

Autoreferat

w postępowaniu habilitacyjnym w dziedzinie nauk
rolniczych

dr inż. Danuta Kurasiak-Popowska



Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
Ul. Wojska Polskiego 28
60-637 Poznań
danuta.kurasiak-popowska@up.poznan.pl

2020

Autoreferat

1. Imię i nazwisko: Danuta Kurasiak-Popowska

2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe

- stopień doktora nauk rolniczych w zakresie agronomii (uchwała Rady Wydziału Rolniczego Akademii Rolniczej im. A. Cieszkowskiego w Poznaniu z 8 lipca 2005 roku)

Rozprawa doktorska pt. „Kształtowanie się wigoru i innych cech jakościowych nasion roślin strączkowych pod wpływem wybranych czynników agrotechnicznych”.

Promotor: prof. dr hab. Jerzy Szukała

- tytuł magistra inżyniera biotechnologii
Wydział Rolniczy, Akademia Rolnicza im. Augusta Cieszkowskiego w Poznaniu – 20.06.1999

Praca magisterska pt. „The use of IRUTRON-2000[®] and ASAC-1000 (Automatic Seed Analyser Computer) methods for vigour estimation of tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.) and red pepper (*Capsicum annuum* L.) seeds.

Promotor: prof. José M. Durán

co-promotor: prof. dr. hab. Cezary Mądrzak

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

- 1.10.2006 – obecnie - Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Wydział Rolnictwa i Bioinżynierii, Katedra Genetyki i Hodowli Roślin (do 2008 roku Akademia Rolnicza, Wydział Rolniczy, Katedra Genetyki i Hodowli Roślin), adiunkt
- 1.10.2005 – 30.09.2006 - Akademia Rolnicza im. A. Cieszkowskiego w Poznaniu, Wydział Rolniczy, Katedra Genetyki i Hodowli Roślin, asystent

4. Omówienie osiągnięć, o których mowa w art. 219 ust. 1 pkt. 2 Ustawy.

a) tytuł osiągnięcia naukowego – jednotematycznego cyklu publikacji pod wspólnym tytułem:

Analiza zróżnicowania genetycznego oraz składu chemicznego lniarki siewnej

b) Wykaz publikacji wchodzących w skład osiągnięcia naukowego:

1. **Kurasiak-Popowska D***. 2019. Lniarka siewna – roślina historyczna czy perspektywiczna? *Fragm. Agron.* 36 (2): 42–54.

Punktacja wg MNiSW (2019): 5

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na: opracowaniu koncepcji, zebraniu literatury, napisaniu manuskryptu oraz funkcji autora korespondencyjnego.

2. **Kurasiak-Popowska D.**, Tomkowiak A., Czołpińska M., Bocianowski J., Weigt D.*, Nawracała J. 2018. Analysis of yield and genetic similarity of Polish and Ukrainian *Camelina sativa* genotypes. *Ind. Crop. Prod.* 123: 667–675.

Punktacja wg MNiSW (2016): 40 IF (2018): 4,191 IF (5-letni): 4, 419

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na: opracowaniu koncepcji badawczej, zaplanowaniu doświadczenia polowego, współudziale w przeprowadzeniu analiz laboratoryjnych, interpretacji wyników, napisaniu manuskryptu.

3. **Kurasiak-Popowska D***, Stuper-Szablewska K. 2020. The phytochemical quality of *Camelina sativa* seed and oil. *Acta Agr Scand B-S P.* 70(1): 39–47.

Punktacja wg MNiSW (2019): 40 IF (2018): 0,810 IF (5-letni): 0,947

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na: opracowaniu koncepcji badawczej, zaplanowaniu doświadczenia polowego, wykonaniu pomiarów i obserwacji polowych na analizowanym materiale roślinnym, współudziale w przeprowadzeniu analiz laboratoryjnych, interpretacji wyników, napisaniu manuskryptu oraz funkcji autora korespondencyjnego ().*

4. **Kurasiak-Popowska D***, Stuper-Szablewska K., Nawracała J. 2017. Olej rydzowy jako naturalne źródło karotenoidów dla przemysłu kosmetycznego. *Przem. Chem.* 96 (10): 2077–2080.

Punktacja wg MNiSW (2016): 15 IF (2017): 0,399 IF (5-letni): 0,345

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na: opracowaniu koncepcji badawczej, zaplanowaniu doświadczenia polowego, wykonaniu pomiarów i obserwacji polowych na analizowanym materiale roślinnym, współudziale w przeprowadzeniu analiz laboratoryjnych, interpretacji wyników, napisaniu manuskryptu oraz funkcji autora korespondencyjnego ().*

5. **Kurasiak-Popowska D***, Ryńska B., Stuper-Szablewska K. 2019. Analysis of distribution of selected bioactive compounds in *Camelina sativa* from seeds to pomace and oil. *Agronomy* 9 (4): 168.

Punktacja wg MNiSW (2019): 100 IF (2018): 2,259

Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na: opracowaniu koncepcji badawczej, zaplanowaniu doświadczenia polowego, wykonaniu pomiarów i obserwacji polowych na analizowanym materiale roślinnym, współudziale w przeprowadzeniu analiz laboratoryjnych, interpretacji wyników, napisaniu manuskryptu oraz funkcji autora korespondencyjnego ().*

Summary IF =7,659

Punkty MNiSW = 200 pkt

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

Wprowadzenie

Lnianka siewna (*Camelina sativa* L. Crantz.) należy do rodziny *Brassicaceae* i pochodzi z terenu wschodniej Europy oraz zachodniej Azji [Vollmann i Eynck 2015]. Lnianka jest rośliną jednoroczną. Znane są zarówno formy jare i ozime, przy czym w świecie rozpowszechnione są głównie formy jare.

Ogromny potencjał lnianki wynika z możliwości wykorzystania jej jako niskonakładowej, odpornej rośliny oleistej. Lnianka charakteryzuje się wysoką adaptacją do zróżnicowanych warunków klimatycznych i glebowych [Berti i in. 2016, Vollmann i in. 2001, Zubr 2003]. Roślina ta posiada unikalne cechy agronomiczne, do których należy duża zimotrwałość form ozimych, krótki okres wegetacji i w porównaniu do rzepaku, wyższa zdolność do nieosypywania nasion. Wśród roślin oleistych to właśnie lnianka jest rośliną najbardziej odporną na choroby i szkodniki. Należy do gatunków, których uprawa jest prosta i przyjazna dla środowiska [Zubr 2003]. Dzięki swym niewielkim wymaganiom glebowym może być alternatywną rośliną oleistą dla uprawy rzepaku na gorszym stanowisku. Wymienione cechy predysponują ją jako roślinę przeznaczoną do upraw ekologicznych, jak również do wykorzystania do uprawy na glebach niskiej klasy.

Na terenie Polski do lat 50 XX w. lnianka siewna była drugą uprawianą rośliną oleistą, a pozyskiwany z niej olej rydzowy przeznaczony był głównie na cele spożywcze. W Europie wschodniej wykorzystywany był również do produkcji farb, pokostów i lakierów.

Obecnie *Camelina sativa* ma małe znaczenie w naszym kraju jako roślina uprawna. Natomiast jest ona popularna jako niskonakładowa roślina do produkcji biopaliw w Stanach Zjednoczonych [Hunsaker i in. 2011, Kakani i in. 2012] oraz Kanadzie [Lu i in. 2011]. W ostatnim czasie wychodząc naprzeciw oczekiwaniom zarówno producentów jak i konsumentów poszukiwane są alternatywne źródła wysokiej jakości oleju, który dzięki swojemu składowi mógłby znaleźć zastosowanie nie tylko jako olej spożywczy o cechach żywności funkcjonalnej, ale również jako surowiec, który może być stosowany w różnych gałęziach przemysłu [Kurasiak-Popowska i in. 2017].

Zwiększenie powierzchni uprawy lnianki wymaga hodowli odmian charakteryzujących się wyższym plonowaniem, czy zmienionym składem chemicznym. Hodowla nowych odmian wymaga zgromadzenia dużej puli materiałów wyjściowych. W bankach genów zgromadzono bardzo małą ilość genotypów lnianki. Największe banki genów na świecie do roku 2019 nie posiadały w swoich zasobach form ozimych. Ograniczona pula genetyczna sprawia, iż hodowcy próbują poszerzyć istniejącą zmienność za pomocą krzyżowania oddalonego, mutagenezy i inżynierii genetycznej.

Prowadzone na całym świecie badania dotyczą doboru odpowiednich genotypów, właściwych parametrów agrotechnicznych i analizy otrzymanego z nasion lnianki oleju rydzowego. Badania genetyczne, agrotechniczne czy chemiczne dotyczą jednak głównie form jarych. W zachodniej Europie i krajach Ameryki Północnej pojawiają się dopiero pierwsze wyniki związane z próbami uprawy oraz wykorzystaniem pojedynczych odmian lnianki ozimej. Brak dostępności tych odmian jest głównym czynnikiem limitującym. Brak szczegółowych danych na temat form

ozimych lnianki siewnej stał się podstawą do podjęcia badań w tym kierunku. Porównanie genotypów jarych i ozimych lnianki siewnej, zarówno pod względem różnicowania genetycznego, plonowania jak i różnic w składzie chemicznym jest zagadnieniem nowym, a uzyskane wyniki mają szansę szerokiego wykorzystania w praktyce rolniczej.

Cel badań i hipoteza badawcza

Głównym celem pracy było określenie zmienności genetycznej i biochemicznej w obrębie genotypów lnianki siewnej jarej i ozimej. W pierwszym kroku określono zmienność genetyczną między genotypami ozimymi i jarymi lnianki, uprawianymi w centrum jej pochodzenia (na terenie Polski i Ukrainy). Następnie oceniono różnicowanie genetyczne i plonowanie stabilnych linii mutacyjnych lnianki. W dalszej kolejności badano wpływ formy uprawnej lnianki na zawartość kwasów tłuszczowych oraz wybranych związków bioaktywnych. Kolejnym etapem badań była ocena transmisji wybranych związków bioaktywnych z nasion do oleju i wytlóków w procesie tłoczenia na zimno.

W związku z powyższym przedstawiono następujące hipotezy badawcze:

1. Lnianka siewna jest rośliną o dużym potencjale.
2. Różnicowanie genetyczne lnianki w centrum jej pochodzenia jest potencjałem w aspekcie hodowlanym, a linie mutacyjne umożliwiają poszerzenie zmienności genetycznej gatunku.
3. Forma uprawna lnianki ma wpływ na profil kwasów tłuszczowych.
4. Forma uprawna lnianki oraz warunki pogodowe determinują zawartość związków bioaktywnych.
5. Podczas procesu tłoczenia oleju na zimno nie wszystkie związki bioaktywne z nasion przechodzą do oleju, a znaczna ich ilość pozostaje w wytlókach.

W celu weryfikacji postawionych hipotez badawczych w ramach niniejszego osiągnięcia realizowano następujące cele szczegółowe:

1. Kompleksowa charakterystyka lnianki siewnej w tym jej uprawy, hodowli oraz składu i zastosowania oleju rydzowego.
2. Określenie różnicowania genetycznego oraz plonowania wybranych form jarych i ozimych lnianki siewnej
3. Analiza profilu kwasów tłuszczowych w nasionach genotypów jarych i ozimych lnianki siewnej.
4. Analiza zawartości wybranych związków bioaktywnych w genotypach jarych i ozimych lnianki siewnej.
5. Określenie transferu związków bioaktywnych z nasion do oleju i wytlóków lnianki siewnej.

Ad. 1 Kompleksowa charakterystyka lnianki siewnej w tym jej uprawy, hodowli oraz składu i zastosowania oleju rydzowego

Literatura przedmiotu wskazuje, że lnianka rozwinęła się jako chwast w uprawach lnu i być może roślin zbożowych na terenie południowo-wschodniej Europy i południowo zachodniej Azji [Larsson, 2013]. Na terenie Polski lnianka siewna była uprawiana na stosunkowo dużym obszarze do lat 50 XX w.

W zachodniej Europie, Kanadzie i USA generalnie uprawia się lniankę jarą. Wyższe plonowanie i większa odporność na niekorzystne warunki glebowo-

klimatyczne sprawia, iż w Europie wschodniej od lat obserwuje się większą powierzchnię upraw form ozimych.

Lnianka siewna (*Camelina sativa* L. Crantz.), jest jednoroczną rośliną oleistą. Na podstawie wieloletnich badań własnych stwierdzono, że długość okresu wegetacji form jarych wynosi około 100-130 dni a form ozimych od 280 do 300 dni. W Rolniczym Gospodarstwie Doświadczalnym (RGD) Dłoń należącym do Katedry Genetyki i Hodowli Roślin UPP przed wysiewem lnianki przeprowadza się głęboką orkę. Formy ozime wysiewane są między 10 a 30 września, a jare na przełomie marca i kwietnia. W RGD Dłoń norma wysiewu wynosi $5 \text{ kg} \cdot \text{ha}^{-1}$, a rozstawa rzędów 15 cm dla lnianki jarej i 30 cm dla ozimej; głębokość 1-1,5 cm. Przed wschodami stosowany jest herbicyd zawierający metazachlor, dimetenamid-P oraz chinomerak. Wysokość lnianki waha się od 50 do 90 cm w przypadku form jarych i od 80 do 120 cm dla form ozimych. Lnianka jest rośliną samopylną, a średnica kwiatów wynosi od 5 do 7 mm. Owocem jest łuszczyńka zawierająca od 8 do 15 bardzo małych nasion, o długości około 2 mm, których masa tysiąca wynosi średnio od 0,8 g do 1,8 g. Plon produkcyjny w RGD Dłoń odmiany jarej Omega wahał się od $1,2 \text{ t} \cdot \text{ha}^{-1}$ (2018) do $2,0 \text{ t} \cdot \text{ha}^{-1}$ (2015), a odmiany ozimej Luna od $1,8 \text{ t} \cdot \text{ha}^{-1}$ (2018) do $2,3 \text{ t} \cdot \text{ha}^{-1}$ (2016).

Konieczność hodowli nowych, lepszych odmian tego gatunku związana jest ze wzrastającym zainteresowaniem tą rośliną. Do wyhodowania nowej odmiany niezbędne jest zgromadzenie możliwie dużej ilości materiałów wyjściowych posiadających możliwie dużą zmienność genetyczną. W Polsce, w Księdze Ochrony Wyłącznego Prawa (KO) ochronie podlegają wyłącznie 2 odmiany lnianki jarej oraz 3 odmiany lnianki ozimej. Odmiana Omega oraz odmiany ozime Luna i Maczuga zostały wyhodowane na Uniwersytecie Przyrodniczym w Poznaniu w Katedrze Genetyki i Hodowli Roślin. W roku 2018 w Krajowym Centrum Roślinnych Zasobów Genowych dostępne były 93 genotypy lnianki siewnej jarej, w banku genów w USA (USDA/ARS) dostępne były tylko 44 genotypy, w Niemczech (IPK Gatersleben) 183 genotypy, a w Czechach 88 genotypów.

Zainteresowanie lnianką wynika głównie z szerokich możliwości wykorzystania tej rośliny. Lnianka siewna uprawiana jest głównie ze względu na wysoką zawartość oleju (około 40%) w nasionach zwanego olejem rydzowym [Budín i in. 1995, Nguyen i in. 2013]. *Camelina* jest bogata w kwas oleinowy (18:1), linolowy, (18:2), linolenowy (18:3), i eikozenowy (20:1). Stosunek kwasu linolowego (18: 2n-6) – (LA) do kwasu α -linolenowego (18: 3n-3) – (ALA) w oleju rydzowym wynosi około 1:2 i jest unikalny wśród olejów roślinnych [Zubr i Matthäus 2002].

Tradycyjnie olej rydzowy wykorzystywano głównie do celów spożywczych. Prozdrowotne właściwości oleju rydzowego oraz wielowiekowa tradycja jego sprawiły, że w 2006 r. został on wpisany na listę produktów tradycyjnych dla Województwa Wielkopolskiego [<http://www.minrol.gov.pl>]. Obecnie najwięcej uwagi poświęca się wykorzystaniu oleju rydzowego do produkcji oleju napędowego oraz do wykorzystania jako paliwo lotnicze [Berti i in. 2016, Goímez-Monedero i in. 2016]. W Polsce w ramach projektu INICJATYWA EUREKA– E!4018 CAMELINA – BIOFUEL.” pn. „Rozwój technologii wytwarzania biopaliw z olejów roślinnych, tłuszczów zwierzęcych z wykorzystaniem olejów z lnicznika siewnego, jako nowej bazy surowcowej” potwierdzono możliwość wykorzystania lnianki siewnej do produkcji oleju napędowego.

Prawie 32% ogólnej powierzchni gruntów ornych w Polsce zajmują grunty słabe i bardzo słabe [Skłodowski i Bielska 2009]. Małe wymagania glebowe i nawozowe, odporność na stesy biotyczne oraz na suszę jest ogromnym potencjałem lnianki siewnej. Zarówno zachodzące zmiany klimatyczne jak i rozporządzenia unijne nakazujące stosowanie zasad zintegrowanej ochrony roślin dodatkowo umacniają

potencjalne znaczenie tego gatunku. Uprawiane w Polsce odmiany umożliwiają wykorzystanie tej niskonakładowej rośliny do produkcji oleju na cele spożywcze, jako składnik mieszanek paszowych oraz na cele przemysłowe.

Publikacja w języku polskim w kwartalniku wydawanym przez Polskie Towarzystwo Agronomiczne umożliwiła przedstawienie potencjału lnianki siewnej szerokiemu gronu specjalistów.

Kurasiak-Popowska D*. 2019. Lnianka siewna – roślina historyczna czy perspektywiczna? *Fragm. Agron.* 36 (2): 42–54.

Ad. 2 Określenie zróżnicowania genetycznego oraz plonowania wybranych form jarych i ozimych lnianki siewnej

Aktualnie obserwowany jest wzrost arealu upraw lnianki, problem stanowi jednak mała liczba dostępnych odmian (w Polsce 2 odmiany jare i 3 ozime). Wynika to głównie z małej bioróżnorodności genetycznej lnianki siewnej zgromadzonej w bankach genów, a stanowiącej podstawowe źródło materiału wyjściowego do hodowli.

Celem badań była ocena potencjału plonowania polskich i ukraińskich genotypów lnianki jarej oraz ozimej w klimacie Polski. Dodatkowo analizowano podobieństwo genetyczne polskich i ukraińskich genotypów lnianki. Ostatnim etapem badań było sprawdzenie czy otrzymane linie mutacyjne poszerzyły zmienność genetyczną gatunku.

Na podstawie dostępności na terenie Polski do badań polowych i molekularnych wybrano 9 genotypów lnianki jarej oraz 11 genotypów lnianki ozimej. Analizowano formy jare lnianki siewnej: odmianę Omega będącą w od 2013 roku w Księdze Ochrony Wylącznego Prawa (KO), 2 stare odmiany uprawiane w Polsce: Borowską i Grodziską oraz 6 odmian z Ukrainy należących do kolekcji Katedry Genetyki i Hodowli Roślin (KGiHR). W pracy analizowano również 3 odmiany (Maczuga, Przybrodzka i Luna) oraz 8 stabilnych genetycznie linii mutacyjnych lnianki ozimej. Odmiana Przybrodzka została wpisana do KO w roku 2008, a odmiany Luna i Maczuga wyhodowane w KGiHR zostały wpisane do KO w roku 2012. Stabilne genetycznie linie lnianki ozimej otrzymano w KGiHR po napromieniowaniu nasion odmiany Przybrodzka promieniami γ w roku 1993r. Zastosowano 4 dawki promieniowania: 0 Gy, 200 Gy, 400Gy, 600Gy ze źródła ^{60}Co [Łuczkiwicz i Błaszczak 1998]. W wyniku prowadzonych w następnych latach prac genetyczno – hodowlanych otrzymano szereg linii lnianki ozimej (Żółta, K 9/1, K 10/1, 14/2/2, 14/2/3, 15/2/2, 15/3/2, C 5/1).

Doświadczenie polowe zostało wykonane w RGD Dłoń należącym do UPP w latach 2012-2016 w układzie bloków zrandomizowanych kompletnych w 3 powtórzeniach na poletkach o powierzchni 6 m².

W doświadczeniach w RGD Dłoń średnie plonowanie odmian jarych wynosiło 1,34 t·ha⁻¹ a ozimych 1,9 t·ha⁻¹, przy zastosowaniu optymalnego terminu siewu i aplikacji azotu w ilości 110 kg·ha⁻¹. Plony były zmienne w latach, przy czym obserwowano silną korelację między średnim plonowaniem a plonami w poszczególnych latach badań (2013-2016) wynoszącą od 0,79 do 0,91. Plon lnianki był modyfikowany przez warunki atmosferyczne panujące w latach, przy czym zaobserwowano większy wpływ opadów niż temperatury. Niekorzystny rozkład opadów w poszczególnych dekadach, zwłaszcza w okresie wiosennym w przypadku genotypów jarych obniżał uzyskane plony. Wyższe plonowanie i większa odporność na niekorzystne warunki glebowo-klimatyczne w Europie wschodniej form ozimych sprawia, iż na tym obszarze od lat obserwuje się większą powierzchnię upraw.

Średnie plonowanie polskich odmian jarych wynosiło $1,66 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$, a ukraińskich $1,18 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$. Analizując plonowanie odmian jarych stwierdzono brak różnic w plonowaniu pomiędzy najczęściej uprawianymi polskimi odmianami Omega i Borowska we wszystkich latach badań (średnio $2,16 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$), statystycznie istotne niższe plonowanie starej polskiej odmiany Grodziska oraz wszystkich odmian ukraińskich.

Wśród odmian ozimych średnio do najwyższej plonujących zaliczyć można uprawianą w Polsce odmianę Luna oraz linie mutacyjne Żółta, K10/1, 14/2/2, 14/2/3 oraz C5/1. Porównując odmianę Przybrodzka z otrzymanymi z tej odmiany liniami mutacyjnymi stwierdzono, iż linie Żółta i 14/2/3 średnio plonowały istotnie wyżej, a linie 15/2/2 oraz 15/3/2 istotnie niżej niż odmiana wyjściowa. Uzyskane wyniki wyrównanych pod względem genetycznym linii mutacyjnych mają szanse na wykorzystanie w praktyce.

W celu sprawdzenia podobieństwa genetycznego linii jarych i ozimych przeprowadzono analizy molekularne. W pracy wykorzystano 15 starterów RAPD wybranych na podstawie wyników zamieszczonych w pracy Vollmann i in. [2005] oraz 7 starterów mikrosatelitarnych na podstawie Manca i in. [2013]. Na podstawie uzyskanych wyników wykonano dendrogram podobieństwa genetycznego. W jednej grupie znalazły się wszystkie genotypy pochodzące z Ukrainy (z wyjątkiem Kirgizskij). Polskie odmiany Inianki jarej i ozimej (z wyjątkiem odmiany Przybrodzka) znalazły się w jednej grupie podobieństwa. Najmniejszym podobieństwem do pozostałych analizowanych odmian charakteryzowały się 2 odmiany (polska Przybrodzka i ukraińska Kirgizskij) oraz 3 ozime linie mutacyjne: 14/2/2, 14/2/3 oraz 15/2/2. Podobieństwo genetyczne genotypów jarych było istotnie statystycznie większe, niż genotypów ozimych na poziomie istotności 0.05. Potwierdzono tym samym znaczącą rolę linii mutacyjnych poszerzeniu zmienności genetycznej gatunku.

W opublikowanej pracy po raz pierwszy w czasopiśmie o randze międzynarodowej zestawiono wieloletnie wyniki plonowania wielu genotypów jarych i ozimych Inianki. Dodatkowo wykazano potencjał genotypów ozimych i korzyści płynące z wykorzystania mutagenyzy do hodowli nowych odmian Inianki siewnej.

Kurasiak-Popowska D., Tomkowiak A., Czołpińska M., Bocianowski J., Weigt D., Nawracała J. 2018. Analysis of yield and genetic similarity of Polish and Ukrainian *Camelina sativa* genotypes. Ind. Crop. Prod. 123: 667-675.

Ad. 3 Analiza profilu kwasów tłuszczowych w nasionach genotypów jarych i ozimych Inianki siewnej

Istniejący stan wiedzy na temat składu chemicznego nasion Inianki skupiony jest na profilu kwasów tłuszczowych, co jest związane z głównym zastosowaniem Inianki jako surowca do produkcji biopaliwa oraz zastosowania w przemyśle spożywczym. Powszechne wykorzystanie na świecie wyłącznie form jarych sprawia, iż brak jest danych na temat składu kwasów tłuszczowych w genotypach Inianki ozimej.

W zdecydowanej większości prac naukowych przeprowadzone analizy chemiczne dotyczą kilku genotypów Inianki (jarej). W niniejszej pracy postanowiono przebadać wszystkie dostępne genotypy *Camelina sativa* z banku genów w USA, oraz dostępne odmiany z Ukrainy. Jednocześnie badano ustabilizowane genetycznie genotypy jare i ozime pochodzące z hodowli KGiHR. Przeprowadzono dwuletnie badania na 66 genotypach jarych (45 genotypów pochodziło z banku genów z USA, 6 genotypów z Ukrainy, 1 odmiana z Szwajcarii i 14 genotypów z Polski) oraz 9

genotypach ozimych Lnianki siewnej (pochodzących z Polski). W celu uzyskania obiektywnych wyników wszystkie genotypy pochodziły z dwuletnich doświadczeń polowych przeprowadzonych w RGD Dłoń (2015-2017), wysiewanych w układzie bloków losowanych, w trzech powtórzeniach.

Na podstawie uzyskanych wyników nie stwierdzono istotnych statystycznie różnic dla zawartości kwasów tłuszczowych pomiędzy latami badań. Zaobserwowano natomiast różnice pomiędzy formami jarymi i ozimymi Lnianki siewnej. Genotypy ozime charakteryzowały się wyższym udziałem w profilu podstawowych nienasyconych kwasów tłuszczowych (UFA) w porównaniu do form jarych. Lnianka siewna charakteryzuje się zazwyczaj dużą ilością niezbędnych nienasyconych kwasów tłuszczowych (NNKT), w tym kwasów tłuszczowych ω -6 (kwas linolowy) i kwasu tłuszczowego ω -3 (kwas linolenowy) [Fan i Eskin, 2013]. Kwas linolowy (C18 : 2, ω -6) stanowił 14 % w profilu kwasów tłuszczowych w genotypach jarych i 16% w przypadku form ozimych. Średnia zawartość kwasu α -linolenowego (C18 : 3, ω -3) wynosiła 38% dla genotypów jarych i 37% dla genotypów ozimych. W porównaniu do innych roślin oleistych jest to wysoki udział tego kwasu. Jedynie nasiona lnu zawierają go więcej, bo aż 60% [Nettleton, 1991; Budin i in., 1995; Hui 1996].

Średni udział kwasu oleinowego (C18 : 1) i eikozenowego (C20:1) dla form jarych wynosił odpowiednio 14% i 19%. Średnia zawartość obu tych kwasów tłuszczowych dla form ozimych była identyczna i wynosiła 15%. Kwas C 20:1 jest jednym z kwasów, które powstają w wyniku biokonwersji kwasu linolowego i α -linolenowego. Jest on również jednym z ważniejszych prekursorów w powstawaniu organicznych związków lotnych takich jak: alkohole, aldehydy, kwasy, laktony czy estry. Wśród nich identyfikuje się szereg związków lotnych odpowiedzialnych za kompozycję zapachową oleju rydzowego.

Zawartość kwasu erukowego C22:1 była zdecydowanie niższa w genotypach ozimych w porównaniu z genotypami jarymi i wynosiła ponad 3% dla form jarych i poniżej 1% dla form ozimych. Jest to istotna informacja, nie podawana do tej pory w literaturze. Kwas erukowy wykazuje toksyczne działanie wobec ludzi i zwierząt, jest charakterystyczny dla roślin z rodzaju *Brassicacea*. Maksymalna dopuszczalna zawartość kwasu erukowego wynosi 5% w Unii Europejskiej (Council Directive 76/621/EEC, 1976) i 2% w Stanach Zjednoczonych oraz Australii i Nowej Zelandii (FDA, 2010, Abbott et al., 2003)

Wyniki dwuletnich badań [Kurasiak-Popowska i Stuper-Szablewska, 2020] umożliwiły wykazanie tendencji charakterystycznych dla form jarych i ozimych Lnianki jako całości. Natomiast wyniki badań jednorocznych zawartych w artykule opublikowanym w czasopiśmie *Agronomy* [Kurasiak-Popowska i in., 2019] ukazały zmienność pomiędzy poszczególnymi genotypami Lnianki. W pracy tej badano zawartość kwasów tłuszczowych w 3 genotypach jarych (Omega, CSS-CAM oraz Hoga) i odmianie ozimej Luna. Istotne różnice pod względem udziału nienasyconych kwasów tłuszczowych stwierdzono dla genotypu CSS-CAM, który cechował się istotnie najniższą zawartością jednonienasyconych kwasów tłuszczowych, natomiast najwyższą zawartością wielonienasyconych kwasów tłuszczowych. Badane genotypy Lnianki zawierały od 35% (Hoga) do 46 % (CSS-CAM 25) kwasu α -linolenowego.

W wyniku dwuletnich analiz stwierdzono, że formy ozime charakteryzują się wyższym udziałem podstawowych nienasyconych kwasów tłuszczowych. Dieta przeciętnego człowieka w krajach wysokorozwiniętych jest bogata w kwasy nasycone oraz kwasy ω -6. Wysokie proporcje ω -6 do ω -3 w diecie wynoszące nawet od 10:1 do 20:1 zmniejszają syntezę eikozanoidów linolenowych i mogą stymulować stany zapalne [Tapiero i in., 1999]. Przeprowadzone badania własne genotypów jarych i ozimych

lnianki siewnej potwierdzają wysoką zawartość kwasów ω -3. Zastosowanie oleju rydzowego jako żywności funkcjonalnej może przyczynić się zmniejszenia dysproporcji ω -6 do ω -3 w diecie.

Dwuletnie badania własne wskazują na niższą zawartość kwasu eikozenowego i erukowego w formach ozimych lnianki. Na podstawie przeprowadzonych badań wskazano również na istotny wpływ genotypu na uzyskane wyniki zawartości kwasów tłuszczowych.

Kurasiak-Popowska D*, Stuper-Szablewska K. 2020. The phytochemical quality of *Camelina sativa* seed and oil. *Acta Agr Scand B-S P.* 70(1): 39-47.

Kurasiak-Popowska D*, Ryńska B., Stuper-Szablewska K. 2019. Analysis of distribution of selected bioactive compounds in *Camelina sativa* from seeds to pomace and oil. *Agronomy* 9 (4): 168.

Ad. 4 Analiza zawartości wybranych związków bioaktywnych w genotypach jarych i ozimych lnianki siewnej

Nasiona lnianki, a tym samym olej z nich tłoczony, bogate są w związki bioaktywne, obok kwasów ω -3, ω -6 zawierają fitosterole, a także związki fenolowe [Taranu i in. 2014; Berti i in. 2016]. Polifenole pełnią wielokierunkową funkcję: z jednej strony w produktach spożywczych kształtują smak i barwę wykazują aktywność przeciwutleniającą, stabilizują tłuszcze oraz inne labilne składniki żywności, a z drugiej strony działają na organizm konsumentów jako antyoksydanty. Z kolei fitosterole będące elementem budulcowym błon komórkowych roślin, również pełnią rolę biologicznych przeciwutleniaczy. Znaczne zwiększenie spożycia fitosteroli jest efektywnym sposobem ograniczenia chorób układu sercowo-naczyniowego.

Istniejący stan wiedzy na temat składu chemicznego nasion lnianki skupiony był do tej pory wokół profilu kwasów tłuszczowych, co było związane z jej głównym zastosowaniem jako surowca do produkcji biopaliw oraz zastosowania w przemyśle spożywczym. Brak dokładnych danych na temat zawartości związków bioaktywnych w formach jarych i ozimych wynika z faktu, że do tej pory podobne badania nie były prowadzone.

Przeprowadzono badania na 66 genotypach jarych, (45 genotypów pochodziło z banku genów z USA, 6 genotypów z Ukrainy, 1 odmiana ze Szwajcarii i 14 genotypów z Polski) oraz 9 genotypach ozimych lnianki siewnej pochodzących z Polski w celu określenia profilu ilościowego wybranych związków bioaktywnych nasion lnianki siewnej. Badania nad zawartością związków bioaktywnych w nasionach lnianki siewnej prowadzono w cyklu 2-letnim w RGD Dłoń. Analizowano 8 aglikonów flawonoidowych i 12 kwasów fenolowych.

Pod względem zawartości w nasionach lnianki sumy flawonoidów i kwasów fenolowych nie stwierdzono istotnych różnic między latami badań. Stwierdzono natomiast różnice w zawartości poszczególnych grup analizowanych związków między formami jarymi i ozimymi.

Całkowite stężenie flawonoidów dla form jarych lnianki siewnej wynosiło 404 mg/kg \pm 38,5 w roku 2016 i 429,9 mg/kg \pm 13,8 w roku 2017. Stężenie flawonoidów dla form ozimych wyniosło odpowiednio 507,3 mg/kg \pm 51,4 i 526,4 mg/kg \pm 10,4. W przypadku flawonoidów najwyższe średnie stężenie stwierdzono w przypadku form jarych i ozimych dla apigeniny, leteoliny i kwercytiny. Formy ozime zawierały więcej zarówno apigeniny jak i kwercytiny w porównaniu z formami ozimymi.

Średnie sumaryczne stężenie kwasów fenylopropanowych było istotnie wyższe od kwasów fenylokarboksylowych. Wśród kwasów fenylokarboksylowych stwierdzono najwyższą zawartość kwasu 4-hydroksybenzoesowego zarówno dla form jarych, jak i

ozimych. Kwasy fenyloakrylowe występowały w nasionach lnianki siewnej w kilkakrotnie wyższych stężeniach niż kwasy fenylokarboksylowe. Stwierdzono, że kwas synapowy występował w najwyższych stężeniach i był dyskryminantem między latami oraz formami użytkowymi. Kwas kawowy, cynamonowy i ferulowy zajmowały drugie miejsce pod względem ilościowym.

Kolejną istotną grupą związków bioaktywnych są barwniki karotenoidowe i chlorofilowe. Ich obecność wpływa nie tylko na ograniczenie autooksydacji kwasów tłuszczowych, ale również jest istotną składową cech sensorycznych oleju (barwa).

Analizy tych związków przeprowadzono na 2 odmianach (Przybrodzka i Luna) oraz 7 liniach mutacyjnych lnianki siewnej ozimej. Doświadczenie z 2 odmianami i 7 liniami lnianki ozimej założono w RGD Dłoń w 2016 r.

Na podstawie wyników analizy barwników chlorofilowych oraz karotenoidowych stwierdzono, że olej rydzowy zawierał niewielkie ilości chlorofilu – poniżej 1 mg/kg. Zawartość karotenoidów wynosiła 136,5- 183 mg/kg. Obie odmiany miały zbliżoną zawartość karotenoidów – odmiana Przybrodzka 159 mg/kg, a Luna 160,9 mg/kg. Dla porównania w oleju rzepakowym zawartość karotenoidów wynosi średnio 15 mg/kg.

Kompozycja trzech najważniejszych karotenoidów w oleju rydzowym: beta-karotenu, zeaksantyny i luteiny jest korzystna dla zdrowia. W badaniach własnych obserwowano wysoką zawartość beta-karotenu: 115,4-126,5 mg/kg.

Istotną nowością w tych badaniach było wyznaczenie stężenia luteiny na poziomie 13,9 - 16,8 mg/kg oraz zeaksantyny 4,8 - 6,12 mg/kg co sprawia, iż olej rydzowy może być doskonałym źródłem tych składników. Uśredniając stężenie luteiny i zeaksantyny okazuje się, że olej rydzowy zawiera proporcję 5:1 tych dwóch karotenoidów. Organizm ludzki nie jest w stanie wytworzyć niniejszych karotenoidów, należy je dostarczyć z zewnątrz wraz z żywnością.

Na podstawie przeprowadzonych analiz chemicznych stwierdzono istotnie wyższą zawartość badanych związków bioaktywnych dla form ozimych lnianki siewnej. Wśród analizowanych związków bioaktywnych w nasionach lnianki kwasy fenolowe najbardziej różnicują formy jare i ozime.

Kompozycja związków bioaktywnych oleju rydzowego wskazuje na szerokie możliwości zastosowania w przemyśle kosmetycznym i farmaceutycznym. Na podstawie uzyskanych wyników stwierdzono zatem, że olej rydzowy jest bogatym źródłem karotenoidów, a ich proporcja, podobnie jak kwasów tłuszczowych jest terapeutyczna, co predysponuje ten produkt do stopnia żywności funkcjonalnej.

Kurasiak-Popowska D*, Stuper-Szablewska K., Nawracała J. 2017. Olej rydzowy jako naturalne źródło karotenoidów dla przemysłu kosmetycznego. *Przem. Chem.* 96 (10): 2077-2080.

Kurasiak-Popowska D*, Stuper-Szablewska K. 2020. The phytochemical quality of *Camelina sativa* seed and oil. *Acta Agr Scand B-S P.* 70(1): 39-47.

Ad. 5 Określenie transferu związków bioaktywnych z nasion do oleju i wytlóków lnianki siewnej.

Analizując profil związków bioaktywnych oraz prozdrowotne właściwości lnianki siewnej postanowiono przebadać nasiona, olej i wytloki pod kątem jego zastosowania w przemyśle spożywczym oraz paszowym. Celem badań było określenie profili jakościowych i ilościowych związków bioaktywnych zawartych w oleju i wytlókach pozyskanych w procesie tłoczenia na zimno w porównaniu z ich zawartością w nasionach.

Przeprowadzone badania dotyczyły analiz 3 genotypów jarych oraz 1 odmiany ozimej lnianki siewnej. Odmiana jara Omega oraz odmiana ozima Luna zostały wyhodowane w KGiHR na Uniwersytecie Przyrodniczym w Poznaniu. Genotypy jare: Hoga (z Danii) i CSS-CAM 25 (z terenu byłego Związku Radzieckiego) otrzymano z U.S. National Plant Germplasm System (NPGS).

Nasiona pozyskano z jednorocznych badań polowych przeprowadzonych w RGD Dłoń na przełomie 2016-2017 r. Z nasion wyłoczono olej na prasie ślimakowej skonstruowanej przez pracowników Przemysłowego Instytutu Maszyn Rolniczych w Poznaniu w ramach projektu INICJATYWA EUREKA-E14018 CAMELINA-BIOFUEL.

Analizie chemicznej poddano nasiona, pozyskany olej oraz wytloki. Badano profil ilościowy wybranych związków bioaktywnych takich jak: 8 aglikonów flawonoidowych, 12 kwasów fenolowych, 3 karotenoidów.

Przeprowadzone badania zawartości związków bioaktywnych miały na celu sprawdzenie jak rozkładają się grupy poszczególnych przeciwutleniaczy w oleju oraz wytlokach. Z uwagi na zróżnicowane właściwości chemiczne analizowanych związków chemicznych, ich rozpuszczalność oraz polarność należało sugerować, iż istotna część związków bioaktywnych nie zostanie pozyskana wraz z olejem. Rozpuszczalne w wodzie związki bioaktywne pozostały w większości w wytlokach.

W wyniku przeprowadzonych badań stwierdzono jednak że ponad 80% flawonoidów w wyniku procesu tłoczenia przedostaje się do oleju. Natomiast między 10% a 20% z nich pozostaje w wytlokach. Stwierdzono również istotne różnice między zawartością oznaczonych związków bioaktywnych w badanych genotypach.

W przypadku kwasów fenolowych tendencja była podobna. Istotnie wyższą ich zawartością cechował się olej w porównaniu z wytlokami. Proporcje te jednak były inne niż w przypadku flawonoidów. W porównaniu z zawartością tych związków w nasionach, średnio 50 % kwasów fenolowych zostało przeniesionych do oleju.

Kolejną grupą związków bioaktywnych, które analizowano były karotenoidy. Informacje na temat zawartości karotenoidów w oleju rydzowym w literaturze przedmiotu są śladowe. Uzyskane w ramach niniejszej pracy wyniki wskazują na wysoki poziom β -karotenu w nasionach oraz w oleju. Stwierdzono, że karotenoidy rozpuszczalne w tłuszczach w ponad 70% zostały wyekstrahowane z nasion wraz z olejem.

Transmisja analizowanych związków bioaktywnych z nasion do oleju nie była wcześniej analizowana. Podjęto już badania mające na celu wyjaśnienie zjawiska przechodzenia związków rozpuszczalnych w wodzie do oleju. Informacje na ten temat w literaturze są fragmentaryczne i zjawisko to nie zostało do tej pory wyjaśnione. Olej rydzowy tłoczony na zimno, bogaty w naturalne przeciwutleniacze jest wykorzystywany do spożycia na surowo i może być traktowany jako żywność funkcjonalna. Znaczne ilości związków bioaktywnych w wytlokach wskazują na potencjał wykorzystania produktu ubocznego z tłoczenia oleju jako źródła związków bioaktywnych.

Kurasiak-Popowska D*, Ryńska B., Stuper-Szablewska K. 2019. Analysis of distribution of selected bioactive compounds in *Camelina sativa* from seeds to pomace and oil. *Agronomy* 9 (4): 168.

Najważniejsze osiągnięcia poznawcze i aplikacyjne zaprezentowanych badań:

Osiągnięcia poznawcze niniejszego cyklu publikacji skupiają się wokół charakterystyki genetycznej oraz biochemicznej genotypów lnianki siewnej. Badania tego typu i o

takim zasięgu co do wielkości populacji nie były do tej pory prowadzone. Najważniejsze osiągnięcia to:

1. Rozpoznanie zróżnicowania genetycznego lnianki w jednym z centrów jej pochodzenia, do którego wykorzystano dostępne odmiany z Polski i Ukrainy
2. Charakterystyka 66 genotypów jarych oraz 9 genotypów ozimych w badaniach wieloletnich pod kątem zawartości 19 kwasów tłuszczowych,
3. Oceniona wpływu linii mutacyjnych na zwiększenie zmienności genetycznej oraz plonowanie
4. Określenie pod względem ilościowym transmisji związków bioaktywnych o charakterze przeciwutleniającym z nasion do oleju oraz wyłoków w procesie tłoczenia na zimno

Uzyskane w pracy wyniki są wykorzystywane w hodowli nowych odmian lnianki siewnej. Stwierdzono ważną rolę linii mutacyjnych w poszerzeniu zmienności genetycznej tego gatunku. Badane w niniejszej pracy genotypy lnianki ustabilizowane po wielu latach selekcji są przedmiotem 2 zgłoszeń do COBORU (Centralnego Ośrodka Badania Odmian Roślin Uprawnych).

Uzyskane wyniki badań wskazują na duży, ciągle jeszcze niewykorzystany potencjał lnianki siewnej. Badania uwypuklają wielorakie korzyści wynikające z wykorzystania form ozimych lnianki. Genotypy lnianki ozimej charakteryzują się wyższym plonowaniem, większą odpornością na niekorzystne warunki glebowo-klimatyczne, korzystnym profilem kwasów tłuszczowych oraz bogactwem związków bioaktywnych. Formy ozime lnianki są więc korzystne zarówno z punktu widzenia agronomicznego, jak i prozdrowotnego.

W ramach niniejszego osiągnięcia habilitacyjnego zaproponowano możliwość zastosowania oleju rydzowego, bądź ekstraktów z samych nasion wybranych związków bioaktywnych jako komponentu kosmetyków ekologicznych. Dodatkowo, zawartość związków bioaktywnych w wyłokach pozwala na wykorzystanie ich jako źródło związków bioaktywnych, które może być wykorzystane do dalszej obróbki w celu pozyskania gotowych ekstraktów, lub jako dodatek do pasz czy nawet żywności. Uzyskane interesujące wyniki wskazują na szerokie możliwości zastosowania nie tylko oleju rydzowego, ale samych nasion i wyłoków w innych gałęziach przemysłu.

Literatura

- Abbott P., Baines J., Fox P., Graf L., Kelly L., Stanley G., Tomaska L. 2003. Review of the regulations for contaminants and natural toxicants. *Food Control*, 14(6): 383–389.
- Berti M., Gesch R., Eynck C., Anderson J., Cermak S. 2016. Camelina uses, genetics, genomics, production, and management. *Industrial Crops and Products*, 94: 690–710.
- Budin J.T., Breene W M., Putnam D.H. 1995. Some compositional properties of camelina (*Camelina sativa* L. Crantz) seeds and oils. *Journal of the American Oil Chemists' Society*, 72(3): 309–315.
- Fan L., Eskin N.A.M. 2013. Camelina oil: chemistry, properties and utilization. *Recent Res Dev Lipids*. 9:125–137.
- Goímez-Monedero B., Bimbela F., Arauzo J.S. Faria J., Ruiz M.P. 2015. Pyrolysis of red eucalyptus, camelina straw, and wheat straw in an ablative reactor. *Energy Fuels* 29: 1766–1775.
- Hui Y.H. *Bailey's Industrial Oil and Fat Products*, 5th ed.; Wiley: New York, NY, USA, 1996; Volume 2.
- Hunsaker D.J., French A.N., Clarke T.R., El-Shikha D.M. 2011. Water use, crop coefficients, and irrigation management criteria for camelina production in arid regions. *Irrigation Science*, 29(1): 27–43.
- Kakani R., Fowler J., Haq A.-U., Murphy E.J., Rosenberger T.A., Berhow M., Bailey C.A. 2012. Camelina meal increases egg n-3 fatty acid content without altering quality or production in laying hens. *Lipids*, 47(5): 519–526.
- Larsson M. 2013. Cultivation and processing of *Linum usitatissimum* and *Camelina sativa* in southern Scandinavia during the Roman Iron Age. *Vegetation History and Archaeobotany*, 22(6), 509–520.
- Lu, C., Napier, J. A., Clemente, T. E., Cahoon, E. B. 2011. New frontiers in oilseed biotechnology:

- meeting the global demand for vegetable oils for food, feed, biofuel, and industrial applications. *Current Opinion in Biotechnology*, 22(2): 252–259.
- Łuczkiwicz T., Błaszczyk L. 1998. Karłowy mutant lnianki ozimej *Camelina sativa* L. *Rośl. Oleiste/Oilseed Crops* 19 (2): 615-620.
- Manca A., Pecchia P., Mapelli S., Masella P., Galasso I. 2012. Evaluation of genetic diversity in a *Camelina sativa* (L.) Crantz collection using microsatellite markers and biochemical traits. *Genet Resour Crop Evol.* 60: 1223–1236.
- Nettleton J.A. 1991. γ -3 Fatty acids: Comparison of plant and seafood sources in human nutrition. *J. Am. Diet. Assoc.*, 91: 331–337.
- Nguyen H. T., Silva J. E., Podicheti R., Macrander J., Yang W., Nazarens T.J., Cahoon E.B. 2013. *Camelina* seed transcriptome: a tool for meal and oil improvement and translational research. *Plant Biotechnology Journal*, 11(6): 759–769.
- Skłodowski P., Bielska A. 2009. Właściwości i urodzajność gleb Polski – podstawą kształtowania relacji rolno-środowiskowych. *Woda-Środowisko-Obszary Wiejskie*, 9 (4): 203–214.
- Tapiero H., Couvreur G.N., Ba P., Tew K.D. 1999. Polyunsaturated fatty acids PUFA and eicosanoids in human health and pathologies. *Biomed. Pharmacother.* 56: 215–222.
- Vollmann J., Steinkellner S., Glauning J. 2001. Variation in resistance of camelina (*Camelina sativa* (L.) Crz.) to downy mildew (*Peronospora camelinae* Gäum.). *J. Phytopathol.* 149: 129–133.
- Vollmann J., Eynck C. 2015. *Camelina* as a sustainable oilseed crop: Contributions of plant breeding and genetic engineering. *Biotechnology Journal*, 10(4): 525–535.
- Zubr J. 2003. Qualitative variation of *Camelina sativa* seed from different locations. *Industrial Crops and Products*, 17(3): 161–169.
- Zubr J., Matthäus B. 2002. Effects of growth conditions on fatty acids and tocopherols in *Camelina sativa* oil. *Industrial Crops and Products*, 15(2): 155–162.

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

Działalność naukową rozpoczęłam w czasie studiów, uczestnicząc w półrocznej praktyce na Uniwersytecie w Madrycie (La Escuela Técnica Superior de Ingenieros Agrónomos) w ramach programu TEMPUS (16.04–8.10.1998 r.). Uzyskane w trakcie pobytu w Madrycie wyniki zostały zawarte w mojej pracy magisterskiej, której promotorem został kierownik Katedry Ogrodnictwa na Uniwersytecie w Madrycie ('Escuela Técnica Superior de Ingenieros Agrónomos) - prof. José M. Durán, a co-promotorem prof. dr. hab. Cezary Mądrzak. Praca magisterska, w której analizowałam wigor nasion pomidora i papryki za pomocą testu elektroprowadnictwa została nagrodzona nagrodą im. Prof. Jerzego Zwolińskiego za najlepszą pracę magisterską w roku akademickim 1999/2000. Opisane w pracy wyniki zostały referowane na międzynarodowym seminarium INRA (Institut National de la Recherche Agronomique) w Tuluzie (11.1998 r.).

Poznane podczas pobytu na Uniwersytecie w Madrycie metody badania wigoru nasion wprowadziłam do Katedry Uprawy Roli i Roślin podczas studiów doktoranckich (i badania te są kontynuowane w Katedrze Agronomi do chwili obecnej). Podczas studiów doktoranckich kontynuowałam prace związane z problematyką kształtowania się jakości nasion pod wpływem wybranych czynników agrotechnicznych. Badania dotyczyły łubinu białego, żółtego, wąskolistnego, bobiku oraz grochu. Wyniki badań 6 doświadczeń polowych, oceny zdolności kiełkowania oraz wigoru (testem elektroprowadnictwa, testem wzrostu siewki i testem szybkości wzrostu siewki) zawarłam w rozprawie doktorskiej. W czasie studiów doktoranckich ściśle

współpracowałam z Instytutem Chemii Bioorganicznej PAN, gdzie wykonywałam ujęte w rozprawie doktorskiej badania zawartości cukrów z rodziny rafinozy.

1. **Kurasiak D.** Duran J.M., Camacho M., Retamal N., Pavon M., Torres M, 1998. Seed quality analysis of vegetables by an improved computerized seed analyser (IRUTRON). INRA, Toulouse Centre, France.
2. **Kurasiak D.** 1999. Praktyka na Uniwersytecie w Madrycie. *Ogrodnictwo* 2: 30-31.
3. **Kurasiak-Popowska D.**, Szukała J., Gulewicz K. 2009. The effect of irrigation, soil cultivation system and nitrogen fertilizer on the vitality and content of selected sugars in *Vicia faba* seed. *Spanish Journal of Agricultural Research* 7 (4): 730-736.

Chcąc połączyć wiedzę zdobytą podczas studiów na kierunku Biotechnologia z doświadczeniem związanym z nasiennictwem zdobytym podczas praktyki na Uniwersytecie w Madrycie oraz z zagadnieniami agronomicznymi, z którymi zapoznałam się podczas studiów doktoranckich w roku 2005 rozpoczęłam pracę w Katedrze Genetyki i Hodowli Roślin Akademii Rolniczej w Poznaniu. W pierwszym roku pracy pracowałam nad metodyką genomowej hybrydyzacji *in situ* (GISH) u zbóż. Następnie zaczęłam prace związane z badaniami zmienności genetycznej żyta i pszenicy.

Badania dotyczące lnianki siewnej umożliwiły mi współpracę z innymi ośrodkami naukowymi. W Katedrze Genetyki i Hodowli Roślin badania genetyczno-hodowlane lnianki siewnej prowadzone były od lat 80-tych. Moje badania nad lnianką siewną rozpoczęłam od opracowania wyników badań wykonanych w ramach projektu INICJATYWA EUREKA– E!4018 CAMELINA – BIOFUEL.” pn. „Rozwój technologii wytwarzania biopaliw z olejów roślinnych, tłuszczów zwierzęcych z wykorzystaniem olejów z lnicznika siewnego, jako nowej bazy surowcowej”. Praca nad artykułem dotyczącym zagospodarowania lnianki siewnej do wytwarzania biodiesla wymagała współpracy z Instytutem Ciężkiej Syntezy Organicznej Blachownia z Kędzierzyna-Koźle. Następnie z Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych, z Banku Genów w USA (National Plant Germplasm System) oraz z Kanady (Plant Gene Resources of Canada (PGRC) sprowadziłam dostępne genotypy kolekcyjne lnianki jarej wykorzystywane po namnożeniu do dalszych badań. Oprócz badań zebranych w osiągnięciu naukowym wspólnie z pracownikami Wydziału Technologii Chemicznej Politechniki Poznańskiej oraz Instytutu Ochrony Roślin brałam udział w badaniach nad możliwością wykorzystania oleju rydzowego do produkcji amoniowych cieczy jonowych. Współpraca z pracownikami Wydziału Kształowania Środowiska i Rolnictwa na Uniwersytecie Warmińsko-Mazurskim zaowocowała publikacją dotyczącą zróżnicowania parametrów morfometrycznych lnianki siewnej. Chcąc poznać funkcjonowanie Centralnego Ośrodka Badania Odmian Roślin Uprawnych odbyłam tygodniowy staż w tej instytucji. Wieloletnia praca hodowlana, w której brałam czynny udział zaowocowała zgłoszeniem lnianki jarej i ozimej do Księgi Ochrony Wylącznego Prawa (2017 r. i 2019 r.). Działania związane z gatunkiem *Camelina sativa* mają na celu szczegółowe poznanie tego gatunku, rozpowszechnienie tej wiedzy oraz wykorzystanie w trakcie hodowli nowych odmian.

1. Mosio-Mosiewski J., Łuczkiwicz T., Warzała M., Nawracała J., Nosal H., **Kurasiak-Popowska D***. 2015. Badania nad zagospodarowaniem lnianki siewnej do wytwarzania biodiesla. *Przem. Chem.* 94 (3): 369-373.
2. Pernak J., Łęgosz B., Klejdysz T., Marcinkowska K., Rogowski J., **Kurasiak-Popowska D.**, Stuper-Szablewska K. 2018. Ammonium bio-ionic liquids based on camelina oil as potential novel agrochemicals. *RSC Adv.* 8 (50): 28676-28683.

3. Wiwart M., **Kurasiak-Popowska D.**, Suchowilska E., Wachowska U., Stuper-Szablewska K. 2019. Variation in the morphometric parameters of seeds of spring and winter genotypes of *Camelina sativa* (L.) Crantz. Ind. Crop. Prod. 139:
4. Przyznanie tymczasowego wyłącznego prawa do odmiany lnianki siewnej o nazwie hodowlanej UPP817 decyzją dyrektora COBORU z dnia 26.09.2017 r., zakres terytorialny – Polska. Autorzy: Nawracała J., Łuczkiwicz T., **Kurasiak-Popowska D.**
5. Przyznanie tymczasowego wyłącznego prawa do odmiany lnianki siewnej o nazwie hodowlanej UPP919 decyzją dyrektora COBORU z dnia 29.03.2019 r., zakres terytorialny – Polska. Autorzy: Nawracała J., Łuczkiwicz T., **Kurasiak-Popowska D.**

Analizuję odporność pszenicy na choroby grzybowe współpracując z IGR-PAN oraz IHAR-Radzików. W konsorcjum BIOTRIGEN brałam czynny udział w weryfikacji skuteczności markerów związanych z genami półkarłowatości *Rht1* (Rht-B1b), *Rht2* (Rht-D1b) i *Rht8* oraz w ocenie efektywności selekcji mieszańców pszenicy o zmniejszonej podatności na rdzę brunatną na podstawie molekularnej identyfikacji wybranych genów odporności *Lr*. W toku analiz udało się zidentyfikować efektywne i dające powtarzalne wyniki markery molekularne typu SSR do genów półkarłowatości *Rht-B1*, *Rht-D1* i *Rht8*. Identyfikacja tych markerów umożliwia szybszą selekcję genotypów, a to z kolei pozwala na skrócenie cyklu hodowlanego i obniżenie kosztów ponoszonych na otrzymywanie nowych odmian. Jednocześnie uzyskano praktyczną wiedzę na temat występowania genów *Rht-B1*, *Rht-D1* i *Rht8* w materiałach hodowlanych pochodzących z Danko HR Sp. z o. o., Małopolska HR Sp. z o. o. i KG i HR UPP (1114 genotypy pszenicy). W toku analiz udało się zidentyfikować efektywne i dające powtarzalne wyniki markery molekularne typu SSR do genów odporności na rdzę brunatną: *Lr19* - *Xwmc221* oraz *GB* i *Lr50* - *Xgdm87*. Identyfikacja tych markerów umożliwia szybszą selekcję odmian odpornych na rdzę brunatną, a to z kolei pozwala na skrócenie cyklu hodowlanego i obniżenie kosztów ponoszonych na otrzymywanie nowych odmian. Współpraca z IGR-PAN w ramach konsorcjum BIOTRIGEN zaowocowała wspólną monografią dotyczącą wykorzystania metod biotechnologicznych w hodowli pszenicy. Współpraca z IHAR-Radzików obejmowała analizę mechanizmów odpornościowych pszenicy, badania zawartości związków fenolowych czy flawonoidów w genotypach pszenicy o różnej odporności na choroby grzybowe.

1. Stuper-Szablewska K., Ostrowska-Kołodziejczak A., Góral T., **Kurasiak-Popowska D.**, Perkowski J. 2016. Aktywacja nieenzymatycznych mechanizmów odpornościowych pszenicy w celu podniesienia wartości zdrowotnych produktów pszennych. Nowoczesne technologie produkcji żywności. Red. nauk. Hanna Maria Baranowska, Michał Piątek, Wydawnictwo Wydziału Nauk o Żywności i Żywieniu, UP w Poznaniu, 61-69.
2. Adamski T., Salmanowicz B., Surma M., Wiśniewska H., Krystkowiak K., Kuczyńska A., Kwiatek M., Langner M., Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Gawłowska M., Kaczmarek Z., Belter J., Majka M., Trzeciak R., Franaszek S., Nawracała J., Weigt D., Kiel A., Tomkowiak A., **Kurasiak-Popowska D.**, Banaszak Z., Ługowska B., Marciniak K., Bichoński A., Drzazga T. 2016. „Metody biotechnologiczne w hodowli pszenicy”. Pod redakcją M. Surmy, A. Kuczyńskiej i T. Adamskiego. Wydawnictwo ProDRUK Poznań. 2016. Liczba stron 66
3. Przybylska-Balcerek A., Góral T., **Kurasiak-Popowska D.**, Stuper-Szablewska K. 2019. Phenolic acids in various genotypes of cereals grown in Poland in the years 2017-2018. *Academia J. Med. Plants* 7 (4): 92-99.
4. Przybylska-Balcerek A., Góral T., Kurasiak-Popowska D., Stuper-Szablewska K. 2019. Antioxidant properties, quantitative and qualitative profile of flavonoids in various genotypes of cereals grown in Poland. W: Współczesne badania przyrodnicze i medyczne: zastosowania praktyczne: Wybrane zagadnienia / Red. nauk. Remigiusz Chęciński. s. 137-150.
5. Weigt D., Tomkowiak T., Nawracała J., **Kurasiak-Popowska D.**, Pluta M. 2013. Identification of the semi-dwarfing gene with the use of marker WMS 261 in wheat genotypes of different origin. *Acta Sci. Pol. Agric.* 12 (4): 95 – 103.

6. **Kurasiak-Popowska D.***, Nawracała J., Sawinska Z., Weigt D., Tomkowiak A. 2014. Characteristics of winter wheat genotypes with different degree of resistance to *Fusarium* (*Fusarium* spp.) in terms of resistance to powdery mildew (*Blumeria graminis*). *Prog. Plant Protection/Post. Ochr. Rośl* 54 (4): 462-466.
7. Tomkowiak A., Pawlak D., Nawracała J., **Kurasiak-Popowska D.**, Weigt D., Mikołajczyk S., Niemann J., Pluta M. 2015. Identyfikacja genu odporności na rdzę brunatną (*Puccinia recondita*) z wykorzystaniem markera Xgdm87 w polskich odmianach pszenicy ozimej. *Prog. Plant Protection/Post. Ochr. Rośl* 55(4): 381-385.

Projekt dotyczący różnicowania genetycznego linii wsobnych kukurydzy za pomocą markerów molekularnych w ramach dotacji MRiRW umożliwił ścisłą współpracę z pracownikami Wydziału Przyrodniczo - Technologicznego Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu. W ramach projektu uczestniczyłam w analizach molekularnych z wykorzystaniem markerów RAPD dających dużą specyficzność w określaniu polimorfizmu DNA linii kukurydzy. W trakcie badań wybrano markery RAPD, które charakteryzowały się specyficznością i wiarygodnością w określaniu polimorfizmu DNA badanych linii kukurydzy. Pozwoliło to na efektywne genotypowanie badanego materiału i wykazanie dużego różnicowania genetycznego badanych linii kukurydzy.

1. Tomkowiak A., Kociszewska K., Bocianowski J., Mikołajczyk S., **Kurasiak-Popowska D.**, Weigt D., Nowosad K., Bujak H., Nawracała J. 2017 Badanie podobieństwa genetycznego między liniami wsobnymi kukurydzy przy użyciu markerów molekularnych SSR. *Zeszyty Problemowe Postępów Nauk Rolniczych* nr 591: 97 - 106.
2. Adamczyk J., Broda Z., Bujak H., Chmielewska J., Cygiert H., Foszczyńska B., Głąb L., Kotecki A., Kozak M., **Kurasiak-Popowska D.**, Kurczyk Z., Lewandowska S., Merta-Staszczak A., Michalski T., Mikołajczyk S., Niemann J., Podkówa Z., Rejek D., Rogacka A., Rogacki J., Sowiński J., Straszak-Chandoha, Tomkowiak A., Warzecha R., Weigt D., Wolf Z., Zarzycki P., Żurek M. 2018. 60 lat kukurydzy mieszańcowej w Polsce. Monografia Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu pod red. S. Lewandowskiej, H. Bujaka oraz A. Koteckiego. Nr 213, 2018, ISBN 978-83-7717-301-5, liczba stron 152. [60 years of hybrid maize in Poland. Publisher: publishing house of Wrocław University of Environmental and Life Sciences, Editors: S. Lewandowska, H. Bujak, A. Kotecki, No.2013, 152 s.

Od roku 2018 współpraca z IGR-PAN obejmuje również udział w projekcie finansowanym w ramach dotacji MRiRW, którego zadaniem jest identyfikacja układów allelicznych genów fotoneutralności i wczesności oraz opracowanie metodyki otrzymywania roślin homozygotycznych u soi. W projekcie tym badam układy alleliczne genotypów soi dla genów wczesności *E2*, *E3*, *E4*, *E9* oraz *E10*. Ponieważ markery na poszczególne allele ww. genów są zakotwiczone w loci polimorficznych typu SNP (polimorfizm pojedynczego nukleotydu) lub INDEL (insercja lub delecja fragmentu sekwencji) do detekcji polimorfizmu wykorzystuję następujące metody: PCR, CAPS i dCAPS. W wyniku przeprowadzonych badań opracowano procedury diagnostyczne dla markerów pięciu genów wczesności kwitnienia i dwóch genów zdeterminowania wzrostu u soi przy użyciu linii referencyjnych oraz przeanalizowano układy alleliczne 150 genotypów soi.

Współpraca z Instytutem Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich dotyczyła identyfikacji gatunków *Fusarium* z porażonych roślin lnu za pomocą starterów specyficznych dla *F. oxysporum* i *F. culmorum* i zaowocowała pracą inżynierską Pani Justyny Szwarz (2017).

Dodatkowo nawiązałam współpracę w ramach programu Erasmus +, podczas pobytu w LATVIA UNIVERSITY OF AGRICULTURE (Łotwa –Jelgava) oraz w Ege University (Turcja-Izmir).

6. Informacja o osiągnięciach dydaktycznych, organizacyjnych oraz popularyzujących naukę lub sztukę.

W roku 2004 ukończyłam kurs pedagogiczny. Będąc nauczycielem akademickim na Uniwersytecie Przyrodniczym w Poznaniu opracowałam programy nauczania i prowadziłam wykłady z następujących przedmiotów: Szczegółowa hodowla roślin (kierunek – Rolnictwo, stacjonarne), Podstawy odporności na agrofagi (kierunek – Rolnictwo, stacjonarne), Hodowla odpornościowa roślin (kierunek – Medycyna roślin, stacjonarne) oraz Hodowla roślin (kierunek – Rolnictwo, stacjonarne i niestacjonarne). Dodatkowo prowadzę zajęcia w języku angielskim: Biotechnological research of environmental sciences (studia II stopnia, kierunek – Ochrona Środowiska) oraz Genetics and plant breeding (Wydział Ogrodnictwa i Architektury Krajobrazu – studenci zagraniczni). Zajęcia anglojęzyczne prowadzę od wielu lat, ale w roku 2019 zajęcia z przedmiotu „Genetics and plant breeding” zostały objęte programem współfinansowanym ze środków Unii Europejskiej pod tytułem „Najlepsi z natury! Zintegrowany Program Rozwoju Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu” POWR.03.05.00-00-z228/17.

Wykłady w języku angielskim prowadziłam w ramach Staff Mobility for Teaching (Erasmus +) na Latvia University Of Agriculture (10-14.09. 2018) oraz na Ege University (21-24.05.2019).

Biorę aktywny udział w popularyzacji nauki. Od roku 2015 prowadzę zajęcia w ramach „Nocy Naukowców” (realizowanej w ramach Programu Ramowego Unii Europejskiej HORIZON 2020), a od roku 2017 aktywnie przygotowuję wydarzenia w Poznańskim Festiwalu Nauki i Sztuki. OD roku 2017 biorę aktywny udział w organizacji „Wagarów z Przyrodą” na Wydziale Rolnictwa i Bioinżynierii UPP W roku 2018 bardzo aktywnie uczestniczyłam w przygotowaniu wniosku, a po uzyskaniu finansowania biorę czynny udział w realizacji projektu współfinansowanego ze środków Unii Europejskiej: „Przyroda od A do Z. Pozaszkolne zajęcia edukacyjne w ramach Uniwersytetu Młodych Przyrodników” (POWR.03.01.00-IP.08-00-UMO/17).

Uczestniczę w działalności organizacyjnej Wydziału Rolnictwa i Bioinżynierii. Od roku 2012 do roku 2019 byłam członkiem Rady Wydziału Rolnictwa i Bioinżynierii, członkiem Rady Programowej na kierunku Rolnictwo oraz członkiem Zespołu ds. Jakości Kształcenia na kierunku Rolnictwo. Od roku 2012 do chwili obecnej jestem członkiem Wydziałowej Komisji Oceniającej. W październiku 2019 zostałam powołana do Rady Programowej Kierunku Studiów Rolnictwo.

W roku 2018 aktywnie włączyłam się w organizację obchodów 100-lecia wydziału, czego efektem była wystawa jubileuszowa oraz monografia pt „100 lat (1919 - 2019) Wydziału Rolnictwa i Bioinżynierii: Album wystawy jubileuszowej prezentowanej od 27 września 2018 r. do 21 listopada 2019 r. w Biocentrum Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu w ramach obchodów 100-lecia Uniwersytetu Poznańskiego i 100 lat akademickich studiów rolniczo-leśnych.”

Dotychczas byłam opiekunem naukowym 9 prac magisterskich w języku polskim, 1 pracy magisterskiej w języku angielskim oraz 17 prac inżynierskich. Prace te obejmują zagadnienia genetyczno-hodowlane pszenicy, żyta, lnianki, soi, ziemniaka, kukurydzy i lnu.

Byłam promotorem pomocniczym pracy doktorskiej zrealizowanej przez mgr inż. Mateusza Plutę pt. „Analiza dziedziczenia cechy wypełnienia źdźbła pszenicy jarej (*Triticum aestivum* L.)” pod kierunkiem prof. UPP dr hab. Jerzego Nawracała (obrona w 2019 roku). Od listopada 2018 jestem promotorem pomocniczym pracy doktorskiej Pani mgr inż. Anny Przybylskiej-Balcerak pt. „Właściwości przeciwdrobnoustrojowe związków fenolowych pozyskanych z wybranych odmian zbóż uprawianych w Polsce” pod kierunkiem prof. UPP dr hab. Kingi Stuper-Szablewskiej.

Uczestnicząc na Międzynarodowej Wystawie Agro Show w Bednarach w latach 2013-2015 brałam czynny udział w promowaniu Uniwersytetu Przyrodniczego oraz Katedry Genetyki i Hodowli Roślin. Dodatkowo byłam Współorganizatorem Dnia Soi - 21.08.2015 w RGD Dłóż. Wielokrotnie brałam również udział w zjazdach hodowców pszenicy.

Dwukrotnie byłam członkiem komitetu organizacyjnego konferencji (Rośliny motylkowe w rolnictwie polskim. Genetyka, hodowla, uprawa i użytkowanie oraz Zjazd Katedr Genetyki, Hodowli Roślin, Nasiennictwa i Biotechnologii).

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

W trakcie badań naukowych nawiązałam współpracę z pracownikami innych katedr na terenie Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu oraz z otoczeniem gospodarczym.

Współpraca z Katedrą Chemii obejmuje szereg badań wykonanych do projektu w ramach dotacji z MRiRW dotyczącego ustalenia zależności występowania kwasu ferulowego w ziarnie a odpornością na choroby grzybowe pszenicy. W ramach projektu brałam udział w przeprowadzeniu doświadczeń polowych, obserwacjach fenologicznych i morfologicznych oraz ocenie stopnia porażenia przez choroby grzybowe. Po trzech latach badań stwierdzono ujemną korelację między indeksem fuzariozy kłosa a średnią zawartością kwasu ferulowego w wariacie pełnej ochrony chemicznej. Dodatkowo zaobserwowano istotne zróżnicowanie zawartości kwasu ferulowego pomiędzy analizowanymi genotypami, kombinacjami doświadczenia i lokalizacjami. Współpraca z Katedrą Chemii dotyczyła również badań pszenicy w innych doświadczeniach własnych. Dodatkowo pracownicy Katedry Chemii biorą aktywny udział w analizach składu chemicznego nasion, oleju i wytlóków z lnianki siewnej.

1. Stuper-Szablewska K., **Kurasiak-Popowska D***, Nawracała J., Perkowski J. 2014. Porównanie profilu kwasów fenolowych w różnych genotypach pszenicy. *Przem. Chem.* 93 (12): 2274-2278.
2. Stuper-Szablewska K., **Kurasiak-Popowska D.**, Nawracała J., Perkowski J. 2016. Zanieczyszczone grzybami mikroskopowymi ziarno pszenicy jako źródło kwasów fenolowych o potencjalnym zastosowaniu w przemyśle farmaceutycznym. *Przem. Chem.* 95 (6): 1233-1236.
3. Stuper-Szablewska K., **Kurasiak-Popowska D***, Nawracała J., Perkowski J. 2016. Study of metabolite profiles in winter wheat cultivars induced by *Fusarium* infection. *Cereal Res. Commun.* 44 (4): 572-584.
4. **Kurasiak-Popowska D***, Stuper-Szablewska K., Nawracała J., Tomkowiak A., Perkowski J. 2016. Phenolic acid content in wheat grain (*Triticum spp*) of different genotypes. *Rev. FCA UNCUYO* 48 (1): 1853-1865.

5. Stuper-Szablewska K., Przybylska A., **Kurasiak-Popowska D.**, Perkowski J. 2017. Kwas ferulowy. Właściwości, oznaczanie i zastosowanie w przemyśle kosmetycznym. *Przem. Chem.* 96 (10): 2070-2076.
6. Stuper-Szablewska K., **Kurasiak-Popowska D.*.**, Nawracała J., Perkowski J. 2017. Response of non enzymatic antioxidative mechanisms to stress caused by infection with *Fusarium* fungi and chemical protection in different wheat genotypes. *Chemistry and Ecology* 33(10): 949-962
7. Stuper-Szablewska K., **Kurasiak-Popowska D.*.**, Nawracała J., Perkowski J. 2019. Quantitative profile of phenolic acids and antioxidant activity of wheat grain exposed to stress. *European Food Research and Technology* 245(8): 1595-1603.
8. Pernak J., Łęgosz B., Klejdysz T., Marcinkowska K., Rogowski J., **Kurasiak-Popowska D.**, Stuper-Szablewska K. 2018. Ammonium bio-ionic liquids based on camelina oil as potential novel agrochemicals. *RSC Adv.* 8 (50): 28676-28683.
9. Przybylska-Balcerek A., Góral T., **Kurasiak-Popowska D.**, Stuper-Szablewska K. 2019. Phenolic acids in various genotypes of cereals grown in Poland in the years 2017-2018. *Academia J. Med. Plants* 7 (4): 92-99.
10. Przybylska-Balcerek A., **Kurasiak-Popowska D.**, Stuper-Szablewska K. 2019. Niebieska kukurydza - nowe źródło antyoksydantów. *Kosmos.* 2019 68 (1): 161- 166.
11. Stuper-Szablewska K., Przybylska-Balcerek, **Kurasiak-Popowska D.**, Ryńska B., Bilska A. 2019. Określenie wpływu zanieczyszczenia ziarna pszenicy grzybami mikroskopowymi oraz ich metabolitami na jakość produktów jego przerobu. *Nauka Przyr. Technol.* 13(1): 43-55.
12. Przybylska-Balcerek A., Góral T., **Kurasiak-Popowska D.**, Stuper-Szablewska K. 2019. Antioxidant properties, quantitative and qualitative profile of flavonoids in various genotypes of cereals grown in Poland. W: *Współczesne badania przyrodnicze i medyczne: zastosowania praktyczne: Wybrane zagadnienia / Red. nauk. Remigiusz Chęciński.* s. 137-150.

Badania dotyczące chorób grzybowych zbóż prowadzę współpracując z Katedrą Agronomii (Wydział Rolnictwa i Bioinżynierii) oraz Katedrą Fitopatologii i Nasiennictwa (Wydział Ogrodnictwa i Architektury Krajobrazu) Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu. Badania te dotyczą odporności różnorodnych genotypów pszenicy na *Fusarium* i inne choroby grzybowe. W wyniku badań wskazano m.in. genotypy pszenicy słabo porażane przez fuzariozę kłosa, o jednocześnie średniej bądź niskiej podatności na mączniaka prawdziwego. Takie genotypy mogą zostać wykorzystane do poprawienia odporności polskich odmian pszenicy

1. **Kurasiak-Popowska D.**, Nawracała J., Sawinska Z., Weigt D., Tomkowiak A. 2014. Characteristics of winter wheat genotypes with different degree of resistance to *Fusarium* (*Fusarium ssp.*) in terms of resistance to powdery mildew (*Blumeria graminis*). *Prog. Plant Protection/Post. Ochr. Rośl* 54 (4): 462-466.
2. **Kurasiak-Popowska D.**, Nawracała J., Kosiada T., Sawinska Z., Tomkowiak A., Weigt D., Mikołajczyk S. 2016. Characteristics of spring wheat genotypes exhibiting high resistance to FHB in terms of their resistance to other fungal diseases. *Acta Agrobot.* 69(3): 1658.

Wykonałam recenzje publikacji do następujących czasopism: *Industrial Crops and Products* (1), *Animals* (1), *Fragmenta Agronomica* (1), *Acta Agrobotanica* (1) *Processes* (1) oraz *Foods* (1).

Współpracę z otoczeniem gospodarczym pogłębiam poprzez wspólny udział w projektach badawczych.

W ramach grantu NCN:

- w analiza dziedziczenia cechy wypełnienia źdźbła pszenicy (*Triticum aestivum* (L.) obejmowała współpracę z HR Strzelce,

W ramach projektów NCB i R:

- konsorcjum BIOTRIGEN obejmowało współpracę z DANKO HR oraz Małopolską HR
- konsorcjum Polsoja obejmowało współpracę z DANKO HR, kombinatem Rolnym Kietrz oraz Top Farms „Głubczyce”

W ramach dotacji MRiRW na pokrycie kosztów wykonania badań podstawowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej:

- w projekcie "Ustalenie zależności występowania kwasu felurowego w ziarnie a odpornością na choroby grzybowe pszenicy" współpraca obejmowała DANKO HR, HR Strzelce, HR Smolice, Małopolską HR oraz Poznańską HR.
- w projekcie „Określenie zróżnicowania genetycznego linii wsobnych kukurydzy za pomocą markerów molekularnych” współpraca z HR Smolice
- w projekcie „Analiza bioróżnorodności zasobów genowych soi przydatnej do hodowli w warunkach klimatycznych Polski i tworzenie nowej zmienności genetycznej z wykorzystaniem krzyżowania międzygatunkowego *Glycine max* x *Glycine soja*” współpraca z HR Danko
- w projekcie „Identyfikacja układów allelicznych genów fotoneutralności i wczesności oraz opracowanie metodyki otrzymywania roślin homozygotycznych u soi” współpraca z HR Danko

1. Kwiatek M., Banaszak Z., Skowrońska R., **Kurasiak-Popowska D.**, Mikołajczyk S., Niemann J., Tomkowiak A., Weigt D., Nawracała J. 2019. Spike morphology alternations in androgenic progeny of hexaploid triticale (\times *Triticosecale* Wittmack) caused by nullisomy of 2R and 5R chromosomes. *In Vitro Cellular & Developmental Biology-Plant.*: 1–14.
2. Weigt D., Kiel A., Nawracała J., Tomkowiak A., **Kurasiak-Popowska D.**, Siatkowski I., Ługowska B. 2016. Obtaining doubled haploid lines of the *Lr19* gene using anther cultures of winter wheat genotypes. *BioTechnologia* 97(4): 285-293.
3. Kiel A., Weigt D., Karpińska M., Nawracała J., **Kurasiak-Popowska D.**, Tomkowiak A., Ługowska B. 2017. Wykorzystanie markerów molekularnych w selekcji genotypów pszenicy otrzymanych z kulturach *in vitro*. *Nauka Przyr. Technol* 11 (1): 23-32.
4. Adamski T., Salmanowicz B., Surma M., Wiśniewska H., Krystkowiak K., Kuczyńska A., Kwiatek M., Langner M., Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Gawłowska M., Kaczmarek Z., Belter J., Majka M., Trzeciak R., Franaszek S., Nawracała J., Weigt D., Kiel A., Tomkowiak A., **Kurasiak-Popowska D.**, Banaszak Z., Ługowska B., Marciniak K., Bichoński A., Drzazga T. 2016. Metodyka wczesnej selekcji pszenicy odpornej na łamliwość podstawy źdźbła z wykorzystaniem markerów izoenzymatycznych i molekularnych. W: „Metody biotechnologiczne w hodowli pszenicy”. Pod redakcją M. Surmy, A. Kuczyńskiej i T. Adamskiego. Wydawnictwo ProDRUK Poznań. 2016. Liczba stron 66
5. Bublewicz P., Filoda G., Gwiazdowski R., **Kurasiak-Popowska D.**, Luboiński A., Markowicz M., Nawracała J., Oblicki M. 2017. Instrukcja uprawy soi. Pod redakcją T. Praczyka. IOR-PIB Poznań, ISBN 978-64655-39-5. str. 1-50.
6. Adamczyk J., Broda Z., Bujak H., Chmielewska J., Cygiert H., Foszczyńska B., Głęb L., Kotecki A., Kozak M., **Kurasiak-Popowska D.**, Kurczych Z., Lewandowska S., Merta-Staszczak A., Michalski T., Mikołajczyk S., Niemann J., Podkówka Z., Rejek D., Rogacka A., Rogacki J., Sowiński J., Straszak-Chandoha, Tomkowiak A., Warzecha R., Weigt D., Wolf Z., Zarzycki P., Żurek M. 2018. 60 lat kukurydzy mieszańcowej w Polsce. Pod redakcją Lewandowskiej S., Bujaka H., Koteckiego A. Wydawnictwo Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu. Monografie 1–152 ss

Otrzymałam następujące nagrody:

1. Nagroda im. Prof. Jerzego Zwolińskiego za najlepszą pracę magisterską w roku akademickim 1999/2000
2. Nagroda Rektora Akademii Rolniczej im. Augusta Cieszkowskiego w Poznaniu - Nagroda zespołowa III stopnia za wyróżniającą się rozprawę doktorską 2006
3. Nagroda Rektora Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu - Nagroda zespołowa II stopnia za osiągnięcia naukowe udokumentowane publikacjami 2010
4. Nagroda Rektora Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu - Nagroda zespołowa II stopnia za osiągnięcia naukowe - badania i prace twórcze oraz upowszechnianie wiedzy 2015

5. Nagroda Rektora Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu - Nagroda zespołowa III stopnia za osiągnięcia naukowe udokumentowane publikacjami 2016
6. Nagroda Rektora Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu - Nagroda zespołowa III stopnia za osiągnięcia naukowe udokumentowane publikacjami 2017
7. Nagroda Rektora Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu - Nagroda zespołowa III stopnia za osiągnięcia naukowe udokumentowane publikacjami 2018
8. Nagroda w ramach programu pod nazwą „Regionalna Inicjatywa Doskonałości” za publikację z roku 2019
9. Nagroda Rektora Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu - Nagroda zespołowa II stopnia za osiągnięcia naukowe udokumentowane publikacjami 2019

Mój dotychczasowy dorobek naukowy obejmuje **55** oryginalnych prac twórczych, **37** streszczeń i posterów, **11** referatów konferencyjnych, **2** współautorstwa w monografii oraz **2** w rozdziałach monografii.

Na mój opublikowany dorobek naukowy składają się **1** praca indywidualna i **54** prace współautorskie, z czego w **13** publikacjach jestem autorem wiodącym. Spośród **55** oryginalnych prac twórczych, **23** zostały wydane w języku angielskim, w tym **14** w czasopismach z „Listy Filadelfijskiej”. Łączna suma uzyskanych przeze mnie punktów zgodnie z listą czasopism MNiSW z uwzględnieniem osiągnięcia naukowego wynosi **1180**.

W okresie przed uzyskaniem stopnia doktora na mój dorobek naukowy składały się **4** oryginalne prace twórcze. Znaczne zwiększenie dorobku naukowo-badawczego miało miejsce po uzyskaniu stopnia naukowego doktora.

Sumaryczny impact factor moich publikacji według listy Journal Citation Reports (JCR) wynosi **27,699**. Opublikowane artykuły według bazy *Web of Science* cytowane były **40** razy. Mój indeks Hirscha według bazy *Web of Science* wynosi **4**.

Murasiak- Popowska

.....
(podpis wnioskodawcy)