

Prof. dr hab. Zbigniew Tukaj  
Katedra Fizjologii i Biotechnologii Roślin  
Uniwersytet Gdański  
ul. Wita Stwosza 59, 80-308 Gdańsk

Gdańsk, 28 czerwca 2021

**Ocena osiągnięcia naukowego, pozostałego dorobku naukowo-badawczego oraz osiągnięć  
w zakresie dydaktyki, popularyzacji nauki i współpracy naukowej  
dr Agaty Daszkowskiej-Golec  
w związku z postępowaniem o nadanie stopnia doktora habilitowanego**

Niniejszą ocenę przygotowałem na podstawie nadesłanych 21 maja 2021 roku na mój adres internetowy materiałów wraz załączoną kopią uchwały Rady Naukowej Instytutu Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach podjętą 20 maja 2021 roku, o powołaniu mnie do składu komisji w postępowaniu w sprawie nadani stopnia doktora habilitowanego Pani Agacie Daszkowskiej-Golec. Stwierdzam, że otrzymane materiały są źródłem informacji umożliwiającym w wystarczającym stopniu zapoznanie się z dorobkiem naukowym oraz osiągnięciami dydaktycznymi i organizacyjnymi Habilitantki.

**Informacja o posiadanych przez Habilitantkę dyplomach i stopniach naukowych oraz zatrudnieniu w jednostkach naukowych**

Dr Daszkowska-Golec wszystkie posiadane dyplomy uzyskała kończąc stosowne studia na Wydziale Biologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Śląskiego. W 2004 roku dyplom licencjata za pracę : Antybiotyki w rolnictwie – korzyść czy zagrożenie, a w 2006 roku dyplom magistra za pracę: Selekcja mutantów związanych z giberelinami i brasinosteroidami w kolekcji półkarłowatych mutantów *Hodeum vulgare* L. oraz analiza molekularna mutantu 933Q. Opiekunem obu prac był Pan Profesor Mirosław Małuszyński. Dyplom doktora nauk biologicznych uzyskała w 2011 roku na podstawie rozprawy: Identyfikacja genów odpowiedzialnych za supresję nadwrażliwości na kwas abscysynowy u mutantu *abh1 Arabidopsis thaliana*, której promotorem była Pani Profesor Iwona Szarejko. Rozprawa ta decyzją Rady Wydziału została wyróżniona oraz nagrodzona przez JM Rektora UŚ za najlepszą pracę doktorską obronioną w latach 2011-2012.

Od chwili ukończenia studiów magisterskich, dr Daszkowska-Golec jest zatrudniona w Katedrze Genetyki na swoim macierzystym Wydziale. W latach 2006-2013 na stanowisku asystenta, a w latach 2013-2019 na stanowisku adiunkta, z prawie jednoroczną przerwą ze względu na urlop macierzyński (2013-2014). Od 2019 roku do chwili obecnej na stanowisku profesora uczelni w Instytucie Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska, na Wydziale Nauk Przyrodniczych UŚ.

**Ocena osiągnięcia naukowego na stopień doktora habilitowanego**

Pomimo wieloletnich badań i osiągnięć dotyczących percepcji, transdukcji oraz wewnątrzkomórkowej integracji sygnału środowiskowego, identyfikacja genów kluczowych dla regulacji odpowiedzi na stresogeniczne działanie bodźców i określenie mechanizmu ich działania, wciąż wymaga dalszych intensywnych badań. Obecnie wiadomo, że kluczowe

znaczenie w regulacji odpowiedzi roślin na stres suszy ma sieć sygnalizacyjna, w której nadrzędną rolę pełni kwas abscysynowy (ABA). Z powyższej problematyki wyrasta główny przedmiot badań Habilitantki, którym były i nadal są geny kodujące regulatory sygnalizacji tego hormonu. Badania prowadzone były z wykorzystaniem dwóch gatunków: rośliny dwuliściennej, rzodkiewnika pospolitego (*Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh.) oraz rośliny jednoliściennej, jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.).

Za główne cele badawcze Habilitantka wyznaczyła sobie: 1) zbadanie skutków mutacji w genach *HvCBP20* oraz *HvERA1* kodujących negatywny regulator sygnalizacji kwasu ABA w warunkach suszy u jęczmienia, 2) ustalenie na ile konserwowany ewolucyjnie jest mechanizm odpowiedzi roślin na stres suszy u odległych genetycznie roślin jedno- i dwuliściennych na przykładzie mutantów w genie *CBP20*, 3) określenie molekularnych podstaw procesu fotosyntezy u jęczmienia w warunkach suszy w oparciu o badania transkryptomyczne, 4) oszacowanie współuczestnictwa ABA oraz innych fitohormonów w szlakach sygnalizacyjnych stresu suszy u jęczmienia i rzodkiewnika.

Odpowiedzią na założone cele są wyniki badań udokumentowane w cyklu powiązanych tematycznie pięciu oryginalnych prac badawczych i trzech przeglądowych opublikowanych w latach 2013-2020 (spis poniżej). Prace te opatrzone tytułem: „**Molekularne podstawy ABA-zależnej odpowiedzi jęczmienia jarego na stres suszy**”, stanowią osiągnięcie naukowe przedstawione przez dr Daszkowską- Golec w postępowaniu habilitacyjnym.

- 1 **DASZKOWSKA-GOLEC, A.** ; SZAREJKO, I. (2013) Open or close the gate - stomata action under the control of phytohormones in drought stress conditions. *Frontiers in Plant Science* 4:138. (przeglądowa)
- 2 **DASZKOWSKA-GOLEC A.** , SKUBACZ A, MARZEC M, SŁOTA M, KUROWSKA M, GAJECKA M, GAJEWSKA P, PŁOCINICZAK T, SITKO K, PACAK A, SZWEYKOWSKAKULINSKA Z and 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. (oryginalna)
- 3 **DASZKOWSKA-GOLEC A.** (2018) Emerging Roles of the Nuclear Cap-Binding Complex in Abiotic Stress Responses. *Plant Physiology* 176 (1): 242-253. (przeglądowa)
- 4 **DASZKOWSKA-GOLEC A.** , KARCZ J., PŁOCINICZAK T., SITKO K., SZAREJKO I. (2020). Cuticular waxes - a shield of barley mutant in *CBP20* (*Cap-Binding Protein 20*) gene when struggling with drought stress. *Plant Science*, 300: 110593. (oryginalna)
- 5 **DASZKOWSKA-GOLEC A.** , (2020). Degrade or Silence? – RNA Turnover Takes Control of Epicuticular Wax Synthesis, *Trends in Plant Science*, 25 (10): 950-952. (przeglądowa)
- 6 **DASZKOWSKA-GOLEC A.** , SKUBACZ A., SITKO K., SŁOTA M., KUROWSKA M., SZAREJKO I. (2018) Mutation in barley *ERA1* (*Enhanced Response to ABA1*) gene confers better photosynthesis efficiency in response to drought as revealed by transcriptomic and physiological analysis. *Environmental and Experimental Botany*, 148: 12-26. (oryginalna)
- 7 **DASZKOWSKA-GOLEC, A.** ; COLLIN, A.; SITKO, K.; JANIĄK, A.; KALAJI, H.M.; SZAREJKO, I. (2019) Genetic and Physiological Dissection of Photosynthesis in Barley Exposed to Drought Stress. *International Journal of Molecular Sciences* 20, 6341. (oryginalna)
- 8 MARZEC M.\* , **DASZKOWSKA-GOLEC A.\***, COLLIN A., EGGER K., MELZER M., SZAREJKO I. (2020) Barley strigolactone signalling mutant *hvd14.d* reveals the role of strigolactones in abscisic acid dependent response to drought. *Plant, Cell and Environment*, DOI: 10.1111/pce.13815 (oryginalna)

Realizując pierwszy cel badań, Habilitantka wykazała nie tylko wysoki poziom zachowawczości genu *CBP20* i *ERA1* u jęczmienia jarego zarówno w odniesieniu do sekwencji genomowej i aminokwasowej, ale także utrwalonej ewolucyjnie funkcji w odpowiedzi na ABA i stres suszy, co wskazuje na możliwość wykorzystania tej wiedzy również w hodowli innych gatunków.

Listę publikacji ze spisu otwiera praca przeglądowa systematyzująca dane dotyczące mechanizmów molekularnych, ze szczególnym uwzględnieniem sygnalizacji i metabolizmu

kwasu abscysynowego (ABA) i jego roli w regulacji stopnia rozwarcia aparatów szparkowych. O wartości tej pracy świadczy chociażby liczba cytowań wynosząca w 2000 roku wg Web of Science 193, wg Google Scientific Citation 349.

Prace 2-5 to szczegółowa dokumentacja wieloaspektowych badań efektu mutacji w genie *HvCBP20*. W celu przeprowadzenia analizy funkcjonalnej tego genu dokonano identyfikacji jęczmiennego homologa, a identyfikację mutacji w genie *HvCBP20* przeprowadzono stosując technikę odwrotnej genetyki – TILLING i wykorzystaniem populacji *HorTILLUS* wyprowadzonej w macierzystej jednostce Habilitantki. W znakomicie udokumentowanej pracy nr 2 połączono wyniki wieloaspektowych badań morfologicznych (wzór epidermy, struktura wosków epikutikularnych i inne), fizjologicznych (np. wydajność fotosyntezy, przewodnictwo aparatów szparkowych, przepuszczalność błon komórkowych) i genetycznych (analiza transkryptomów) tworząc wielowymiarowy obraz przystosowania mutantu *hvcbp20.ab* do stresu suszy. Imponująca jest paleta metod (m. innymi mikroskopia SEM, technika OJIP, modelowanie komputerowe, analiza mikromacierzy, RT-qPCR i szereg innych) wykorzystanych do badań. Jest w tej sytuacji czymś oczywistym, iż część wyników uzyskano we współpracy, która okazała się niezwykle owocna nie tylko w przypadku tej pracy, a która bardzo dobrze świadczy o zdolności Habilitantki do organizowania *ad hoc* zespołów na potrzeby rozwiązywania konkretnych zadań badawczych. Odnosząc się do interpretacji danych pochodzących z testów OJIP chciałbym jedynie zauważyć, iż warto je zazwyczaj uzupełniać o pomiar wydzielania tlenu lub wiązania CO<sub>2</sub>, co ostatecznie rozstrzyga o rzeczywistej intensywności fotosyntezy. Konsekwencją zintegrowania wyników analizy profilowania ekspresji genów z danymi uzyskanymi z fenotypowania jest zdefiniowanie przez Habilitantkę adaptomu mutantu *hvcbp20.ab*, we wczesnych fazach stresu suszy.

Zamieszczone w pracy nr 4 oryginalne wyniki analizy wosków epikutikularnych wskazują na uniwersalizm odpowiedzi roślin na suszę, w którym uczestniczy CBP20. Wykazano mianowicie, że wyższy poziom tych wosków i ich zmieniony skład chemiczny w odpowiedzi na stres jest cechą konserwowaną ewolucyjnie i zależną od mutacji w genie CBP20, a zmiany w poziomie ekspresji genów związanych z biosyntezą wosków na drodze formowania alkanów i aldehydów przekładają się na obserwowany u *hvcbp20.ab* fenotyp. Na tej podstawie sformułowała wniosek o regulacji tego etapu syntezy wosków na drodze zależnej od CBP20. Dowiodła zatem, że fenotyp mutantu w genie CBP20 u tak odległych ewolucyjnie roślin jak rzodkiewnik i jęczmień jest efektem działania wielu warstw regulacji, mających wspólny początek w kompleksie CBC. Co interesujące, żaden z genów kodujących podjednostki CBC nie jest indukowany stresem ani ABA. Rodzi to nowe pytania, na które Habilitantka poszukuje aktualnie odpowiedzi prowadząc badania we współpracy międzynarodowej. Systematyzacji aktualnej wiedzy dotyczącej mutacji w genie *CBP20* dokonała w dwóch autorskich pracach przeglądowych. W pracy nr 5, przygotowanej na zaproszenie edytora przedstawiła aktualny stan wiedzy na temat udziału genów/białek związanych z metabolizmem RNA i procesami syntezy wosków, co dodatkowo świetnie ilustruje autorska rycina nr 1. W pracy nr 3 zestawiała aktualne dane na temat molekularnej roli podjednostek budujących kompleks CBC i opisała doniesienia dokumentujące fenotyp mutantów roślinnych ze szczególnym uwzględnieniem reakcji na ABA i stres abiotyczny. Sformułowała ponadto pytania badawcze, na które należy poszukać odpowiedzi, by pełniej zrozumieć molekularną rolę kompleksu nCBC w reakcji roślin na stres.

Na rolę procesu farnylizacji białek we współdziałaniu ABA i etylenu w stresie suszy oraz znaczenia składu lipidów w procesie fotosyntezy wskazują wyniki zamieszczone głównie w pracy 6. Przedmiotem zainteresowania Habilitantki była w tym przypadku analiza funkcjonalna genu *ERAI* u jęczmienia, poprzedzona identyfikacją homologa, jego sklonowaniem, następnie poszukiwaniem mutacji w obrębie sekwencji genomowej metodą TILLING. Otrzymane wyniki umożliwiły sformułowanie dwóch zasadniczych wniosków: a)

mutacja w genie *HvERAL1* powoduje zwiększoną wrażliwość na ABA w czasie kiełkowania, dowodząc tym samym podobnej funkcjonalności tego genu u jęczmienia do opisanego homologa u rzodkiewnika, b) farnesyłacja może być procesem negatywnie regulującym syntezę galaktolipidów w odpowiedzi na stres suszy, co u mutantu w genie *ERAL1* zapewnia lepszą wydajność fotosyntezy, a to z kolei przekłada się na lepszą adaptację do stresu suszy. Publikacja nr 6 jest kolejnym, niezwykle wartościowym i oryginalnym osiągnięciem Habilitantki łączącym wyniki badań transkryptomicznych z fizjologicznymi. Gdyby jeszcze udało się zidentyfikować białko (białka?) przyłączające resztę farnesyłową ...

Obszerna publikacja 7 dostarcza szczegółowych danych dotyczących molekularnych podstaw funkcjonowania aparatu fotosyntetycznego u trzech odmian jęczmienia o zróżnicowanej tolerancji na stan deficytu wody i reakcji na ABA. Wykorzystując mikromacierze ekspresyjne Agilent Barley Microarrays 44K oraz wysokoprzepustowe sekwencjonowanie transkryptomu (RNA-seq) drugiego liścia odmiany 'Sebastian' poddanych stresowi suszy zidentyfikowano łącznie 147 genów kodujących białka strukturalne fotosystemów, łańcucha transportu elektronów oraz cyklu Calvina. Z kolei zintegrowanie danych dotyczących czynników transkrypcyjnych oraz specyficznych miejsc ich wiązania w rejonach promotorowych umożliwiło identyfikację 17 par regulatorowych „czynnik transkrypcyjny – gen”, co być może w przyszłości umożliwi regulację procesu fotosyntezy i lepszą aklimatyzację roślin do niekorzystnych warunków ich wegetacji. Są więc oryginalne wyniki zamieszczone w publikacji nr 7 znaczącym poszerzeniem naszej wiedzy nt. funkcjonowania aparatu fotosyntetycznego u roślin hodowanych w warunkach stresu.

Ostatni z założonych celów badawczych Habilitantka osiągnęła wykonując serię badań opublikowanych głównie w pracy nr 8, a dotyczących współdziałania strigolaktonów (SL) i ABA w transdukcji sygnału stresu suszy. Badano znaczenie genu *D14* (*DWARF14*), który koduje jedyny i specyficzny wyłącznie dla SL receptor, z wykorzystaniem mutantu jęczmienia *hvd14.d* wcześniej zidentyfikowanego w zespole Katedry Genetyki UŚ oraz mutantu *d14* Arabidopsis. Wykazano, że mutacja w jęczmiennym genie *D14* powoduje niewrażliwość w czasie kiełkowania, ale wrażliwość na dehydratację. Praca jest oryginalnym osiągnięciem autorów powstałym przy znaczącym współudziale Habilitantki, wyjaśniającym szereg nieznanych aspektów interakcji ABA i SL w adaptacji roślin do stresu suszy. Tym cenniejszym, że zazwyczaj badana jest sieć sygnalizacyjna z udziałem ABA i etylenu, ewentualnie jasmonianów czy brasinosteroidów, rzadziej z udziałem SL.

Wszystkie prace składające się na osiągnięcie dowodzą wysokiego profesjonalizmu dr Daszkowskiej-Golec. Są niezwykle cenne przede wszystkim ze względu na wartość naukową zaprezentowanych wyników, pochodzących z wieloaspektowych badań, przeprowadzonych z użyciem nowoczesnych metod genomiki funkcjonalnej, bioinformatyki i fizjologii. Prace cechuje wysoki poziom edytorski, a zwięzły i klarowny styl przekazu niełatwych treści uzupełnia znakomita grafika, co jest zwłaszcza cenne w przypadku artykułów przeglądowych. Wszystkie prace opublikowano w czasopiśmie naukowych o uznanej renomie międzynarodowej. Dane naukometryczne osiągnięcia habilitacyjnego są następujące: sumaryczny IF = 47,76; suma punktów MNiSW wg wykazu z 18 grudnia 2019 wynosi 1020; liczba cytowań wg Web of Science: 248, wg Google Scholar: 424. W 7 pierwszych pracach Habilitantka jest pierwszą autorką z udziałem oszacowanym na 75-100%, wyjątkiem jest praca 8 z udziałem oszacowanym na 40%, jednak ze statusem równorzędnych dwóch pierwszych autorów. Wynik bibliometryczny osiągnięcia Habilitantki w mojej ocenie jest wyróżniający. Na podkreślenie zasługuje również fakt, iż wszystkie prace składające się na powyższy cykl są wynikiem realizacji 3 projektów. W dwóch pełniła (POLAPGENBD) i nadal pełni (BEETHOVEN-LIFE1) funkcję wykonawcy, jednego (SONATA 10 2015/19/D/NZ9/03573) była kierownikiem.

## Ocena pozostałego dorobku naukowego i aktywności naukowej

Na dorobek naukowy Habilitantki uzyskany po uzyskaniu stopnia doktora składa się 10 oryginalnych publikacji oraz 4 rozdziały w monografiach naukowych. Dorobek ten jest pokłosiem doświadczeń prowadzonych w trzech obszarach badawczych, których wspólną tematyką są zagadnienia związane z funkcjonowaniem roślin w warunkach stresu abiotycznego. Te obszary to: **1.** Analiza genetyczna procesu kiełkowania nasion *Arabidopsis* w warunkach stresu abiotycznego i w obecności ABA, **2.** Genomika funkcjonalna procesów rozwojowych i związanych z odpowiedzią na stres abiotyczny u jęczmienia **3.** Metody badania odpowiedzi roślin na stresse abiotyczne ze szczególnym uwzględnieniem fotosyntezy.

Ad. 1. W ramach projektu ‘Molekularne podstawy odpowiedzi roślin uprawnych i modelowych na stres’ (koordynator prof. Artur Jarmołowski, UMK) zajmowała się identyfikacją homozygotycznych linii supresorowych o fenotypie znoszącym nadwrażliwość na ABA mutantu *abh1* (*ABA-hypersensitive 1*) w czasie kiełkowania nasion *Arabidopsis*. Badania takie mają istotne znaczenie w zrozumieniu mechanizmu nabywania tolerancji na stres kolejnych pokoleń roślin, są zarazem wyzwaniem metodycznym. W tym celu Habilitantka odbyła 3-miesięczny staż w 2009 roku w INRA/CNRS – URGV w Evry (Francja), w czasie którego pracując w grupie prof. Heriberta Hirta poznała nowoczesne techniki badawcze przydatne w badaniach molekularnego mechanizmu kiełkowania transgenicznych roślin *Arabidopsis*.

Wiedza i kompetencje nabyte w obu ośrodkach umożliwiły Habilitantce aplikowanie o grant promotorski ‘Identyfikacja genów odpowiedzialnych za supresję nadwrażliwości na kwas absycynowy u mutantu *abh1 Arabidopsis thaliana*’ (NN301508938). Otrzymane wyniki realizacji projektu umożliwiły jej przygotowanie rozprawy doktorskiej, a uzupełnione o dodatkowe analizy zostały opublikowane w dwóch oryginalnych pracach: Daszkowska-Golec et al., 2013, *Plant Mol Biol*; Daszkowska-Golec et al., 2013, *Int J Mol Sci*. Inny aspekt badań sygnalizowanych w omawianym obszarze został przedstawiony w napisanym na zaproszenie edytora rozdziale monografii autorstwa Skubacz i Daszkowska-Golec, 2017. W rozdziale tym podsumowano aktualną wiedzę dotyczącą mechanizmów molekularnych regulacji ekspresji genów zależnych od różnych fitohormonów, zwłaszcza uczestniczących w procesie wchodzenia i wychodzenia nasion z fazy spoczynku.

Ad. 2. Drugi i zarazem główny obszar jej zainteresowań naukowych obejmuje badania z wykorzystaniem jęczmienia jarego (roślina jednoliścienna). Konfrontowanie wyników własnych, uzyskanymi we współpracy krajowej i międzynarodowej przy realizacji szeregu projektów, z danymi otrzymanymi z użyciem międzynarodowego standardu biologii molekularnej jakim jest rzodkiewnik (roślina dwuliścienna), umożliwia jej między innymi wyciąganie wniosków dotyczących uniwersalizmu obserwowanych procesów i zjawisk.

I tak w związku z wyborem obiektu badań, w roku 2008 uczestniczyła w dwutygodniowym szkoleniu w znanym na świecie ośrodku naukowym prowadzącym badania nad stresem suszy u roślin uprawnych, a jednocześnie najcenniejszym bankiem różnorodności genetycznej roślin ICARDA w Aleppo (Syria). W Katedrze Genetyki UŚ w tym samym czasie była zaangażowana w projekt pt. ‘Stworzenie platformy TILLING *Hordeum vulgare* jako trwałego narzędzia genomiki funkcjonalnej i doskonalenia cech użytkowych’, (PBZ-MNiSW-2/3/2006/8), którego wynikiem było wyprowadzenie populacji *HorTILLUS* (*Hordeum vulgare*-TILLING-University of Silesia). Populacja stanowi unikalne na skalę światową narzędzie w badaniach z zakresu genomiki funkcjonalnej jęczmienia jarego, co opisano w publikacji Szurman-Zubrzycka et al. 2018 *Front Plant Sci*. Wcześniej, szczegółowe dane odnośnie metodyki związanej ze strategią TILLING przedstawiono w pracy przeglądowej (Kurowska et al., 2011, *J Appl Gen*), współautorką obu prac jest Habilitantka. W projekcie POLAPGEN-BD „Narzędzia biotechnologiczne służące do otrzymywania zbóż o

zwiększonej odporności na suszę” realizowanym w latach 2008-2014 przez konsorcjum badawcze uczestniczyła w badaniach, w wyniku których zidentyfikowano łącznie ponad 151 mutantów jęczmienia jarego w 10 genach związanych z odpowiedzią na stres suszy wytypowanych w wyniku analiz *in silico*. Łącznie 21 mutantów poddano fenotypowaniu i wstępnej fizjologicznej i molekularnej charakterystyce, z czego 14 linii wykazywało odpowiedź na stres deficytu wody lepszą niż ich odmiana wyjściowa, dwie spośród nich były obiektem badań będących podstawą osiągnięcia naukowego Habilitantki. Pokłosiem realizacji projektu jest między innymi autorstwo rozdziału przygotowywanego na zaproszenie edytora monografii wydanej w serii *Methods in Mol Biol* (Daszkowska-Golec et al. 2019).

Habilitantka aktualnie pełni funkcję promotora pomocniczego pracy doktorskiej Anny Collin (Skubacz), której celem jest wyjaśnienie roli czynnika transkrypcyjnego AB15 (ABA ISENSITIVE 5) w odpowiedzi na stres u jęczmienia. Podsumowaniem doniesień nt. regulacji AB15 u różnych roślin jest wspólna, bardzo dobrze cytowana praca przeglądowa (Skubacz et al., *Front Plant Sci*). Wyniki własne szczegółowych analiz genomicznych oraz fizjologicznych prowadzonych u mutantu *hvabi5.d* wskazują, że czynnik HvAB15 pełni regulacyjną rolę w ABA-zależnej odpowiedzi na stres suszy u jęczmienia podobną do wcześniej wykazanej u *Arabidopsis*, co dowodzi jego uniwersalnej roli w szlaku sygnałowym ABA. Wyniki tej serii badań opublikowano w pracy w *Front Plant Sci* (Collin et al., 2020).

Inny aspekt badań z zakresu genomiki funkcjonalnej jęczmienia, prowadzonych z udziałem Habilitantki w ramach międzynarodowego projektu ‘EURoot: Enhancing resource Uptake from Roots under stress in cereal crops’, dotyczył roli włóśników w reakcji na stres suszy. Wykazano w tych badaniach między innymi, iż dłuższy czas ekspozycji na deficyt wody wyzwała u mutantu bezwłóśnikowego *rhl1* (*root hairless 1*) znacznie więcej zmian na poziomie transkryptomu, co koreluje ze znacznym obniżeniem wydajności procesu fotosyntezy, niż u odmiany wyjściowej (Kwaśniewski et al., 2016, *J Exp Bot*).

Od 2019 roku, Habilitantka kieruje badaniami polskiego zespołu realizującego razem z 12 partnerami z 8 krajów Europy projekt BARISTA ‘Zaawansowane narzędzia służące zintensyfikowanej i zrównoważonej uprawie jęczmienia w obliczu zmian klimatycznych’ (projekt międzynarodowy finansowany przez NCBR w ramach programu ERA-NET COFUND SusCrop finansowanego w ramach programu ramowego HORYZONT 2020). Celem badań polskiego zespołu jest sprawdzenie efektu mutacji w genach *HvCBP20*, *HvERA1* i *HvAB15* w odpowiedzi na stres suszy w stadium dojrzałej rośliny z uwzględnieniem plonowania oraz wprowadzenie alleli wspomnianych genów, które powodują tolerancję na stres suszy w stadium siewki, do tła genetycznego elitarnych odmian jęczmienia jarego poprzez krzyżowania, a następnie walidację fenotypu. Co istotne, prace te prowadzone są w ścisłej współpracy z największą w Polsce stacją hodowli DANKO i dotyczą także oceny cech agronomicznych 60 wybranych w toku projektu genotypów jęczmienia jarego.

Z uwagi na doświadczenie w badaniach związanych z genetyką jęczmienia, Habilitantka została zaproszona do współpracy przy dwóch projektach NCN realizowanych w Instytucie Genetyki Roślin PAN w Poznaniu. W projekcie HARMONIA 8: ‘Regulacja ekspresji genu półkarłowatości *sdw1/denso* u jęczmienia (*Hordeum vulgare L.*) i jej związek z architekturą i fizjologią roślin’, uczestniczyła w realizacji zadania badawczego mającego na celu identyfikację polimorfizmu w genie kodującym oksydazę giberelinową *HvGA20ox*, a także w obrębie jego sekwencji promotorowej u linii bliskoizogenicznych niosących mutacje *sdw1.a* i *sdw1.d* oraz ich odmiany wyjściowej ‘Bowman’. W projekcie OPUS 12: ‘Wyjaśnianie współdziałania hormonów i jego roli w kształtowaniu architektury roślin jęczmienia (*Hordeum vulgare L.*)’ zadaniem Habilitantki było zoptymalizowanie testów wrażliwości na gibereliny i brasinosteroidy w czasie wczesnego rozwoju siewki jęczmienia. Badania prowadzone są na mutantach syntezy giberelin (*sdw1.a*, *sdw1.d*), signalingu brasinosteroidów (*bri1*) oraz strigolaktynów (*hvd14.d*).

Ad. 3. Trzeci obszar aktywności naukowej habilitantki obejmuje badania fizjologiczne roślin eksponowanych na różne stresy. Szczególnie owocna okazała się tutaj współpraca z zespołem prof. Hazema Kalaji dotycząca badań wydajności procesu fotosyntezy. We współpracy tej dokonano oceny wrażliwości dwóch syryjskich odmianach jęczmienia różniących się tolerancją na działanie 14 różnych stresów abiotycznych. Szereg parametrów krzywej indukcji fluorescencji (test OJIP) okazało się przydatnych w charakterystyce tej wrażliwości, co szczegółowo przedstawiono we wspólnej publikacji (Kalaji et al., 2018, *Photosynthetica*). Przydatność pomiarów fluorescencji chlorofilu wykazano także w obserwacji krótkoterminowego niedoboru makroelementów przeprowadzonych na siewkach kukurydzy. Przy braku inhibicji wzrostu zarejestrowano bowiem zmianę wartości parametrów testu OJIP wskazującą na obniżenie wydajności fotosyntezy. Na tej podstawie wytypowano markery odpowiedzi na tego rodzaju stres (Sitko et al., 2019, *Sci Rep*). Kolejne badania dotyczyły oceny funkcjonowania aparatu fotosyntetycznego w czasie 130-dniowego rozwoju winorośli. Jak podkreśla Habilitantka, po raz pierwszy w badaniach *in situ* wyróżniono fazę w rozwoju winorośli, kiedy fotosynteza zachodzi najbardziej wydajnie, a skorelowane z tymi wskaźnikami są zawartość antocyjanów, chlorofilu oraz flawonoli (Sitko et al., 2020, *Photosynthetica*). Habilitantka uczestniczyła także przy realizacji projektu SONATA 10 'Gen *HvSNAC1* (*Stress responsive NAC1*) u jęczmienia - nowa funkcja w regulacji akwaporyn podczas stresu abiotycznego'. Ponieważ w regionach promotorowych genów kodujących akwaporyny z rodziny TIP (Tonoplast Intrinsic Proteins) zidentyfikowano wcześniej motywy związane przez czynniki transkrypcyjne indukowane jasmonianem metylu (MeJA), w projekcie podjęto próbę oceny poziomu ekspresji w odpowiedzi na MeJA wybranych jęczmiennych homologów dla genów z rodziny *TIP*. Badano także wydajność fotosyntezy oraz ekspresję genów (analiza poziomu transkryptów) elementów strukturanych PS II. Rola Habilitantki w tej pracy dotyczyła współdziałania w opracowaniu hipotezy badawczej, szczegółowej analizy procesu fotosyntezy i zawartości barwników fotosyntetycznych, opracowania statystycznego danych i współdziałania w opracowaniu manuskryptu ulokowanego w *Int J Mol Sci* (Kurowska et al., 2020).

Po uzyskaniu stopnia doktora wygłosiła 10 referatów/wykładów na krajowych i międzynarodowych konferencjach naukowych, w tym dwóch na zaproszenie organizatorów.

Obrazu wyjątkowej aktywności Habilitantki oraz skuteczności w zdobywaniu funduszy na badania dopełnia jej udział w licznych projektach naukowych krajowych i międzynarodowych, zrealizowanych lub będących w trakcie realizacji. O niektórych wspomniano wcześniej przy omawianiu dorobku naukowego. W ujęciu sumarycznym były to po uzyskaniu stopnia doktora: 2 zakończone i 2 projekty międzynarodowe w trakcie realizacji oraz 4 zakończone i 6 projektów krajowych w trakcie realizacji.

Plany badawcze Habilitantki przedstawiają się nadzwyczaj obiecująco, skoro na stronach NCN można przeczytać informację, iż projekt złożony w konkursie SONATA-BIS „(QUEST) W poszukiwaniu genotypu jęczmienia przystosowanego do zmian klimatycznych - wielowymiarowa analiza genomiczna funkcji kompleksu CBC w sygnalizacji ABA” został w bieżącym roku zaakceptowany do finansowania. Badania prowadzone będą we współpracy z zespołem Dr. Martina Maschera (IPK, Niemcy) i Dr. Ebe Merilo (University of Tartu, Estonia). Pozostaje jedynie pogratulować Habilitantce sukcesu i podzielić jej wiarę, że wyniki projektu dostarczą narzędzi do dalszych, bardziej szczegółowych analiz odpowiedzi na ABA i stres u jęczmienia, ponadto okażą się przydatne w badaniach i hodowli innych gatunków uprawnych.

Bibliometryczne podsumowanie dorobku naukowego Habilitantki prezentuje się następująco: liczba publikacji 24, wskaźnik IF wg. listy JCR z godnie z rokiem publikacji 89,14, punkty MNiSW wg. wykazu z 18 grudnia 2018 roku 2310, liczba cytowani wg. Web of Science 620, wg. Google Scholar 1038 (dane z baz z 12 stycznia 2021). Indeks Hirscha

wszystkich publikacji: 10 (wg Web of Science), 12 (wg Google Scholar). W mojej ocenie jest to dorobek wyróżniający.

### **Ocena osiągnięć dydaktycznych, organizacyjnych i w zakresie popularyzacji nauki**

Osiągnięcia dydaktyczne. Habilitantka aktywnie uczestniczy w organizacji i prowadzeniu zajęć dydaktycznych dla studentów na kierunku 'Biotechnologia' studiów licencjackich, magisterskich oraz na kierunku 'Biotechnology' studiów magisterskich.

Do najważniejszych osiągnięć w tym obszarze należy zaliczyć: Opracowanie w bieżącym roku akademickim autorskiego cyklu wykładów i zajęć praktycznych z przedmiotu Bioinformatyka dla studentów I roku MSU na kierunku Biotechnologia (studia prowadzone w języku angielskim), od 2019 roku ten autorski program prowadzony jest w ramach przedmiotu Bioinformatyka dla studentów I roku MSU, na kierunku Biotechnologia.

Aktualnie pełni funkcję promotora pomocniczego w przewodzie doktorskim mgr. Łukasza Gajdy „Pozycja troficzna wazonkowca białego (*Enchytraeus albidus*) w kontekście badań molekularnych” oraz mgr. Anny Collin „Analiza roli genu *HvABI5* w odpowiedzi na stres abiotyczny u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.)”.

Od 2017 roku pełni funkcję Tutora na Wydziale Biologii i Ochrony Środowiska UŚ.

W latach 2007 – 2020 pełniła funkcję opiekuna 17 prac magisterskich i 10 prac licencjackich zrealizowanych w Katedrze Genetyki, UŚ.

W 2012 roku opracowała autorski program nauczania studentów I roku MSU, wykonujących prace magisterskie w Katedrze Genetyki UŚ. Program obejmujący cykl ćwiczeń został włączony do programu studiów w roku akademickim 2012/2013.

Osiągnięcia organizacyjne. Do osiągnięć w tym obszarze należy zaliczyć przede wszystkim:

W 2021 roku jest współorganizatorem i prowadzi Jubileuszową X Ogólnopolską Noc Biologów na Wydziale Nauk Przyrodniczych Uniwersytetu Śląskiego w formule zdalnej,

Od 2020 roku Habilitantka pełni funkcję Prodziekana ds. Promocji Badań i Umieędzynarodowienia na Wydziale Nauk Przyrodniczych UŚ w Katowicach, w latach 2019-2020 pełniła funkcję Prodziekana ds. Promocji i Rozwoju tego Wydziału, od 2019 roku pełni funkcję Pełnomocnika Dziekana ds. umieędzynarodowienia na swoim macierzystym Wydziale. Powierzenie Habilitantce powyższych funkcji jest bez wątpienia ze strony społeczności akademickiej Wydziału wyrazem wysokiej oceny jej zdolności organizacyjnych i zarazem kompetencji naukowych.

Od 2020 roku jest w składzie Rady Naukowej Śląskiego Festiwalu Nauki Katowice angażuje się w organizację 4. i 5. Śląskiego Festiwalu Nauki Katowice, pełniąc koordynatora merytorycznego Strefy Przyroda,

W 2020 roku organizacja IX Ogólnopolskiej Nocy Biologów na Wydziale Nauk Przyrodniczych Uniwersytetu Śląskiego,

W latach 2016-2020 pełni funkcję członka Komisji ds. Promocji i Rozwoju Wydziału Biologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach,

W latach 2012-2016 była przedstawicielem adiunktów w Radzie Wydziału Biologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach.

Działalność popularyzująca naukę. Z zamieszczonego w tym punkcie autoreferatu zestawienia widać, iż Habilitantka bardzo dobrze rozumie potrzebę popularyzowania nauki i upowszechniania wyników badań szerokiemu gronu odbiorców. Składają się na tę aktywność wygłaszanie popularnonaukowych wykładów, organizacja warsztatów czy udzielanie wywiadów lokalnym mediom. Do najistotniejszych w tym zakresie osiągnięć należą:

W 2020 roku promowała wyniki badań realizowanych w projektach SONATA i BARISTA w formie wykładu „Nie taki mutant straszny jak go malują” - wygłoszonego w projekcie „Rzecz o Innowacjach” oraz prowadziła na żywo Webinar „Jak funkcjonują rośliny



w stresie? - wszystko jest w genach!” na zaproszenie Śląskiego Festiwalu Nauki. We współpracy z Wydziałem Nauk Ścisłych i Technicznych UŚ uzyskała finansowania w konkursie „Społeczna Odpowiedzialność Nauki” na projekt ‘Akcja Popularyzacja’. W ramach tego projektu w latach 2021-2022 na Wydziale Nauk Przyrodniczych UŚ planowany jest cykl wydarzeń w konwencji wykładów TED (TED-Ideas Worth Spreading) zatytułowany „Zawód Naukowiec”. Ta część projektu jest autorskim pomysłem Habilitantki. Udzieliła dwóch wywiadów w Gazecie Uniwersyteckiej UŚ promujących zadania badawcze projektu BARISTA.

W 2019 roku wygłosiła wykład „Rośliny w kosmosie – rzecz o wykorzystaniu genetyki i nowoczesnej technologii w zrozumieniu odpowiedzi roślin na ekstremalne warunki kosmiczne” w ramach III Śląskiego Studenckiego Festiwalu Nauki w Katowicach.

W 2018 roku wygłosiła 3 wykłady: „Historia o tym jak zmiana jednej litery w kodzie DNA podniosła tolerancję na stres suszy u jęczmienia jarego” w ramach XIV Śląskiego Studenckiego Festiwalu Nauki i Dnia DNA organizowanego na macierzystym Wydziale, „Jęczmień na krawędzi” w ramach Śląskiego Festiwalu Nauki, „Rośliny spragnione wody” w ramach VII edycji Ogólnopolskiej Nocy Biologów na WBiOŚ UŚ w Katowicach.

Przejawem aktywności popularyzatorskiej w latach 2012-2017 jest między innymi organizacja/współorganizacja i udział w takich wydarzeniach jak: w 2017 roku udzieliła szeregu wywiadów (telewizji i sekcji prasowej UŚ, Polskiemu Radiu oraz PAP), w których propagowała wyniki badań własnych, wygłosiła wykład „Rośliny na krawędzi, czyli jak wykorzystać geny w walce ze stresem suszy” w ramach VI edycji Ogólnopolskiej Nocy Biologów, w 2016 roku wygłosiła wykład „Kod życia” inaugurujący V edycję Ogólnopolskiej Nocy Biologów, w 2013 roku zorganizowała warsztaty dla młodzieży szkolnej nt. „GMO – czy jest się czego bać”, w 2012 roku prowadziła zajęcia w ramach „Światowego Dnia Roślin”.

### **Informacje uzupełniające**

Wyrazem wagi jaką Habilitantka przykłada do podnoszenia swoich kwalifikacji zawodowych jest jej udział w licznych kursach, warsztatach i szkoleniach.

Przeszła szereg szkoleń w ramach projektu SWAN takich jak: „Projektowanie serwisów internetowych”, „Poruszanie się w świecie wirtualnych zasobów informacji i usług on-line”, „Profesjonalna prezentacja” czy „Gamification as a tool in academic teaching”, których celem jest podnoszenie kompetencji dydaktycznych kadry akademickiej WBiOŚ UŚ.

Z kolei kompetencje służące doskonaleniu warsztatu badawczego oraz poświęcone analizie danych podnosiła uczestnicząc w takich kursach i warsztatach jak: „Analiza danych smallRNA-seq” (UAM, Poznań), “1st Berlin Summer School – NGS Data Analysis 2017 – Introduction to NGS RNA-Seq Data Analysis DNA Variant Calling” (ecSeq Bioinformatics Berlin, Germany) czy „Introduction to RNA-Seq analysis” (UAM, Poznań).

Wyrazem uznania dla osiągnięć naukowych, dydaktycznych i organizacyjnych jest szereg nagród i wyróżnień jakie Habilitantka otrzymała w ocenianym okresie jej działalności.

W 2020 roku została laureatką Nagrody Inteligentnego Rozwoju w kategorii Naukowiec Przyszłości za realizację badań w ramach projektów SONATA 10 i BARISTA.

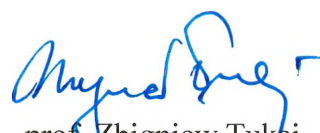
W 2017 roku została laureatką Stypendium Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego dla wybitnych młodych naukowców.

Za działalność naukowo-badawczą została wyróżniona czterema nagrodami Rektora UŚ: dwoma indywidualnymi (w 2019 i 2013 roku) oraz dwoma zespołowymi (w 2017 i 2012 roku).

W 2016 i 2018 roku została wyróżniona przez Studentów Wydziału Biologii i Ochrony Środowiska wygrywając konkurs „Złoty Mikroskop” dla najlepszego prowadzącego ćwiczenia odpowiednio w roku akademickim 2015/2016 (II miejsce) i 2017/2018 (I miejsce).

## **Wniosek końcowy**

Biorąc pod uwagę znaczenie problematyki badawczej, wartość osiągnięcia naukowego oraz pozostałego dorobku naukowego, a także różnorodną działalność dydaktyczną, organizacyjną i popularyzatorską uważam, że Habilitantka spełnia kryteria stawiane kandydatom do stopnia doktora habilitowanego. Cykl 8 spójnych tematycznie artykułów opublikowanych w naukowych czasopismach o uznanej międzynarodowej renomie jest istotnym osiągnięciem naukowym dr Agaty Gaszkowskiej-Golec, wyczerpującym z nawiązką wymogi określone w art. 219, rozdz. 3 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce [Dz.U. 2021 r. poz 1669]. Przedstawione w powyższych pracach wyniki są pierwszymi doniesieniami dotyczącymi analiz funkcjonalnych silnie konserwowanych ewolucyjnie genów u jęczmienia, o dużym znaczeniu w regulacji odpowiedzi rośliny na stres suszy na drodze zależnej od ABA. W związku z powyższym zwracam się do Rady Naukowej Instytutu Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach z wnioskiem o nadanie dr Agacie Daszkowskiej-Golec stopnia naukowego doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauk biologicznych. Jednocześnie z uwagi na wyróżniający poziom dokonań przedstawionych w rozprawie habilitacyjnej wnoszę do Wysokiej Rady o stosowne nagrodzenie Pani dr Agaty Daszkowskiej-Golec.



prof. Zbigniew Tukaj