cząsteczki

hormonu do receptora [7]. Według obecnie obowiązującego modelu degradacja cząsteczki strigolaktonu następuje dopiero po odebraniu sygnału niesionego przez tą cząsteczkę, a aktywność enzymatyczna D14 związana jest z regulacją stężenia strigolaktonów w komórce. Natomiast szlak transdukcji sygnału strigolaktonów rozpoczyna się od zmiany konformacji przestrzennej D14, która jest wynikiem samego związania cząsteczki strigolaktonu. To z kolei wpływa na konformację przestrzenną jednego z białek F-box, budującego kompleks sygnałowy dla strigolaktonów. Dzięki temu możliwa jest rekrutacja pozostałych komponentów tego kompleksu i finalnie represora, który po skierowaniu na drogę degradacji uwalnia ekspresję genów zależnych od strigolaktonów (Figura 3). Wyniki tej przełomowej pracy opisaliśmy w artykule przeglądowym **Marzec i Brewer, 2019**.

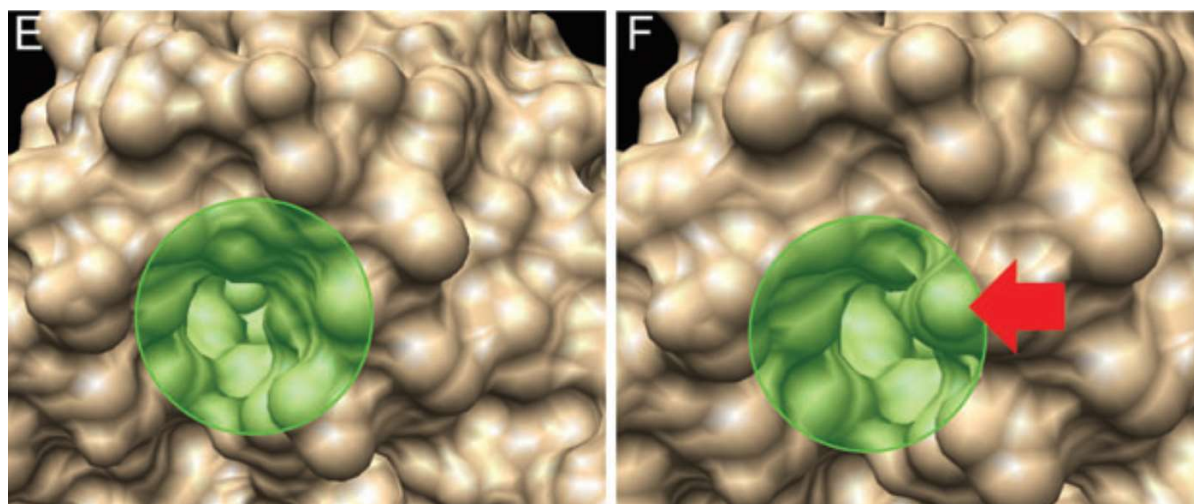


Fig. 2. Wizualizacja białka HvD14. Zielony okrąg wskazuje na wejście do centrum aktywnego α/β hydrolazy u odmiany wyjściowej (po lewej) oraz mutantu *hvd14.d* (po prawej). Strzałką zaznaczono efekty mutacji *hvd14.d* która zwęży kanał prowadzący do wnętrza białka D14 (za: Marzec i inni, 2016).

3. Udział strigolaktonów w odpowiedzi roślin na stresy abiotyczne i identyfikacja nowych procesów rozwojowych u roślin, które mogą być zależne od strigolaktonów

Pierwsze prace wskazujące na udział strigolaktonów w odpowiedzi roślin na stres suszy pojawiły się w 2014 roku, jednak opisywały sprzeczne ze sobą wyniki [11,12]. Jeden z zespołów wykazał, że zarówno mutanty biosyntezy, jak i sygnalizacji strigolaktonów u *Arabidopsis* są nadwrażliwe na suszę [11], podczas gdy w pracach drugiego zespołu nadwrażliwość na suszę została udowodniona tylko dla mutantów *Arabidopsis* z uszkodzeniem w sygnalizacji strigolaktonów, ale nie dla mutantów biosyntezy [12]. Ponadto, w tamtym czasie, zaproponowano, że strigolaktony mogą brać udział w zwiększaniu tolerancji roślin sałaty (*Lactuca sativa*) na stres zasolenia, poprzez promowanie symbiozy z grzybami arbuskularnymi [13]. Dostrzegając brak podobnych prac, przeprowadzono szczegółowe analizy *in silico* genów kodujących enzymy zaangażowane w pierwsze etapy biosyntezy strigolaktonów u dwóch gatunków modelowych, jednoliściennego ryżu oraz dwuliściennej *Arabidopsis* *AtD27/OsD27*, *AtMAX3/OsD17*, *AtMAX4/OsD10* oraz *AtMAX1/OsMAX1* (**Marzec i Muszyńska, 2015**) (Fig. 4). Przeanalizowano sekwencje promotorów w celu identyfikacji czynników transkrypcyjnych, mogących regulować ekspresję wspomnianych genów, a także ich sekwencje kodujące w celu wytypowania cząsteczek miRNA, które mogą być zaangażowane w potranslacyjną regulację badanych genów. Ponadto wykorzystano bazy zawierające dane pochodzące z eksperymentów dotyczących sekwencjonowania

transkryptomów w celu opisanego profilu ekspresji badanych genów w odpowiedzi na stresy biotyczne i abiotyczne, oraz traktowanie różnymi hormonami roślinnymi (kwasem abscysynowym, auksyną, brasinosteroidem, kwasem jasmonowym, giberelinami oraz cytokininami).

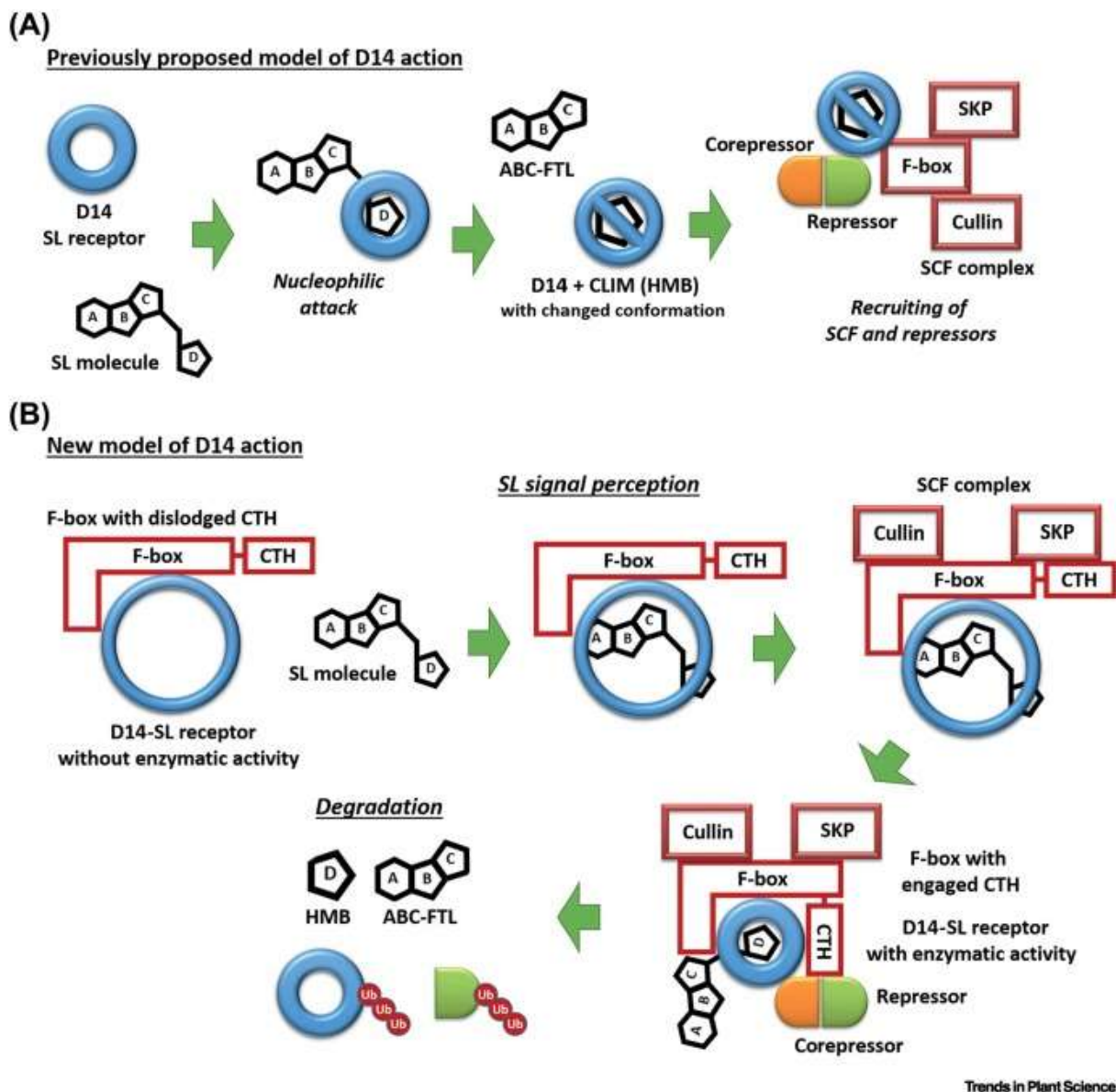


Fig. 3. Porównanie dwóch modeli percepcji sygnału strigolaktonów, opis w tekście (za: Marzec i Brewer, 2019).

W toku prowadzonych badań udowodniono, że grupa czynników transkrypcyjnych może pełnić kluczową rolę w kontroli ekspresji wszystkich genów kodujących komponenty szlaku biosyntezy u ryżu (WRKY71OS oraz BIHD1OS) oraz Arabidopsis (m.in. AGL3, ATHB-1, ATHB-5, ATHB-9, ACGTATERD1, ARR10). Ponadto zidentyfikowano cząsteczki miRNA rozpoznające transkrypty wszystkich badanych genów u obu gatunków (*osa-miR444* i *osa-miR528* u ryżu oraz *ath-miR165b*, *ath-miR166a-g* u Arabidopsis). Wskazuje to, że zarówno u jednoliściennych, jak i dwuliściennych istnieją mechanizmy regulacji ekspresji wszystkich genów kodujących enzymy związane z początkowymi etapami biosyntezy strigolaktonów. Oznacza to, że na podstawie analiz funkcji zidentyfikowanych czynników transkrypcyjnych i cząsteczek miRNA, można wnioskować o nowych procesach, w które strigolaktony mogą być

zaangażowane. W połączeniu z wynikami pochodzącymi z eksperymentów opisujących profile ekspresji badanych genów, wykazano że strigolaktony są zaangażowane w odpowiedź roślin na stres suszy, zranienie, stres zimna czy zalewanie, a także udział w odpowiedzi na stesy biotyczne. Kolejne lata przyniosły potwierdzenie naszych przewidywań i serię artykułów naukowych, w których udowodniono m.in. rolę strigolaktonów w odpowiedzi roślin na atak patogenów [14].

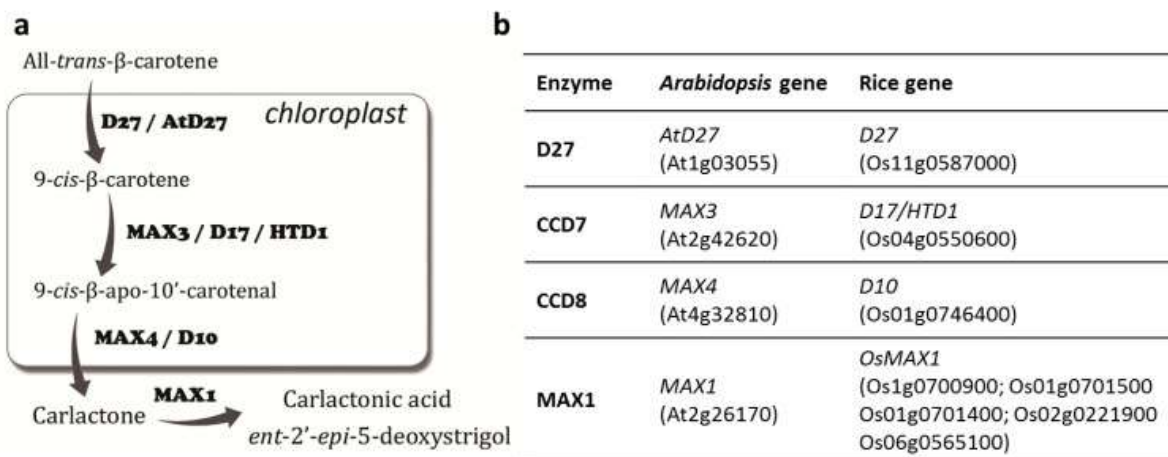


Fig. 4. Szlak biosyntezy strigolaktonów z zaznaczeniem enzymów biorących udział w początkowych etapach ich produkcji zidentyfikowanych u ryżu i *Arabidopsis* (za: Marzec i Muszyńska, 2015).

Jak wspomniano, rola strigolaktonów w odpowiedzi roślin na stres suszy przez długi czas pozostawała niejasna, ponieważ różne grupy badawcze otrzymywały sprzeczne wyniki, wykorzystując w eksperymentach mutanty strigolaktonowe różnych gatunków oraz syntetyczne analogi strigolaktonów. Wynika to najprawdopodobniej z tego, że najpopularniejszy syntetyczny strigolakton GR24 w rzeczywistości jest mieszaniną czterech związków chemicznych o różnej aktywności biologicznej. Dodatkowo część badań prowadzona była zanim opisano receptor strigolaktonów D14 i wykorzystywano w nich mutanty w innym komponencie szlaku sygnalizacji strigolaktonów – MAX2 – który bierze udział także w transdukcji sygnału innych hormonów roślinnych. Stąd zdecydowaliśmy się podjąć próbę odpowiedzi na pytanie o rzeczywistą rolę strigolaktonów w odpowiedzi roślin na stres suszy z wykorzystaniem mutantów z uszkodzeniem w receptorze D14 u jęczmienia oraz *Arabidopsis*. Otrzymane wyniki wykazały, że w przypadku obu mutantów były one nadwrażliwe na stres suszy, w porównaniu do odmian wyjściowych (Marzec i inni, 2020a). Nadwrażliwość ta objawiała się szybszą utratą wody, silniejszym uszkodzeniem aparatu fotosyntetycznego oraz dezorganizacją struktury chloroplastów. Jest to spowodowane wolniejszym zamykaniem aparatów szparkowych oraz cieńszą ścianą komórkową i warstwą wosków na powierzchni liści u mutantu, w porównaniu do odmiany wyjściowej, podczas ekspozycji na stres suszy. Wykazano, że wolniejsze zamykanie aparatów szparkowych wynika z obniżonej wrażliwości *hvd14.d* na kwas abscysynowy, pełniący kluczową rolę w odpowiedzi roślin na stres niedoboru wody. W opisywanej pracy zaprezentowano zależność pomiędzy strigolaktonami a kwasem abscysynowym w trakcie odpowiedzi na stres suszy. Wyniki te były

również podstawą do wniosku grantowego, który uzyskał finansowanie i pozwoli nam na dokładne przebadanie tych zależności na poziomie molekularnym (Opus: 2020/37/B/NZ3/03696). Ponadto w celu poznania molekularnych mechanizmów udziału strigolaktonów w odpowiedzi na stres suszy pozyskano finansowanie w ramach programu Beethoven Life współfinansowanego przez NCN oraz niemiecką DFG (2018/31/F/NZ2/03848). W obu projektach pełnię funkcję kierownika.

O ile pierwsze etapy biosyntezy strigolaktonów przebiegają podobnie u wszystkich zbadanych gatunków roślin i prowadzone są przez te enzymy należące do tych samych klas białek, to dalsze etapy różnicowania strigolaktonów (na ponad 30 związków chemicznych opisanych do tej pory), pozostają nieznane. Początkowe etapy produkcji strigolaktonów, które przebiegają w obrębie plastydów są identyczne u gatunków roślin jedno- i dwuliściennych, prowadząc do powstania karlaktonu. Ten prekursor strigolaktonów u *Arabidopsis* jest przekształcany przez enzym AtMAX1 do kwasu karlaktonowego (9-desmethyl-9-carboxy-carlacton) [15]. Co ważne tylko jedna kopia genu kodującego białko AtMAX1 została zidentyfikowana w genomie *Arabidopsis* [16]. Podczas gdy u ryżu opisano pięć kopii genu *OsMAX1* (*Os01g0700900*, *Os01g0701400*, *Os01g0701500*, *Os02g0221900*, *Os06g0565100*), które wykazują zróżnicowaną aktywność enzymatyczną i mogą brać udział w różnych etapach biosyntezy strigolaktonów (Fig. 5). Ponieważ coraz więcej nowych klas strigolaktonów jest identyfikowanych u różnych gatunków, a także opisywane są nowe procesy, w które strigolaktony mogą być zaangażowane postawiłem hipotezę, że u jednoliściennych każdy z enzymów MAX1 może podlegać różnym mechanizmom regulacji, a przez to być aktywny w różnych procesach związanych ze wzrostem i rozwojem roślin, bądź też ich adaptacją do różnych czynników środowiskowych. W celu potwierdzenia tej hipotezy przeprowadzono analizy *in silico* dotyczące mechanizmów regulacji ekspresji genów kodujących białka OsMAX1 u ryżu, a także opisano profile ich ekspresji w odpowiedzi na różne czynniki zewnętrzne oraz geny o podobnych do nich profilach ekspresji (**Marzec i inni, 2020b**). Funkcje każdego ze zidentyfikowanych czynników transkrypcyjnych oraz każdej z cząsteczek miRNA, regulujących ekspresję *OsMAX1*, zostały opisane na podstawie danych eksperymentalnych dostępnych w literaturze naukowej. Również geny o podobnych do *OsMAX1* profilach ekspresji zostały wykorzystane do przeszukania literatury naukowej w celu opisanie ich rzeczywistej funkcji u roślin, a nie tylko przewidywań *in silico*. Na podstawie tych pracochłonnych analiz wykazano, że każdy z genów kodujących jeden z pięciu enzymów OsMAX1 u ryżu regulowany jest przez specyficzne czynniki transkrypcyjne oraz cząsteczki miRNA, co pozwala na przypisanie poszczególnym OsMAX1 unikalnych funkcji, które mogą pełnić u roślin. Jest to kluczowe dla dalszych badań roli strigolaktonów, zwłaszcza u jednoliściennych. Szczególnie interesująca wydaje się jedna z kopii *MAX1* (*Os06g0565100*), dla której wykazano udział w procesie biosyntezy wosków. Gen *Os06g0565100* regulowany jest przez czynnik transkrypcyjny OsWR1, odpowiadający za kontrolę ekspresji genów zaangażowanych w syntezę wosków. Wykazano również, że w sekwencji mRNA tego genu (*Os06g0565100*) znajduje się miejsce wiązania dla miRNA *osa-miR1848* pełniącego kluczową funkcję w procesach syntezy wosków. Ponieważ udowodniliśmy udział strigolaktonów w odpowiedzi roślin na suszę, a jednym z mechanizmów obrony przed tym stresem jest synteza wosków nasze badania wskazują, który z enzymów MAX1 może pełnić kluczową funkcję w procesie adaptacji do warunków niedoboru wody.

Mając wiedzę o mechanizmach kontrolujących aktywność poszczególnych enzymów odpowiadających za rozgałęzienie szlaku biosyntezy strigolaktonów możliwe będzie planowanie eksperymentów zmierzających do opisanie dalszych komponentów tych szlaków. W opisywanej pracy zwracamy również uwagę na konieczność rozpoczęcia prac zmierzających

do wyprowadzenia mutantów z uszkodzeniami w pojedynczych kopiach *MAX1* u jednoliściennych co pozwoli na potwierdzenie unikalnych funkcji poszczególnych *MAX1* u roślin. Prace takie – dla jęczmienia – prowadzone są m.in. w ramach projektu Beethoven Life, którego jestem kierownikiem.

Ponadto nasze analizy wskazały na mechanizmy regulacji, które są uniwersalne dla wszystkich pięciu kopii *OsMAX1*. W większości przypadków funkcja czynników transkrypcyjnych bądź cząsteczek miRNA regulujących ekspresję wszystkich *OsMAX1* była zgodna z dotychczas opisanymi funkcjami strigolaktonów u roślin. Jednak na podstawie naszych wyników zaproponowaliśmy także nowe funkcje strigolaktonów, które do tej pory nie były postulowane. Są to m.in. udział w rozwoju kwiatów oraz udział w odpowiedzi na stres metali ciężkich. W chwili obecnej prowadzone są prace eksperymentalne związane z odpowiedzią opisanego przez nas mutantu *hvd14.d*, które potwierdzają jego nadwrażliwość na traktowanie kadmem oraz cynkiem (Marzec i inni, *niepublikowane*). Podsumowując, opisywana praca wyznacza nowe kierunki w badaniach nad strigolaktonami oraz stawia bardzo odważną hipotezę odnośnie zróżnicowanej roli *MAX1* u jednoliściennych, która może zmienić postrzeganie funkcji strigolaktonów u roślin.

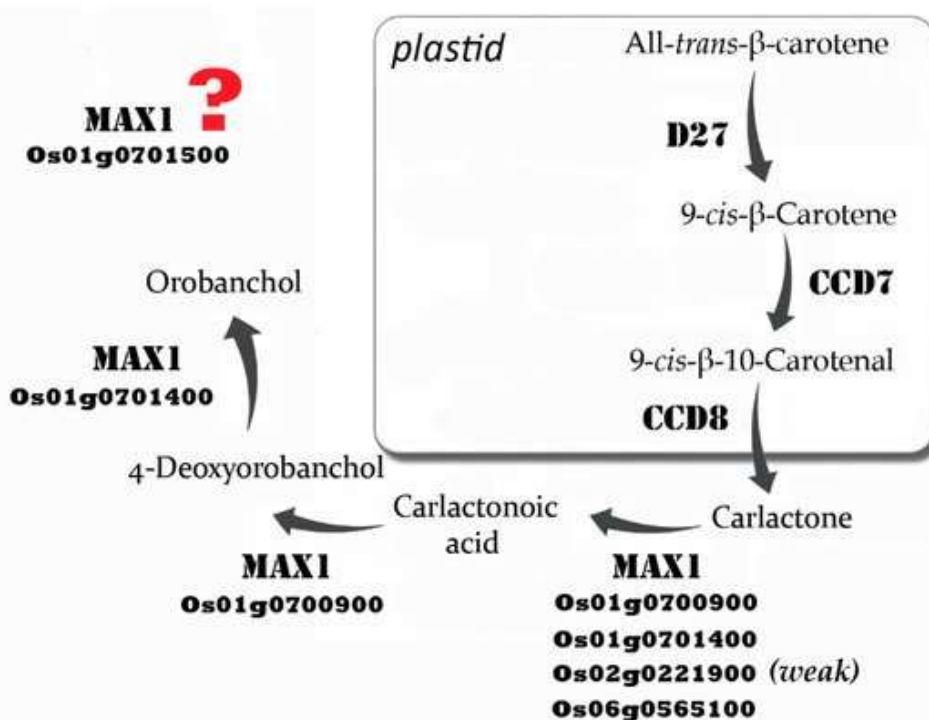


Fig. 5. Szlak biosyntezy strigolaktonów u ryżu z zaznaczeniem potencjalnych funkcji homologów *OsMAX1* (za: Marzec i inni, 2020b).

Za najważniejsze spośród dotychczasowych osiągnięć uważam:

1. Wykazanie, że mutacje niewplywające na aktywność katalityczną białka D14 mogą skutkować niewrażliwością na strigolaktony.
2. Udowodnienie hamującej roli strigolaktonów na rozkrzewienie jęczmienia przez zaburzenie polarnego wypływu auksyny z zawiązków źdźbeł.

3. Wykazanie, że nadwrażliwość na suszę mutanta strigolaktonowego jęczmienia związana jest z jego obniżoną wrażliwością na kwas abscysynowy.
4. Zidentyfikowanie uniwersalnych mechanizmów regulacji ekspresji genów kodujących enzymy biosyntezy strigolaktonów u *Arabidopsis* i ryżu, przez co możliwe było zaproponowanie nowych funkcji strigolaktonów u roślin.
5. Zidentyfikowanie mechanizmów regulacji ekspresji specyficznych dla poszczególnych homologów *MAX1* u jednoliściennych i wskazanie na to, że mogą być zaangażowane w różne procesy rozwoju i adaptacyjne u roślin.

Literatura:

- 1 Cook, C.E. *et al.* (1966) Germination of Witchweed (*Striga lutea* Lour.): Isolation and Properties of a Potent Stimulant. *Science* 154, 1189–1190
- 2 Siame, B.A. *et al.* (1993) Isolation of strigol, a germination stimulant for *Striga asiatica*, from host plants. *J. Agric. Food Chem.* 41, 1486–1491
- 3 Akiyama, K. and Hayashi, H. (2006) Strigolactones: chemical signals for fungal symbionts and parasitic weeds in plant roots. *Ann Bot* 97, 925–931
- 4 Akiyama, K. *et al.* (2005) Plant sesquiterpenes induce hyphal branching in arbuscular mycorrhizal fungi. *Nature* 435, 824–827
- 5 Gomez-Roldan, V. *et al.* (2008) Strigolactone inhibition of shoot branching. *Nature* 455, 189–194
- 6 Umehara, M. *et al.* (2008) Inhibition of shoot branching by new terpenoid plant hormones. *Nature* 455, 195–200
- 7 Seto, Y. *et al.* (2019) Strigolactone perception and deactivation by a hydrolase receptor DWARF14. *Nat Commun* 10, 191
- 8 Wang, L. *et al.* (2020) Transcriptional regulation of strigolactone signalling in *Arabidopsis*. *Nature* 583, 277–281
- 9 Zhang, J. *et al.* (2020) Strigolactones inhibit auxin feedback on PIN-dependent auxin transport canalization. *Nat Commun* 11, 3508
- 10 Hamiaux, C. *et al.* (2012) DAD2 is an α/β hydrolase likely to be involved in the perception of the plant branching hormone, strigolactone. *Curr. Biol.* 22, 2032–2036
- 11 Ha, C.V. *et al.* (2014) Positive regulatory role of strigolactone in plant responses to drought and salt stress. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 111, 851–856
- 12 Bu, Q. *et al.* (2014) Regulation of drought tolerance by the F-box protein MAX2 in *Arabidopsis*. *Plant Physiol.* 164, 424–439
- 13 Aroca, R. *et al.* (2013) Arbuscular mycorrhizal symbiosis influences strigolactone production under salinity and alleviates salt stress in lettuce plants. *J Plant Physiol* 170, 47–55
- 14 Marzec, M. (2016) Strigolactones as Part of the Plant Defence System. *Trends Plant Sci.* 21, 900–903
- 15 Abe, S. *et al.* (2014) Carlactone is converted to carlactonoic acid by MAX1 in *Arabidopsis* and its methyl ester can directly interact with AtD14 in vitro. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 111, 18084–18089
- 16 Booker, J. *et al.* (2005) MAX1 encodes a cytochrome P450 family member that acts downstream of MAX3/4 to produce a carotenoid-derived branch-inhibiting hormone. *Dev. Cell* 8, 443–449

Pozostała aktywność naukowa

Ponadto w trakcie swoich badań nad strigolaktonami opublikowałem cykl prac przeglądowych, które miały przybliżyć Czytelnikom najnowsze odkrycia w tym temacie:

- 1) **Marzec M**, Muszyńska A, Gruszka D. 2013. The role of strigolactones in nutrient-stress responses in plants, *International Journal of Molecular Sciences* 14: 9286-9304
IF z roku publikacji: 2,339; punktacja MNiSW: 30; liczba cytowań: 38
- 2) **Marzec M**. 2016. Perception and signalling of strigolactones. *Frontiers in Plant Science*, 7:1260
IF z roku publikacji: 3,33; punktacja MNiSW: 40; liczba cytowań: 17
- 3) **Marzec M**. 2016. Strigolactones as part of the plant defence system. *Trends in Plant Science*, 21(11):900-903
IF z roku publikacji: 11,911; punktacja MNiSW: 50; liczba cytowań: 21
- 4) **Marzec M**. 2017. Strigolactones and gibberellins: new couple in hormone world. *Trends in Plant Science*, 22(10):813-815

IF z roku publikacji: 12,149; punktacja MNiSW: 50; liczba cytowań: 15

- 5) **Marzec M**, Melzer M. 2018. Regulation of root development and architecture by strigolactones under optimal and nutrient deficiency conditions. *International Journal of Molecular Sciences* 19: 1887.

IF z roku publikacji: 4,183; punktacja MNiSW: 140; liczba cytowań: 8

W trakcie studiów doktoranckich prowadziłem badania związane z charakterystyką komórek epidermy korzenia mutantów włosnikowych jęczmienia z wykorzystaniem technik histologicznych i molekularnych. Włosniki są to tubularne wypustki komórek ryzodermi zwiększające powierzchnię systemu korzeniowego. Na podstawie przeprowadzonych analiz wykazano, że u jęczmienia specjalizacja trichoblastów i atrichoblastów następuje na skutek asymetrycznego wzrostu komórek powstałych po symetrycznym podziale komórki macierzystej. Ponadto, oba typy komórek ryzodermi ułożone są naprzemiennie, a ich rozpoznanie możliwe jest w bardzo wczesnym etapie specjalizacji. Trichoblasty są krótsze, w porównaniu do atrichoblastów, zawierają bardziej gęstą cytoplazmę, większą liczbę mitochondriów i tylko one mogą wytwarzać wypustki włosnikowe. Trichoblasty obecne były u wszystkich analizowanych genotypów, które wytwarzały włosniki bądź ich zawiązki, natomiast u dwóch allelicznych mutantów bezwłosnikowych obraz histologiczny ryzodermi nie pozwalał na wyróżnienie krótszych i dłuższych komórek (**Marzec i inni, 2013**). Uzyskane wyniki przedyskutowano w aspekcie ewolucyjnego konserwowania mechanizmów powstawania wzoru ryzodermi u traw (**Marzec i inni, 2014**).

Wykorzystując informacje o histologicznych podstawach różnicowania włosników oraz kolekcję mutantów włosnikowych jęczmienia, przeprowadzono badania nad rolą białek arabinogalaktynowych (AGP) w procesie dyferencjacji ryzodermi u tego gatunku. AGP związane są z wieloma procesami rozwojowymi roślin, w tym ze wzrostem łagiewki pyłkowej, charakteryzującej się podobnie jak włosniki, szczytowym typem wzrostem. W celu opisanie funkcji AGP w procesie różnicowania włosników oraz wytypowania konkretnych epitopów, spośród tej dużej rodziny białek, które mogą być zaangażowane w specjalizację komórek ryzodermi jęczmienia wykorzystano techniki immunolokalizacji białek. Analizy z użyciem przeciwciał skierowanych przeciwko dziesięciu różnym epitopom AGP pozwoliły na opisanie nierównomiernej dystrybucji trzech z nich (LM2, LM14, MAC207) w obrębie ryzodermi u form wytwarzających włosniki. Ponadto, wykazano zróżnicowaną lokalizację komórkową tych epitopów podczas dyferencjacji ryzodermi: w komórkach włosnikowych analizowane AGP obecne były w cytoplazmie i ścianie komórkowej bulwki oraz wypustki włosnikowej, podczas gdy w atrichoblastach obserwowano ich pojedyncze epitopy wyłącznie w cytoplazmie. Wykazano również, że tylko epitopy LM2 występują w matriks pozakomórkowej każdego z genotypów wytwarzających włosniki, a ich obecność ograniczona jest wyłącznie do bulwki i wypustki włosnikowej. Wyniki te wskazują na udział przynajmniej trzech klas AGP w różnicowaniu włosników u jęczmienia, a kluczowe znaczenie w tym procesie może mieć transport tych białek do ściany komórkowej bądź na zewnątrz komórki, gdzie pełnić mogą funkcje regulatorowe, związane z wydłużaniem wypustki włosnikowej (**Marzec i inni, 2015**).

- 1) **Marzec M**, Melzer M, Szarejko I. 2013. The asymmetrical growth of root epidermal cells is required for the differentiation of root hair cells in *Hordeum vulgare* (L.), *Journal of Experimental Botany*, 64: 5145-5155.

IF z roku publikacji: 5,794; punktacja MNiSW: 45; liczba cytowań: 25

- 2) **Marzec M**, Melzer M, Szarejko I. 2014. The evolutionary context of root epidermis cell patterning in grasses (Poaceae), *Plant Signaling & Behavior*, 9: e27972.

IF z roku publikacji: brak; punktacja MNiSW: brak; liczba cytowań: 12

- 3) **Marzec M**, Szarejko I, Melzer M. 2015. Arabinogalactan proteins are involved in root hair development in barley. *Journal of Experimental Botany*, 66: 1245-1257.
IF z roku publikacji: 5,677; punktacja MNiSW: 45; liczba cytowań: 21
- 4) **Marzec M**, Melzer M, Szarejko I. 2015. Root hair development in the grasses: what we already know and what we still need to know? *Plant Physiology*, 168: 1-9.
IF z roku publikacji: 6,28; punktacja MNiSW: 45; liczba cytowań: 26

Ponadto swoją wiedzę i umiejętności z zakresu technik biologii komórki wykorzystywałem współpracując z zespołami badającymi molekularne mechanizmy odpowiedzi roślin na suszę:

- 1) Daszkowska-Golec A, Skubacz A, **Marzec M**, Slota M, Kurowska M, Gajeczka M, Gajewska M, Płociniczak M, Sitko K, Pacak A, Szweykowska-Kulinska Z, Szarejko I. 2017. Mutation in HvCBP20 (Cap-Binding Protein 20) adapts barley to drought stress at phenotypic and transcriptomic levels. *Frontiers in Plant Science*, 8: 942
IF z roku publikacji: 3,677; punktacja MNiSW: 40; liczba cytowań: 16

oraz rozwojem plastydów u jęczmienia:

- 1) Gajeczka M, **Marzec M**, Chmielewska B, Jelonek J, Zbieszczek J, Szarejko I. 2020. Plastid differentiation during microgametogenesis determines green plant regeneration in barley microspore culture. *Plant Science*, 291, 110321.
IF z roku publikacji: 3,591; punktacja MNiSW: 100; liczba cytowań: 2
- 2) Gajeczka M, **Marzec M**, Chmielewska B, Jelonek J, Zbieszczek J, Szarejko I. 2020. Changes in plastid biogenesis leading to the formation of albino regenerants in barley microspore culture. *BMC Plant Biology*, 21: 22. doi: 10.1186/s12870-020-02755-z
IF z roku publikacji: 3,497; punktacja MNiSW: 140; liczba cytowań: 0

Od kilku lat staram się również prezentować przełomowe wyniki otrzymywane przez inne zespoły naukowe w formie przystępnej dla szerokiego grona czytelników. Zaowocowało to przygotowaniem serii krótkich artykułów, dotyczących głównie tematyki edycji genomu:

- 1) **Marzec M**, Hensel G. 2018 Targeted base editing systems are available for plants. *Trends in Plant Science* 11, 955-957
IF z roku publikacji: 14,416; punktacja MNiSW: 200; liczba cytowań: 7
- 2) **Marzec M**, Hensel G. 2019. More precise, more universal and more specific - the next generation of RNA-guided endonucleases for genome editing *FEBS Journal*, 23, 4657-4660
IF z roku publikacji: 4,392; punktacja MNiSW: 100; liczba cytowań: 1
- 3) **Marzec M**, Braszewska-Zalewska A, Hensel G. 2020. Prime Editing: A New Way for Genome Editing. *Trends in Cell Biology*. 30(4):257-259
IF z roku publikacji: 16,041; punktacja MNiSW: 200; liczba cytowań: 12
- 4) **Marzec M**. New insights into the function of mammalian Argonaute2. 2020. *PLoS Genetics* 16 (11), e1009058
IF z roku publikacji: 5,175; punktacja MNiSW: 140; liczba cytowań: 0
- 5) **Marzec M**, Hensel G. 2020. Prime Editing: Game Changer for Modifying Plant Genomes. *Trends in Plant Science* 25 (8), 722-724
IF z roku publikacji: 14,416; punktacja MNiSW: 200; liczba cytowań: 7

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

W trakcie mojego dwuletniego pobytu w niemieckim instytucie IPK w Gatersleben, miałem okazję współpracować z kilkoma grupami badawczymi co zaowocowało następującymi publikacjami:

- 1) Malak AK, Worch S, Böer E, Hartmann A, Mascher M, **Marzec M**, Scholz U, Riechen J, Baronian K, Schauer K, Bode R, Kunze G. 2017. Agdclp – a gallic acid decarboxylase involved in the degradation of tannic acid in the yeast *Blastobotrys (Arxula) adenivorans*. *Frontiers in Microbiology*, 8:1777
IF z roku publikacji: 4,019; punktacja MNiSW: 35; liczba cytowań: 12
- 2) Biernacki M, **Marzec M**, Roick T, Pätz R, Baronian K, Bode R, Kunze G. 2017. Enhancement of poly(3-hydroxybutyrate-co-3-hydroxyvalerate) accumulation in *Arxula adenivorans* by stabilization of production. *Microbial Cell Factories*, 16(1):144
IF z roku publikacji: 3,831; punktacja MNiSW: 40; liczba cytowań: 5
- 3) Zelkowski M, Zelkowska K, Conrad U, Hesse S, Lermontova I, **Marzec M**, Houben A, Schubert V. 2019. Arabidopsis NSE4 proteins act in somatic nuclei and meiosis to ensure plant viability and fertility. *Frontiers in Plant Science*
IF z roku publikacji: 4,106; punktacja MNiSW: 100; liczba cytowań: 6

Ponadto w trakcie tego okresu, publikacje naukowe mojego autorstwa były również afiliowane do IPK (niektóre z nich wymienione już były powyżej):

- 1) **Marzec M**. 2016. Perception and signalling of strigolactones. *Frontiers in Plant Science*, 7:1260
IF z roku publikacji: 3,33; punktacja MNiSW: 40; liczba cytowań: 17
- 2) **Marzec M**. 2016. Strigolactones as part of the plant defence system. *Trends in Plant Science*, 21(11):900-903
IF z roku publikacji: 11,911; punktacja MNiSW: 50; liczba cytowań: 21
- 3) **Marzec M**. 2017. Strigolactones and gibberellins: new couple in hormone world. *Trends in Plant Science*, 22(10):813-815
IF z roku publikacji: 12,149; punktacja MNiSW: 50; liczba cytowań: 15
- 4) **Marzec M**, Alqudah AM. 2018. Key hormonal components regulate agronomically important traits in barley. *International Journal of Molecular Sciences* 19: 795
IF z roku publikacji: 4,183; punktacja MNiSW: 140; liczba cytowań: 6
- 5) **Marzec M**, Melzer M. 2018. Regulation of root development and architecture by strigolactones under optimal and nutrient deficiency conditions. *International Journal of Molecular Sciences* 19: 1887.
IF z roku publikacji: 4,183; punktacja MNiSW: 140; liczba cytowań: 8

Po powrocie do Polski, w 2018 roku kontynuowałem współpracę z zagranicznymi jednostkami naukowymi z Niemiec oraz rozpocząłem nową współpracę z grupą z Australii, co znalazło odzwierciedlenie w dalszych 5 publikacjach naukowych afiliowanych do zagranicznych jednostek naukowych (niektóre z nich wymieniono we wcześniejszych punktach):

- 1) **Marzec M**, Hensel G. 2019. More precise, more universal and more specific - the next generation of RNA-guided endonucleases for genome editing *FEBS Journal*, 23, 4657-4660
IF z roku publikacji: 4,392; punktacja MNiSW: 100; liczba cytowań: 1
 - 2) **Marzec M**, Braszewska-Zalewska A, Hensel G. 2020. Prime Editing: A New Way for Genome Editing. *Trends in Cell Biology*. 30(4):257-259
IF z roku publikacji: 16,041; punktacja MNiSW: 200; liczba cytowań: 12
 - 3) **Marzec M**, Brewer PB. 2019. Binding or hydrolysis? how does the strigolactone receptor work? *Trends in Plant Science* 24 (7), 571-574
IF z roku publikacji: 14,416; punktacja MNiSW: 200; liczba cytowań:
 - 4) **Marzec M**, Situmorang A, Brewer PB, Braszewska A. 2020. Diverse roles of MAX1 homologues in rice. *Genes* 11 (11), 1348
IF z roku publikacji: 3,759; punktacja MNiSW: 100; liczba cytowań: 0
 - 5) **Marzec M**, Hensel G. 2020. Prime Editing: Game Changer for Modifying Plant Genomes. *Trends in Plant Science* 25 (8), 722-724
IF z roku publikacji: 14,416; punktacja MNiSW: 200; liczba cytowań: 7
6. Informacja o osiągnięciach dydaktycznych, organizacyjnych oraz popularyzujących naukę lub sztukę.

Osiągnięcia dydaktyczne:

- 1) Byłem opiekunem dwóch prac magisterskich, zakończonych uzyskaniem tytułu magistra (2014)
- 2) Byłem opiekunem jednej zakończonej pracy licencjackiej (2015)
- 3) Byłem opiekunem trójki studentów realizujących swoje praktyki w niemieckim instytucie IPK (2016-2017)
- 4) Pełnię funkcję promotora dwóch prac licencjackich rozpoczętych w 2020 roku
- 5) Pełnię funkcję opiekuna naukowego doktorantki (Irene Fontana) realizującej swoje badania w niemieckim instytucie IPK, w ramach projektu, którego jestem kierownikiem (Beethoven Life) od 2019 r
- 6) W trakcie zatrudnienia na Uniwersytecie Śląskim prowadziłem przedmioty kursowe dla studentów I i II stopnia kierunków Biologia, Biotechnologia oraz Ochrona Środowiska. Niektóre z nich były oceniane przez studentów, a w ramach tych ocen uzyskałem następujące noty: 4,88/5 (Analiza genetyczna, Biotechnologia, 2017/2018), 4,76/5 (Podstawy genetyki, Biotechnologia, 2018/2019) oraz 4,90/5 (Podstawy genetyki, Biotechnologia, 2019/2020)
- 7) Prowadziłem zajęcia na studiach podyplomowych nauczycieli kwalifikujące do nauczania przedmiotu Biologia oraz Przyroda, realizowanych przez Wydział Biologii i Ochrony Środowiska z przedmiotów: Wybrane zagadnienia z genetyki, Biotechnologia oraz Inżyniera genetyczna (lata 2012-2015)

Osiągnięcia organizacyjne:

- 1) Członek Kapituły Konkursowej Wyróżnień JM Rektora UŚ (od 2015)
- 2) Członek Komisji Grantowej w zakresie przyznania Grantów Rektora UŚ dla najlepszych studentów (od 2018)

- 3) Członek Rady Naukowej Instytutu Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska UŚ (od 2019)
- 4) Członek Komisji ds. Strategii Rozwoju Instytutu Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska UŚ (od 2019)
- 5) Członek Zarządu Polskiego Towarzystwa Biologii Eksperymentalnej Roślin (od 2019)
- 6) Sekretarz Polskiego Towarzystwa Biologii Eksperymentalnej Roślin (od 2019)
- 7) Członek Komitetu Organizacyjnego 10 konferencji Polskiego Towarzystwa Biologii Eksperymentalnej Roślin (od 2019)
- 8) Członek Komitetu Naukowego 10 konferencji Polskiego Towarzystwa Biologii Eksperymentalnej Roślin (od 2019)

Popularyzacja nauki:

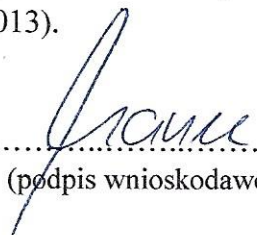
- 1) Organizacja części laboratoryjnej warsztatów „Biodiversity” Michała Brzezińskiego w ramach projektu Sztuka Wewnętrzna. Zajęcia z transformacji bakterii dla grupy 18 uczniów szkół podstawowych z województwa śląskiego (2013)
- 2) Współpraca z portalem PrzystanekNauka.us.edu.pl w ramach promocji badań naukowych i działalności samego portalu (publikowanie artykułów, udział w konferencji promującej powstanie portalu) (od 2015)

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

Dotychczasowe nagrody i stypendia wskazujące na moje zaangażowanie w pracę naukową:

- 1) Nagroda Inteligentnego Rozwoju, w kategorii Naukowiec Przyszłości, Forum Inteligentnego Rozwoju (2020).
- 2) Nagroda indywidualna JM Rektora Uniwersytetu Śląskiego, za działalność naukowo-badawczą (2019, 2020).
- 3) Nagroda Specjalna Rektora I stopnia za wybitne osiągnięcia naukowe (2017, 2018).
- 4) Nagroda I stopnia z zakresu genetyki roślin im. Stefana Barbackiego, przyznana przez Instytut Genetyki Roślin PAN (2017).
- 5) Nagroda Specjalna Rektora I stopnia za wybitne osiągnięcia naukowe (2017).
- 6) Nagroda indywidualna III stopnia JM Rektora Uniwersytetu Śląskiego, za działalność naukowo-badawczą (2016).
- 7) **Stypendium dla Wybitnych Młodych Naukowców Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego (2015).**
- 8) **Stypendium START Fundacji na rzecz Nauki Polskiej (2014, 2015).**
- 9) Stypendium Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego dla doktorantów (2013).
- 10) Stypendium Narodowego Centrum Nauki w ramach programu ETIUDA (2013).
- 11) Suport Grant for Students for participation in EPSO Conference (Porto Heli 01-04.09.2013), grant indywidualny przyznany przez European Plant Science Organisation (2013).
- 12) Best Graduate Student Poster Award during the Joint Congress of the Federation of European Societies of Plant Biology and the European Plant Science Organisation, nagroda indywidualna (03.08.2012, Freiburg, Niemcy).
- 13) Travel Grant ufundowany przez The Federation of European Societies of Plant Biology na 8th FESPB Congress organizowany we Freiburgu w Niemczech (2012).
- 14) Nagroda zespołowa I-go stopnia JM Rektora Uniwersytetu Śląskiego, za działalność naukowo-badawczą (2012).

- 15) Wyróżnienie JM Rektora Uniwersytetu Śląskiego za osiągnięcia naukowe dla doktorantów (2012).
- 16) Stypendium projektu „Uniwersytet Partnerem Gospodarki Opartej na Wiedzy”, dla doktorantów prowadzących badania w dziedzinach szczególnie istotnych dla rozwoju gospodarki, zadanie 55 (2011-2013).
- 17) Stypendium Uniwersytetu Śląskiego dla najlepszych doktorantów (2011-2013).
- 18) Dodatek prokościowy dla doktorantów (2012-2013).


.....
(podpis wnioskodawcy)