



# INSTYTUT GENETYKI ROŚLIN POLSKIEJ AKADEMII NAUK

Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

Tel.: centr. 61 6550200, sekret. 61 6550255 Fax: 61 6550301 E-mail: office@igr.poznan.pl  
www.igr.poznan.pl NIP: 781-16-21-455 REGON: 000326204

prof. dr hab. Łukasz Stępień  
Zakład Interakcji Roślina-Patogen  
Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk  
ul. Strzeszyńska 34  
60-479 Poznań

**Recenzja rozprawy doktorskiej mgr inż. Justyny Szwarz, zatytułowanej:  
„Identyfikacja genotypów z podwyższoną odpornością na wybrane szkodniki i suchą  
zgniliznę kapustnych u mieszańców oddalonych z rodziny *Brassicaceae*”,**

wykonanej w Katedrze Genetyki i Hodowli Roślin Wydziału Rolnictwa, Ogrodnictwa  
i Bioinżynierii Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu pod kierunkiem  
pani prof. UPP dr hab. Janetty Niemann.

Badania opisane w przedstawionej do recenzji rozprawie zostały wykonane w ramach dwóch projektów finansowanych przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi, realizowanych w ramach badań naukowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej. Tematyka realizowanych projektów była ściśle powiązana z przedmiotem pracy doktorskiej.

Zasadniczą częścią rozprawy jest zbiór czterech oryginalnych prac naukowych opublikowanych w międzynarodowych czasopiśmie o uznanej renomie:

1. Niemann J, Szwarz J, Bocianowski J, Weigt D, Mrówczyński M. In-field screening for host plant resistance to *Delia radicum* and *Brevicoryne brassicae* within selected rapeseed cultivars and new interspecific hybrids. *Open Life Sciences*. 2020 15(1), 711-720. <https://doi.org/10.1515/biol-2020-0074>
2. Szwarz J, Niemann J, Bocianowski J, Jakubus M, Mrówczyński M. Connection between Nutrient Content and Resistance to Selected Pests Analyzed in *Brassicaceae* Hybrids. *Agriculture*. 2021; 11(2):94. <https://doi.org/10.3390/agriculture11020094>

3. Szwarz J, Niemann J, Kaczmarek J, Bocianowski J, Weigt D. Genetic Relationship of Brassicaceae Hybrids with Various Resistance to Blackleg Is Disclosed by the Use of Molecular Markers. *Current Issues in Molecular Biology*. 2022; 44(9):4290-4302. <https://doi.org/10.3390/cimb44090295>
4. Szwarz J, Niemann J, Bocianowski J, Kaczmarek J, Doğu MZ, Nowicka A. Improving the Selection Efficiency of Breeding Material within Interspecific *Brassicaceae* Hybrids with Genomic Prediction and Phenotyping. *Agriculture*. 2023; 13(5):962. <https://doi.org/10.3390/agriculture13050962>

Wszystkie prace są wieloautorskie, w trzech pani mgr inż. Justyna Szwarz była pierwszą autorką, a w jednej drugą. Z obowiązku przytoczę łączne wskaźniki bibliometryczne, choć zwyczajowo parametry te nie podlegają ocenie. Łączny pięcioletni współczynnik wpływu (Impact Factor) czasopism zgodnie z rokiem ukazania się artykułów to 11,35, a łączna liczba punktów MNiSW/MEiN wyniosła 310. Wkład własny Doktorantki w badania opisane w pracach wchodzących w skład rozprawy został szczegółowo opisany, a Jej uśredniony udział procentowy w powstanie tych publikacji został oceniony na 50%. Świadczy to o bezdyskusyjnym wiodącym udziale Doktorantki w przeprowadzone badania oraz powstanie prac. Udział pani mgr inż. Justyny Szwarz polegał m.in. na współudziale w stworzeniu koncepcji i hipotezy badawczej (w jednej pracy samodzielnie), zaplanowaniu i przeprowadzeniu analiz molekularnych i polowych, analizie i interpretacji wyników oraz przygotowaniu oryginalnych i ostatecznych wersji publikacji. Z opisu i zakresu aktywności można stwierdzić, że warsztat badawczy został przez Doktorantkę opanowany i adekwatnie dobrany do osiągnięcia założonych celów.

Autoreferat został przygotowany na 66 stronach maszynopisu. Podział Autoreferatu jest typowy dla eksperymentalnych rozpraw doktorskich i obejmuje: Streszczenia w językach polskim i angielskim, Wprowadzenie z omówieniem aktualnej literatury w temacie rozprawy, Hipotezy badawcze i cele pracy, Materiały i metody wykorzystywane podczas realizacji pracy, Wyniki, Dyskusję, po której następują sformułowane Wnioski, oraz Spis literatury cytowanej w Autoreferacie. Następnie załączono pełne wersje publikacji wchodzących w skład rozprawy. Należy podkreślić, że każda z zawartych w rozprawie prac stanowi ważną jej część, a wyniki w tych pracach zawarte fundamentalnie przyczyniły się do nadania jej ostatecznego kształtu.

Rzepak (*Brassica napus* L.) jest jedną z najważniejszych roślin z rodziny *Brassicaceae*, służąc przede wszystkim jako źródło wartościowego oleju o licznych zastosowaniach, zarówno spożywczych, jak i technicznych i przemysłowych. Jak praktycznie każda z roślin uprawnych, produkcja rzepaku uzależniona jest od szeregu czynników agrotechnicznych, abiotycznych i biotycznych. Do tych ostatnich zaliczyć można szkodniki atakujące uprawy, takie jak śmietka kapuściana i mszyca kapuściana, a także choroby grzybowe, jak choćby sucha zgnilizna kapustnych, wywoływana przez grzyby z rodzaju *Leptosphaeria*. Wysiłki naukowców i hodowców zmierzają do ograniczenia wpływu tych czynników na wielkość plonów. Z uwagi na wzrost świadomości konsumentów w kontekście szkodliwości pestycydów i fungicydów, na znaczeniu zyskują programy zmierzające do zwiększenia naturalnej odporności roślin na infekcję/porażenie szkodliwymi czynnikami biologicznymi. Dlatego wątki podjęte przez Doktorantkę w niniejszej rozprawie jak najbardziej wpisują się w tę jakże aktualną strategię, a tematyka wydaje się bez wątpienia uzasadniona i potrzebna, zaś z naukowego punktu widzenia niezwykle wartościowa.

Pozornie połączenie w jednej pracy czynników tak odmiennych jak owady i grzyby może się wydawać przedsięwzięciem dość karkołomnym i ryzykownym, jednak kłamrą spinającą jest zróżnicowany materiał badawczy, a dzięki takiemu podejściu można liczyć na pełniejszy obraz poziomu zróżnicowania genotypów pod względem badanych cech, a także znalezienie przesłanek zmierzających do poznania mechanizmów leżących u podstaw odporności na szerokie spektrum czynników biotycznych.

Rozdział „Wprowadzenie” został przygotowany niezwykle starannie. Jest przejrzysty, zwarty i zawiera solidną dawkę wiedzy teoretycznej, która pozwala bez trudu zaznajomić się z przedmiotem podjętych badań. Jednocześnie, co należy docenić, brak w nim zbędnych dygresji, które mogłyby odciągać od istoty problemu badawczego. Świadczy to o dojrzałości Doktorantki w zakresie konsekwentnego i świadomego wyboru interesujących ją kierunków badawczych, dotyczących głównie odporności rzepaku na szkodniki i choroby grzybowe. Również zagadnienia istotności stopnia odżywienia roślin dla obserwowanych różnic w odporności roślin oraz przydatności markerów molekularnych w badaniach nad identyfikacją, polimorfizmem i poszukiwaniem korelacji ze zwiększoną odpornością poszczególnych linii zostały bardzo zgrabnie wplecione w treść tego rozdziału, co wraz z opisem oceny fenotypowej badanych genotypów podsumowuje tematykę, na której skupia się niniejsza rozprawa.

Sformułowanych zostało pięć hipotez badawczych, które dobrze odzwierciedlają tematykę podjętych badań. Jednakże przynajmniej jedna (Hipoteza 3) wydaje się w zasadzie stwierdzeniem oczywistym, nie wymagającym weryfikacji. Cele rozprawy zostały opisane przejrzysto, choć główny cel badawczy mógłby być opisany zwięźle i bardziej konkretnie, gdyż druga część zdania wynika niejako z pierwszej. Jest to jednak jedynie drobna uwaga redakcyjna. Cele dodatkowe są już bardziej specyficzne i nawiązują do prac wchodzących w skład zestawu publikacji.

Rozdział „Materiały i metody badawcze” jest wystarczająco szczegółowy i opisuje wszystkie procedury wykorzystane przez Doktorantkę podczas realizacji pracy. Podoba mi się zestawienie wszystkich materiałów w jednej tabeli, wraz z oznaczeniem, w których pracach cyklu były wykorzystywane. Mam jednakże pytanie i prośbę o wyjaśnienie podczas obrony rozprawy. W opisie materiału wykazano różne pokolenia i lata, w których były prowadzone poszczególne doświadczenia. Rozumiem zatem, że rośliny te były przez te lata samozapylane i w kolejnych latach wysiewano zebrane nasiona? Tej informacji akurat brakuje w tabeli, tam różne pokolenia tych samych genotypów są traktowane jako tożsame. Czy to znaczy, że w kolejnych pokoleniach nie ma już zmienności wynikającej z mieszańcowego charakteru badanych linii? Prosiłbym o komentarz w tej kwestii.

Rozdział „Wyniki” jest dość zwarty i stanowi kompilację danych opublikowanych we wszystkich czterech pracach, ale konsekwentnie pogrupowanych tematycznie, co sprawia, że czyta się go dobrze. Na podstawie analiz statystycznych obserwacji fenotypowych wyodrębniono grupę genotypów o podwyższonej i utrzymującej się w kolejnych sezonach odporności na co najmniej jednego ze szkodliwych owadów. Co ciekawe, tylko osiem z nich stanowiły linie mieszańcowe, pozostałe 27 zaś – odmiany rzepaku. Jednocześnie dane przedstawione na Rycinie 1 jasno pokazują, że uśredniona odporność linii mieszańcowych na śmietkę kapuścianą była wyższa niż w przypadku odmian rzepaku w każdym kolejnym sezonie (lata 2017-2019). W tych samych latach różnice w odporności na mszycę kapuścianą nie były już takie oczywiste. W związku z tym powraca pytanie o wspomnianą wcześniej stabilność genetyczną linii mieszańcowych. Mam nadzieję, że będzie to przyczynek do dyskusji podczas obrony rozprawy. Z linii mieszańcowych wyróżniało się potomstwo krzyżowania *B. napus* cv. Jet Neuf x *B. carinata* PI 649096, który na podstawie uzyskanych wyników wydaje się być najbardziej obiecującym kandydatem do wprowadzenia do

programów hodowlanych. Również w przypadku analizy odporności badanych genotypów na suchą zgniliznę kapustnych linia ta prezentowała się ponadprzeciętnie.

Interpretację wyników dotyczących roli składników mineralnych w zróżnicowanej odporności na badane szkodniki potraktowano dość skrótowo. Doktorantka wykazała jedynie negatywną korelację pomiędzy zawartością wapnia i odpornością na mszycę kapuścianą i śmietkę kapuścianą wśród badanych 12 genotypów linii mieszańcowych, a także pozytywną korelację między zawartością miedzi a odpornością tych linii na mszycę kapuścianą.

Podobnie można ocenić podrozdział opisujący połowę analizę wybranych cech morfologicznych. Zresztą, w moim odczuciu akurat ta część badań włączonych do rozprawy jest najmniej przystająca do pozostałych aspektów, co nie znaczy, że jest zbędna, gdyż pokazuje ogromne zróżnicowanie analizowanych materiałów roślinnych.

Mam wątpliwości dotyczące analizy markerów SSR do oceny stopnia pokrewieństwa/zróżnicowania genetycznego badanych materiałów. Dendrogram zamieszczony w publikacji 3 pokazuje znaczną zmienność alleli pomiędzy poszczególnymi liniami, zastanawiający jest jednakże fakt, że odmiany rzepaku nie grupowały się razem, często bliższe pokrewieństwo było wykazane pomiędzy odmianą i linią mieszańcową. Ponieważ w tabeli badanych genotypów widnieją również „czyste” gatunki inne niż *B. napus*, więc nie można założyć, że markery te były amplifikowane jedynie w tle genetycznym *B. napus*. Brak w pracy jednakże danych dotyczących konkretnych alleli potencjalnie specyficznych dla poszczególnych gatunków *Brassica*, a taka informacja pozwoliłaby dodatkowo ocenić przydatność użytych markerów do charakteryzowania materiałów mieszańcowych. Rycina 2 wygląda na tożsamą z tą zamieszczoną w publikacji 3. Wydaje mi się, że wypadałoby zacytować tę pracę jako źródło.

Część wyników dotycząca identyfikacji markerów potencjalnie związanych z odpornością badanych genotypów na suchą zgniliznę kapustnych jest dla mnie odrobinę nieczytelna. Przykładowo nie bardzo rozumiem opis tabeli 5, a konkretnie oznaczeń przy długościach obserwowanych fragmentów amplifikowanych (kolumna 2). Prosiłbym o dodatkowe wyjaśnienie podczas obrony rozprawy. Poza tym, lista wykorzystanych w publikacji markerów różni się od tej zamieszczonej w autoreferacie (w publikacji markerów jest więcej). Proszę o wyjaśnienie tej rozbieżności.

Dyskusja jest dość rozbudowana i zawiera sporo informacji, które pasują bardziej, a czasem są wręcz powtórzeniem tych, które zostały przedstawione we Wprowadzeniu. Początkowe

akapity stanowią również miejscami podsumowanie danych zamieszczonych w rozdziale „Wyniki” bez odniesienia do doniesień literaturowych. Jednocześnie należy przyznać, że Doktorantka potrafiła skupić się na kluczowych dla rozprawy wątkach badawczych, unikając dygresji na tematy nie związane z przedmiotem pracy. Na stronie 41 padło stwierdzenie, że zwiększona zawartość wapnia wpłynęła negatywnie na odporność roślin, co można tłumaczyć toksycznością nadmiernego stężenia jonów wapnia. Czy zbadano, jaki poziom można uznać za toksyczny? Kolejny etap prac stanowiły molekularne analizy zróżnicowania genetycznego badanych materiałów. Czy podczas wyliczania współczynnika informacji o polimorfizmie brano pod uwagę przynależność gatunkową genotypów? Na stronie 44 Doktorantka sugeruje, że przyczyną obserwowanego znacznego stopnia polimorfizmu może być nierówne dziedziczenie liczby chromosomów od obojga rodziców. Czy podjęto jakieś próby eksperymentalnego potwierdzenia tej hipotezy, lub czy takie próby planowane są w przyszłości? W Dyskusji wspomniane zostało uzyskanie niespecyficznych fragmentów amplifikowanych z użyciem starterów flankujących regiony SSR, teoretycznie związanych z odpornością roślin na suchą zgniliznę kapustnych. W ilu powtórzeniach były wykonywane te analizy? Czy wyniki były powtarzalne? W moim odczuciu niektóre z wyciągniętych wniosków stanowią jedynie podsumowanie uzyskanych wyników, bądź są oczywistymi stwierdzeniami. Mogły być zredagowane nieco odważniej, na przykład z perspektywą prowadzenia dalszych badań. Rozprawę wieńczy spis cytowanej literatury, obejmujący ponad 150 pozycji, w przeważającej większości angielskojęzycznych.

Uwagi, wątpliwości i pytania, które zawarłem w niniejszej recenzji, nie umniejszają w żaden sposób obiektywnej wartości pracy, która jest według mnie wysoka, oraz mojej pozytywnej oceny. Konkludując stwierdzam, że przedstawiona do recenzji rozprawa spełnia wszystkie wymagania określone w art. 187 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (tekst jednolity Dz.U. z 2021 r, poz. 478) stawiane rozprawom doktorskim i wobec tego wnoszę do Rady Naukowej Dyscypliny Rolnictwo i Ogrodnictwo Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu o dopuszczenie mgr inż. Justyny Szwarec do dalszych etapów przewodu doktorskiego.

*Lukasz Stępień*