

Gdańsk, dnia 7 grudnia 2025 r.

Prof. dr hab. Ewa Łojkowska
Zakład Ochrony i Biotechnologii Roślin
Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii
Uniwersytetu Gdańskiego i Gdańskiego Uniwersytetu Medycznego w Gdańsku
Abrahama 58 80-307 Gdańsk

**Recenzja rozprawy doktorskiej magister Magdaleny Korek
zatytułowanej „Poznanie szlaków transdukcji sygnału
strigolaktonów u jęczmienia”**

Przedstawiona do recenzji rozprawa doktorska Pani magister Magdaleny Korek wykonana została pod kierunkiem Pana dra hab. Marka Marca w Instytucie Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska na Wydziale Nauk Przyrodniczych Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach. Badania opisane w rozprawie zostały zrealizowane w ramach dwóch projektów badawczych NCN, kierownikiem pierwszego 2018/31/F/NZ2/03848 BEET HOVEN LIFE1 był promotor rozprawy dr hab. Marek Marzec, a drugiego 2020/38/E/NZ9/00346 SONATA BIS10 dr hab. Agata Daszkowska-Golec, prof. UŚ.

Na rozprawę doktorską Pani mgr Magdaleny Korek składa się pięć publikacji wieloautorskich opublikowanych w międzynarodowych czasopismach naukowych w latach 2023-2025. Dwie z prac wchodzących w skład rozprawy są pracami przeglądowymi a trzy kolejne pracami eksperymentalnymi. Pani mgr Magdalena Korek jest pierwszą autorką wszystkich publikacji składających się na rozprawę doktorską. Rozprawa zawiera autoreferat, w którym omówiono najważniejsze wyniki opisane we włączonych do rozprawy publikacjach oraz przedyskutowano i podsumowano uzyskane rezultaty. W skład

opracowania wchodzą także streszczenia w języku polskim i angielskim, oświadczenia współautorów publikacji oraz wykaz dotychczasowej aktywności naukowej Doktorantki.

Recenzowana rozprawa dotyczy badań nad rolą strigolaktonów (SL) w regulacji wzrostu i rozwoju jęczmienia zwyczajnego (*Hordeum vulgare* L.) i ich udziale w interakcji z innymi hormonami roślinnymi w odpowiedzi na stres abiotyczny wywołany suszą. Doktorantka prowadziła swoje badania na jęczmieniu odmiany „Sebastian” oraz dwóch mutantach tej odmiany, różnie reagujących na stres suszy, a uzyskanych metodą TILLING w Zespole Genetyki i Genomiki Funkcjonalnej UŚ. Celem rozprawy była identyfikacja molekularnych komponentów szlaku sygnalizacji strigolaktonów w roślinach jęczmienia. Cel zrealizowano poprzez hodowlę mutantów, w genach kodujących receptor SL: *HvD14* oraz represor SL *HvD53*, w warunkach kontrolnych i warunkach suszy oraz przeprowadzenie analiz fenotypowych i transkryptomicznych wyrastających roślin. Przeprowadzone badania umożliwiły wytypowanie czynników transkrypcyjnych odgrywających istotną w regulacji ekspresji genów zależnych od strigolaktonów.

Wybór jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.) jako obiektu badań jest uzasadniony faktem, iż jest to gatunek zajmujący, wśród zbóż, czwarte miejsce na świecie pod względem areалу upraw (po pszenicy, kukurydzy i ryżu) i stanowiący ważny surowiec do produkcji żywności i pasz. Jęczmień jest jedną z najważniejszych roślin uprawnych, a badania nad czynnikami genetycznymi warunkującymi jego wzrost i rozwój w warunkach stresu abiotycznego wywołanego suszą są bardzo istotne tak z względów naukowych jak i praktycznych.

W pierwszej części autoreferatu, w nawiązaniu do publikacji przeglądowych włączonych do rozprawy, opisano strukturę cząsteczek strigolaktonów oraz interakcję między szlakami biosyntezy i sygnalizacji strigolaktonów i kwasu abscysynowego tak w korzeniach jak i częściach nadziemnych roślin, w warunkach kontrolnych i warunkach

suszy. W dalszej części wstępu Doktorantka podsumowuje wiedzę na temat rozpoznawania i wiązania cząsteczek SL przez receptor DWARF14 (D14) oraz opisuje zidentyfikowane dotychczas czynniki transkrypcyjne mogące wchodzić w interakcję z strigolaktunami. Obie prace przeglądowe (Publikacje 1 i 2), opublikowane w międzynarodowych wydawnictwach, doskonale podsumowują obecny stan wiedzy na temat funkcji strigolaktynów oraz indukowanych przez nie ścieżek sygnałowych w szeregu gatunkach roślin i bardzo dobrze wprowadzają czytelnika w tematykę rozprawy.

Warto podkreślić, iż omawiane publikacje zawierają bardzo dobrze opracowane, autorskie schematy ilustrujące: 1) drogi percepcji i sygnalizacji SL i ABA na poziomie transkrypcji, 2) organospecyficzną interakcję między SL i ABA w warunkach kontrolnych i w stresie suszy, 3) oddziaływanie SL i ABA na funkcjonowanie kanału jonowego SLAC1 wpływającego na zamykanie i otwieranie aparatów szparkowych, 4) drogę transdukcji sygnału umożliwiającego zależną od strigolaktynów indukcję transkrypcji, 5) indukowaną przez SL regulację zmiany architektury części nadziemnych roślin pszenicy i ryżu czy regulację podziałów komórek kambium naczyniowego w *Arabidopsis*.

Badania opisane w dwóch kolejnych publikacjach (Publikacje 3 i 4), włączonych do rozprawy doktorskiej, były prowadzone na roślinach odmiany „Sebastian” i mutantu *hvd14.d (hvD14)*, niewrażliwego na SL ze względu na mutację w genie kodującym receptor SL – białko DWARF 14. Mutant ten charakteryzował się częściową karłowatością i silnym rozkrzewieniem pędów. Najważniejszym efektem badań eksperymentalnych i analizy *in silico* było wytypowanie czynników transkrypcyjnych, które oddziałują z promotorami szeregu genów wykazujących zróżnicowaną ekspresję w roślinach odmiany „Sebastian” i mutancie *hvd14.d*. Istotnym było wykazanie, iż SL reguluje ekspresję tak genów specyficznych dla pędu i korzenia siewek jęczmienia jak i wspólnych dla tych organów. W efekcie wykazano istnienie zarówno organospecyficznych jak i współdzielonych mechanizmów regulacji zależnych od SL (Publikacje 3). W nawiązaniu do dyskusji

zawartej w tej publikacji i wskazaniu, iż wśród genów kontrolujących biosyntezę fitoaleksyny - kamaleksyny są czynniki transkrypcyjne zależne od SL, chciałabym zapytać Doktorantkę, czy znane są wyniki badań mutantu *hvd14.d* pod kątem odporności na mikroorganizmy patogenne dla roślin.

Kontynuacja badań na roślinach odmiany wyjściowej i mutancie *hvd14.d* pozwoliła na identyfikację interakcji między SL a innymi hormonami roślinnymi, w szczególności na obserwację obniżenia poziomu auksyn i ABA oraz podwyższenie poziomu cytokinin w roślinach z mutacją w genie receptora SL (Publikacja 4). Analiza poziomu ekspresji genów w tkankach badanych roślin wykazała istotne różnice w poziomie ekspresji czynników transkrypcyjnych BPC6 (BASIC PENTACESTEINE 6) i HCA2 (HIGH CAMBIAL ACTIVITY) oddziałujących z promotorami genów warunkujących biosyntezę auksyn, kwasu abscysynowego, cytokinin, kwasu jasmonowego i etylenu. Ważnym efektem przeprowadzonych badań było wykazanie, iż te same czynniki transkrypcyjne mogą pośredniczyć w indukcji specyficznego sygnału u *Arabidopsis* i jęczmienia, czyli roślin dwu- i jednoliściennych.

W ostatniej publikacji wchodzącej w skład rozprawy (Publikacja 5) opisano badania przeprowadzone na roślinach odmiany „Sebastian” oraz na dwóch mutantach, pierwszym badanym już wcześniej i posiadającym mutację w genie *HvD14* kodującym receptor SL i drugim, *HvD53A* uzyskanym przez Doktorantkę w ramach recenzowanej rozprawy i posiadającym mutację w genie kodującym represor SL. W wyniku przeprowadzonych doświadczeń wykazano istotne różnice w fenotypach uzyskanych roślin w warunkach kontrolnych i w stresie suszy. O ile mutant *hvd14.d* był wrażliwszy na stres suszy i wykazywał silne rozkrzewienie części nadziemnej roślin to mutant *hvd53a.f* wykazywał przeciwny fenotyp rozkrzewiania, obniżoną zawartość chlorofilu i obniżona intensywność fotosyntezy. Badania wymienionych geotypów jęczmienia w warunkach suszy wykazały, iż mutant *hvd53a.f* jest bardziej odporny na stres suszy. Pani Magdalena Korek po

przeprowadzeniu badań i ich dogłębnej analizie zaproponowała tezę, iż mutant *hvd53a.f* wykazuje większą tolerancję na suszę kosztem obniżenia wydajności fotosyntezy. Cennym efektem przeprowadzonych badań transkryptomicznych (analizy różnic w obrębie eksprymowanych genów, DEG) było wykazanie, iż w warunkach suszy mutant *hvd53a.f* wykazuje około dwukrotnie mniejszą liczbę DEC (5043) niż mutant *hvd14d* (9099), co jak wskazuje Doktorantka, może dowodzić, iż posiada on lepiej przygotowaną odpowiedź na stres suszy. W toku dalszych analiz bioinformatycznych zidentyfikowano wykazujący wyższą ekspresję w mutancie *hvd53a.f*, gen kodujący akwaporynę, białko błon komórkowych, które tworzy kanały, umożliwiające selektywny i szybki transport wody. Białko to odgrywające istotną rolę w gospodarce wodnej roślin; może być jednym z elementów zwiększających odporność mutantu na stres suszy. Kolejnym osiągnięciem było wskazanie czynnika transkrypcyjnego JUNGBRUNNEN 1, jako zależnego od SL i odmiennie regulującego ekspresję genów w mutantach *hvd14d* i *hvd53a.f*. Doktorantka wskazała, iż aktywność czynnika transkrypcyjnego JUNGBRUNNEN 1, reguluje ekspresję szeregu genów odpowiedzialnych za biosyntezę enzymów niwelujących wolne rodniki (ROS), między innymi transferazy glutationowej, która jest kluczowa dla utrzymania w komórkach równowagi redox. Doktorantka postawiła tezę, iż zwiększenie odporności na stres oksydacyjny zwiększa równocześnie odporność roślin na stres suszy. To interesująca hipoteza i chciałabym poprosić o jego szersze uzasadnienie. Jakie doświadczenia mogłaby Pani zaproponować, aby tę tezę udowodnić?

Chciałabym podkreślić, iż przedstawione badania zostały w całości opublikowane w postaci pięciu publikacji renomowanych czasopismach i wydawnictwach międzynarodowych (*BMC Plant Biology*, *Journal of Applied Genetics*, *Scientific Reports*, *Plant and Cell Physiology*). Samo opublikowanie wyników w tak znaczących periodykach świadczy o wysokim poziomie uzyskanych wyników i umiejętności ich dobrego opisanie. Oceniana rozprawa znakomicie dokumentuje opanowany przez Panią Magdalenę Korek

warsztat naukowy, który pozwoli jej w przyszłości na prowadzenie ważnych naukowo badań związanych z wykorzystaniem szeregu opanowanych technik tak w krajowym jak i międzynarodowym środowisku naukowym.

Na podkreślenie zasługuje umiejętność posługiwania się przez Doktorantkę nie tylko metodami eksperymentalnymi, ale także opanowanie przez nią metod analizy bioinformatycznej i umiejętności graficznego przedstawiania wyników. Wysoko oceniam bardzo dobre wykorzystanie aplikacji BioRender do przygotowania figur włączonych do autoreferatu i publikacji).

Podsumowując mogę stwierdzać, iż wyniki badań opisanych w recenzowanej rozprawie doktorskiej dostarczają nowych, wartościowych informacji na temat czynników transkrypcyjnych zaangażowanych w szlak sygnalizacji strigolaktonów.

Wnioski końcowe

W świetle przedstawionej powyżej, pozytywnej oceny rozprawy doktorskiej magister Magdaleny Korek wnioskuje do Rady Dyscypliny Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach

o dopuszczenie Jej do dalszych etapów postępowania doktorskiego.

Recenzowana praca doktorska spełnia warunki określone w art. 187 Ustawy Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce z dnia 20.07.2018 r. (Dz. U. z 2024 r., poz. 1571).

Z pełnym przekonaniem stawiam wniosek o wyróżnienie bardzo wartościowej rozprawy doktorskiej Pani mgr Magdaleny Korek. Mój wniosek uzasadniam bardzo wysoką wartością naukową recenzowanej rozprawy oraz opublikowaniem wyników badań przedstawionych w rozprawie w pięciu wartościowych publikacjach.

Ewa Łyko