

Rada Dyscypliny Rolnictwo i Ogrodnictwo
Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie
ul. Michała Oczapowskiego 2, 10-719 Olsztyn

za pośrednictwem:

Rady Doskonałości Naukowej

pl. Defilad 1

00-901 Warszawa

(Pałac Kultury i Nauki, p. XXIV, pok. 2401)

Dr inż. Paweł Sulima

Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Inżynierii Biosurowców

Wydział Rolnictwa i Leśnictwa

Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

Wniosek

z dnia 12 września 2023 roku

o przeprowadzenie postępowania w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego
w dziedzinie **nauk rolniczych** w dyscyplinie **rolnictwo i ogrodnictwo**¹

Określenie osiągnięcia naukowego będącego podstawą ubiegania się o nadanie stopnia doktora
habilitowanego:

**Uwarunkowania naukowe hodowli wierzby purpurowej (*Salix purpurea* L.)
ukierunkowanej na uzyskanie odmian dedykowanych do produkcji wysokiej jakości
surowca zielarskiego oraz wspomaganiej technikami molekularnymi**

Wnioskuje – na podstawie art. 219 ust. 1 pkt. 2 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo
o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2023 r. poz. 742 ze zm.) – aby komisja habilitacyjna
podejmowała uchwałę w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego w głosowaniu
tajnym/jawnym*²

Zostałem poinformowany, że:

Administratorem w odniesieniu do danych osobowych pozyskanych w ramach postępowania w sprawie nadania stopnia
doktora habilitowanego jest Przewodniczący Rady Doskonałości Naukowej z siedzibą w Warszawie (pl. Defilad 1, XXIV piętro,
00-901 Warszawa).

Kontakt za pośrednictwem e-mail: kancelaria@rdn.gov.pl, tel. 22 656 60 98 lub w siedzibie organu. Dane osobowe będą
przetwarzane w oparciu o przesłankę wskazaną w art. 6 ust. 1 lit. c) Rozporządzenia UE 2016/679 z dnia 27 kwietnia
2016 r. w związku z art. 220 - 221 oraz art. 232 – 240 ustawy z dnia 20 lipca 2018 roku - Prawo o szkolnictwie wyższym i
nauce, w celu przeprowadzenia postępowania o nadanie stopnia doktora habilitowanego oraz realizacji praw i obowiązków
oraz środków odwoławczych przewidzianych w tym postępowaniu.

Szczegółowa informacja na temat przetwarzania danych osobowych w postępowaniu dostępna jest na stronie
www.rdn.gov.pl/klauzula-informacyjna-rodo.html


.....
(podpis wnioskodawcy)

¹ Klasyfikacja dziedzin i dyscyplin wg. rozporządzenia Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 20 września 2018 r. w sprawie dziedzin nauki i dyscyplin naukowych oraz dyscyplin w zakresie sztuki (Dz. U. z 2018 r. poz. 1818).

² * Niepotrzebne skreślić.

Załączniki:

załącznik nr 1. Dane wnioskodawcy

załącznik nr 2. Kopie dokumentów potwierdzających posiadanie stopnia doktora

załącznik nr 3. Autoreferat

załącznik nr 4. Wykaz osiągnięć naukowych albo artystycznych stanowiących znaczny wkład w rozwój dyscypliny naukowej: rolnictwo i ogrodnictwo

załącznik nr 5. Kopie opublikowanych prac stanowiących cykl powiązanych tematycznie artykułów naukowych, zgodnie z art. 219 ust. 1. pkt 2b ustawy wraz z oświadczeniami współautorów określającymi indywidualny wkład w powstanie tych prac (nośnik danych – pendrive x 2)

załącznik nr 6. Kopie opublikowanych prac naukowych stanowiących pozostałe osiągnięcia naukowe oraz kopie dokumentów potwierdzających inne istotne informacje zawarte w autoreferacie lub wykazie (nośnik danych – pendrive x 2)

Dwa nośniki danych (pendrive) zawierające elektroniczną wersję wniosku wraz z załącznikami.



UNIwersytet
WARMIŃSKO-MAZURSKI
W OLSZTYNIE



WYDZIAŁ ROLNICTWA
I LEŚNICTWA

załącznik nr 3

AUTOREFERAT

**Uwarunkowania naukowe hodowli wierzby purpurowej
(*Salix purpurea* L.) ukierunkowanej na uzyskanie odmian
dedykowanych do produkcji wysokiej jakości surowca
zielarskiego oraz wspomaganey technikami molekularnymi**

dr inż. Paweł Sulima

Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie
Wydział Rolnictwa i Leśnictwa
Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Inżynierii Biosurowców

Olsztyn, 2023

Spis treści

1. Imię i nazwisko	3
2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe lub artystyczne.....	3
3. Informacja o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych lub artystycznych	4
4. Omówienie osiągnięć, o których mowa w art. 219 ust. 1 pkt 2b ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2023 r. poz. 742 ze zm.).....	4
4.1 Tytuł osiągnięcia naukowego	4
4.2 Wykaz artykułów naukowych wchodzących w skład osiągnięcia naukowego....	4
4.3 Omówienie celu naukowego ww. prac i osiągniętych wyników	6
4.3.1 Wprowadzenie i cel naukowy	6
4.3.2 Omówienie wyników badań.....	10
4.3.3 Podsumowanie osiągnięcia naukowego	22
4.4 Omówienie pozostałych osiągnięć naukowo – badawczych.....	27
4.4.1 Osiągnięcia naukowo – badawcze przed uzyskaniem stopnia doktora.....	28
4.4.2 Osiągnięcia naukowo – badawcze po uzyskaniu stopnia doktora.....	31
4.5 Informacje naukometryczne	37
5. Informacja o wykazywaniu się istotną aktywnością naukową albo artystyczną realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej.....	40
6. Informacja o osiągnięciach dydaktycznych, organizacyjnych oraz popularyzujących naukę lub sztukę.	45
7. Inne informacje dotyczące kariery zawodowej	49

1. Imię i nazwisko

Paweł Sulima

<https://orcid.org/0000-0002-8290-8180>

2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe lub artystyczne

2000 r. Tytuł zawodowy magistra inżyniera, Wydział Kształtowania Środowiska i Rolnictwa (obecnie Wydział Rolnictwa i Leśnictwa), Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

W trakcie studiów zrealizowałem dwa semestry nauki na kierunku Agrarwirtschaft w Universität Gesamthochschule of Paderborn (Paderborn, Niemcy) w ramach stypendium Carl Duisberg Gesellschaft – jeden semestr studiów oraz jeden semestr praktyk w Deutsche Saatveredelung (DSV, Thüle, Niemcy), 2.03.1998 – 28.02.1999

Tytuł pracy magisterskiej:

„Ocena odporności materiałów hodowlanych pszenżyta jarego na fuzariozę z wykorzystaniem komputerowej analizy obrazu kolorowego” – praca wykonana w Katedrze Hodowli Roślin i Nasiennictwa (obecnie Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Inżynierii Biosurowców)

Promotor: prof. dr hab. Marian Wiwart

2004 r. Stopień naukowy doktora nauk rolniczych w zakresie agronomii, roślin alternatywnych, Wydział Kształtowania Środowiska i Rolnictwa (obecnie Wydział Rolnictwa i Leśnictwa), Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie (*załącznik nr 2*)

Tytuł rozprawy doktorskiej:

„Produktywność i charakterystyka wybranych genotypów wikliny (*Salix spp.*) jako surowca zielarskiego” – praca wykonana w Katedrze Hodowli Roślin i Nasiennictwa (obecnie Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Inżynierii Biosurowców)

Promotor: prof. dr hab. Stefan Szczukowski

3. Informacja o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych lub artystycznych

16.12.2004 – obecnie:

adiunkt, Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Inżynierii Biosurowców (nazwa do 31.12.2020: Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa), Wydział Rolnictwa i Leśnictwa (nazwa do 31.12.2020: Wydział Kształtowania Środowiska i Rolnictwa), Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie – zatrudnienie na czas nieokreślony

4. Omówienie osiągnięć, o których mowa w art. 219 ust. 1 pkt 2b ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2023 r. poz. 742 ze zm.)

4.1 Tytuł osiągnięcia naukowego

„Uwarunkowania naukowe hodowli wierzby purpurowej (*Salix purpurea* L.) ukierunkowanej na uzyskanie odmian dedykowanych do produkcji wysokiej jakości surowca zielarskiego oraz wspomaganiej technikami molekularnymi”

4.2 Wykaz artykułów naukowych wchodzących w skład osiągnięcia naukowego

Osiągnięcie naukowe stanowi cykl powiązanych tematycznie artykułów naukowych (nazwane w autoreferacie jako artykuły naukowe: A.1 – A.4, wymienione w punkcie I załącznika nr 4, a kopie tych artykułów naukowych dołączono w formie plików pdf w załączniku nr 5), zgodnie z art. 219 ust. 1. pkt 2b ustawy:

- A.1** Przyborowski, J.A., **Sulima, P.***, Kuszewska, A., Załuski, D., Kilian, A. 2013. Phylogenetic relationships between four *Salix* L. species based on DArT markers. Int. J. Mol. Sci., 14(12): 24113-24125.

Punktacja wg MNiSW (2013): 30 pkt.

IF (2013): 2,339

Mój wkład w powstanie pracy polegał na: współudziale w opracowaniu koncepcji badawczej i metodyki badań, przeprowadzeniu części analiz laboratoryjnych, wykonaniu analizy statystycznej i interpretacji wyników, napisaniu i redakcji manuskryptu oraz pełnieniu funkcji autora korespondencyjnego ()*

- A.2** **Sulima, P.***, Prinz, K., Przyborowski, J.A. 2017a. Genetic diversity and genetic relationships of purple willow (*Salix purpurea* L.) from natural locations. Int. J. Mol. Sci., 19(1): 105.

Punktacja wg MNiSW (2017): 30 pkt.

IF(2017): 3,387

Mój wkład w powstanie pracy polegał na: opracowaniu koncepcji badawczej i metodyki badań, zebraniu materiału roślinnego z terenów naturalnych, zaplanowaniu i założeniu doświadczenia polowego, przeprowadzeniu analiz laboratoryjnych, wykonaniu analizy statystycznej i interpretacji wyników, napisaniu i redakcji manuskryptu oraz pełnieniu funkcji autora korespondencyjnego ()*

A.3 Sulima, P.*, Krauze-Baranowska, M., Przyborowski, J.A. 2017b. Variations in the chemical composition and content of salicylic glycosides in the bark of *Salix purpurea* from natural locations and their significance for breeding, *Fitoterapia*, 118: 118-125.

Punktacja wg MNiSW (2017): 30 pkt.

IF(2017): 2,642

Mój wkład w powstanie pracy polegał na: opracowaniu koncepcji badawczej i metodyki badań, zebraniu materiału roślinnego z terenów naturalnych, zaplanowaniu i założeniu doświadczenia polowego, współudziale w przeprowadzeniu analiz laboratoryjnych, wykonaniu analizy statystycznej i interpretacji wyników, napisaniu i redakcji manuskryptu oraz pełnieniu funkcji autora korespondencyjnego ()*

A.4 Sulima, P.*, Kuszewska, A., Przyborowski, J.A. 2021. Are *Salix purpurea* L. genotypes from natural locations promising candidates for the production of high-quality herbal raw materials under controlled conditions? *Ind. Crops Prod.*, 171: 113982.

Punktacja wg MEiN (2021): 200 pkt.

IF(2021): 6,449

Mój wkład w powstanie pracy polegał na: opracowaniu koncepcji badawczej i metodyki badań, zebraniu materiału roślinnego z terenów naturalnych, zaplanowaniu i założeniu doświadczenia polowego, wykonaniu pomiarów i obserwacji polowych na analizowanym materiale roślinnym, wykonaniu analizy statystycznej i interpretacji wyników, napisaniu i redakcji manuskryptu oraz pełnieniu funkcji autora korespondencyjnego ()*

Sumaryczne wskaźniki bibliometryczne osiągnięcia naukowego:

- Impact Factor (IF) = **15,117** (zgodnie z rokiem opublikowania artykułów naukowych)
- punktacja wg MEiN/MNiSW = **290 pkt.** (zgodnie z rokiem opublikowania artykułów naukowych, czyli 200 pkt. wg nowej punktacji MEiN + 90 pkt. wg starej punktacji MNiSW)
- liczba cytowań wg bazy *Web of Science* = **48** (stan na dzień 7.09.2023 r.)
- liczba cytowań wg bazy *Scopus* = **53** (stan na dzień 7.09.2023 r.)
- liczba cytowań wg bazy *Google Scholar* = **76** (stan na dzień 7.09.2023 r.)

Artykuły naukowe nr A.2, A.3 i A.4 powstały m. in. w ramach kierowanego i zrealizowanego przeze mnie projektu naukowego NCN o numerze N N310 088337 pt. „Ocena przydatności genotypów *Salix purpurea* L. pochodzących ze stanowisk naturalnych do hodowli odmian o podwyższonej zawartości glikozydów salicylowych w korze”, finansowanego przez MNiSW (projekt badawczy P.1 w *zał. 4, pkt II.9* oraz w *zał.6*).

4.3 Omówienie celu naukowego ww. prac i osiągniętych wyników

4.3.1 Wprowadzenie i cel naukowy

Wprowadzenie

Wierzba purpurowa (*Salix purpurea* L.) należy do rodzaju *Salix* i występuje w rejonie klimatu chłodnego i umiarkowanego półkuli północnej, gdzie w wielu krajach, w tym również w Polsce, uznawana jest za gatunek pospolity (Skvortsov 1999, Argus 2007, Dolatowski i Seneta 2017). Rośliny *S. purpurea* były także często wprowadzane antropogenicznie na dużych obszarach, np. w Ameryce Północnej oraz niektórych rejonach Europy, gdzie przede wszystkim stosowane były do uprawy na gruntach ornym oraz do ograniczenia erozji wzdłuż brzegów rzek i jezior (Hörandl i in. 2002, Argus 2007, USDA 2023).

Uprawa rolnicza roślin *S. purpurea* ma związek z wieloma możliwościami różnorodnego wykorzystania ich biomasy, wysokim potencjałem plonowania oraz zdolnością do corocznego odrastania po ścięciu. Z użytkowego punktu widzenia wyróżnić można także takie cechy, jak: wytwarzanie prostych, elastycznych pędów o cienkim rdzeniu, bardzo dobrze rozwinięty system korzeniowy, zdolność wzrostu w warunkach nadmiaru wody lub jej niedostatku, a także bogaty i unikalny skład związków farmakologicznie czynnych w korze (Kuzovkina i in. 2007, Smart i Cameron 2008, Tyśkiewicz i in. 2019, Sulima i Przyborowski 2019). Różnorodność wykorzystania roślin wierzby purpurowej wskazuje na wysoki potencjał gospodarczy tego gatunku, a dodatkowo, możliwość produkcji rolnej na ziemiach marginalnych, lekko podmokłych i niewykorzystanych w produkcji rolnej stanowi jej kolejny atut. Tradycyjnym zastosowaniem roślin *S. purpurea* jest produkcja wyrobów plecionkarskich, a przede wszystkim wyrobów galanteryjnych, mebli lub elementów architektury ogrodowej (Szczukowski i in. 1998, Carvalho i in. 2006). Ze względu na obserwowany w ostatnich dziesięcioleciach dynamiczny rozwój wykorzystania biomasy wierzbowej do produkcji energii, wielu autorów wskazuje uprawy *S. purpurea* jako cenne źródło odnawialnego surowca energetycznego (Tharakan i in. 2005, Smart i in. 2005, Smart i Cameron 2008, Quaye i Volk 2013, Carlson i in. 2014, Caterino i in. 2017). Rośliny wierzby purpurowej spełniają ponadto ważną rolę w ochronie i kształtowaniu środowiska (Kuzovkina i Quigley 2005). Aktualnie podkreślany jest wysoki potencjał wykorzystania wierzby purpurowej w fitoremediacji terenów zanieczyszczonych metalami ciężkimi oraz w oczyszczaniu osadów, wód powierzchniowych i gruntowych, o czym świadczą liczne publikacje z tego zakresu (Drzewiecka i in. 2017, Simiele i in. 2020, Zabergja-Ferati i in. 2021, Licinio i in. 2022). Z kolei z innych mniej popularnych możliwości zastosowania biomasy *S. purpurea* wymienić należy przemysł celulozowo-papierniczy, meblarski (płyty meblowe), pszczelarski jako rośliny miododajne oraz w ogrodnictwie jako rośliny ozdobne (Jerkovič i in. 2014, Dolatowski i Seneta 2017).

Jednak, jednym z najbardziej obiecujących kierunków wykorzystania roślin wierzby purpurowej jest produkcja surowca zielarskiego stosowanego do celów farmaceutycznych. Tym bardziej, że w ostatnich latach obserwuje się znaczny wzrost zainteresowania produktami farmaceutycznymi, suplementami diety i kosmetykami zawierającymi naturalne składniki roślinne (Mota i in. 2020). W przypadku wierzby za surowiec leczniczy uznaje się jej korę, która zaliczana jest do nielicznych surowców pochodzenia roślinnego o tak szerokim zakresie działania leczniczego. Kora wierzby charakteryzuje się działaniem przeciwbólowym, przeciwgorączkowym, przeciwzapalnym, antyreumatycznym oraz antybakteryjnym i przeciwdrobnoustrojowym. Lecznicze właściwości wynikają z unikalnego składu substancji leczniczych, takich jak glikozydy salicylowe (SG – ang. *salicylic glycosides*), flawonoidy, fenolokwasy i garbniki (Wichtl 2004, Sulima i Przyborowski 2019). Kompleksowe działanie tych związków wraz z odmiennym od kwasu acetylosalicylowego (ASA – ang. *acetylsalicylic acid*) metabolizmem SG w organizmie ludzkim, powoduje również brak licznych skutków ubocznych przypisywanych stosowaniu aspiryny syntetycznej (Schmid i in. 2001a, Biegert 2004, Vlachoianis i in. 2011). Spektrum występowania SG oraz pozostałych związków aktywnych leczniczo, a także ich zawartość w korze są różne, zarówno na poziomie międzygatunkowym, jak i w obrębie poszczególnych gatunków wierzby. Spośród kilku gatunków wierzby predysponowanych do produkcji surowca zielarskiego, najwyższą zawartość SG, czyli związków odpowiedzialnych za główny efekt leczniczy, obserwuje się w przypadku *S. purpurea* oraz *S. daphnoides* (EMA 2009, EMA 20017). Biorąc jednak pod uwagę fakt, iż we wcześniejszych badaniach własnych (Sulima i in. 2006a) wykazano zdecydowanie mniejszą produkcyjność oraz niższy poziom zdrowotności roślin *S. daphnoides*, co skutkowało licznymi ubytkami roślin nawet już w pierwszych latach uprawy, rośliny *S. purpurea* wydają się posiadać większy potencjał w aspekcie ich uprawy rolniczej na cele farmaceutyczne (Sulima i in. 2006a, Sulima i in. 2019).

Obserwowana wysoka zmienność najważniejszych cech z punktu widzenia wykorzystania kory *S. purpurea* do celów farmaceutycznych (zawartość związków farmakologicznie czynnych, potencjał plonotwórczy, zdrowotność roślin) wskazuje na wysoki potencjał hodowlany tego gatunku. Dlatego uzasadniona jest selekcja form *S. purpurea* o korzystnych parametrach, co będzie miało wpływ zarówno na uzyskanie surowca o wysokiej zawartości związków leczniczych w korze, wysokiego plonu kory, jak i pozyskanie surowca nieporażonego przez patogeny, a więc właściwego do produkcji leków pochodzenia roślinnego. Firmy farmaceutyczne wprowadzając na rynek produkt leczniczy pochodzenia roślinnego potrzebują zapewnienia stałych dostaw dużej ilości, jednorodnego oraz dobrej jakości surowca zielarskiego (Lubbe i Verpoorte 2011, Sulima i Przyborowski, 2019). Aktualnie kora służąca do produkcji aspiryny naturalnej, jak potocznie nazywane są produkty lecznicze wytwarzane z kory wierzby, pozyskiwana jest przede wszystkim z różnych przypadkowych form rosnących w bardzo zróżnicowanych i niekontrolowanych warunkach, co wpływa na niejednorodność i zanieczyszczenia tego surowca oraz wymusza konieczność

wykonywania większej liczby drogich analiz składu i zawartości związków farmakologicznie czynnych oraz częstszej standaryzacji surowca. Dlatego właściwym rozwiązaniem wydaje się być kontrolowana produkcja surowca zielarskiego na plantacjach rolniczych z wykorzystaniem specjalnie do tego celu dedykowanych odmian (Sulima i in. 2006a, Bubner i in. 2018, Sulima i Przyborowski 2019). Brak dostępności odpowiednich odmian wierzby purpurowej oraz niewystarczającej wiedzy w zakresie naukowych uwarunkowań hodowli wierzby purpurowej do produkcji wysokiej jakości surowca zielarskiego stały się podstawą do podjęcia badań w tym kierunku. Skuteczna hodowla nowych odmian *S. purpurea* odpowiednich do produkcji surowca zielarskiego wymaga właściwego doboru materiałów wyjściowych i selekcji. Rośliny wierzby purpurowej występują pospolicie w wielu rejonach naszego kraju, co stwarza możliwości wyboru materiałów hodowlanych pochodzących ze stanowisk naturalnych. Właściwa ocena takich form w doświadczeniach polowych przy odpowiedniej liczbie powtórzeń, umożliwia wyselekcjonowanie potencjalnych kandydatów na odmianę *S. purpurea* już na tym etapie. Z kolei dalsze prace hodowlane powinny być ukierunkowane na poszerzenie zakresu zmienności genetycznej co można uzyskać poprzez przekrzyżowanie odpowiednio dobranych komponentów rodzicielskich, zwiększając w ten sposób zdecydowanie możliwość uzyskania w potomstwie licznych form transgresyjnych. Hodowla nowych odmian jest procesem długotrwałym, kosztownym i niejednokrotnie ryzykownym pod względem osiągnięcia założonego celu, dlatego współcześnie, w dużej mierze wykorzystuje się w niej techniki molekularne oparte na analizie markerów DNA, które są stosowane niemal na każdym etapie tworzenia nowej odmiany. Systemy markerowe, dzięki wysokiej powtarzalności, łatwości i szybkości aplikacji, możliwości przeprowadzania analiz i oceny niezależnie od wieku i fazy rozwojowej roślin, wpływu środowiska i wielu innych czynników, stały się niezwykle użytecznym narzędziem badawczym. Dlatego przygotowując prace wchodzące w skład przedstawianego osiągnięcia naukowego badano również możliwości wspierania hodowli *S. purpurea* różnymi technikami molekularnymi. Uzyskane wyniki są zagadnieniem nowym, obszernie uzupełniającym obecną wiedzę w zakresie wykorzystania roślin *S. purpurea* do celów farmaceutycznych i mogą być z powodzeniem wykorzystane w praktyce hodowlanej oraz rolniczej.

Cel badań i hipoteza badawcza

Podstawowym celem podjętych badań było określenie naukowych uwarunkowań hodowli wierzby purpurowej ukierunkowanej na uzyskanie odmian predysponowanych do produkcji wysokiej jakości surowca zielarskiego. Dodatkowo sprawdzono możliwość wsparcia poszczególnych etapów hodowli *S. purpurea* zastosowaniem odpowiednich technik molekularnych. W pierwszym etapie zbadano poziom zróżnicowania genetycznego genotypów *S. purpurea* oraz innych wybranych gatunków wierzby, pochodzących z kolekcji UWM. Głównym zamierzeniem tych badań była wstępna ocena potencjału genetyczno-hodowlanego *S. purpurea*, a także gatunków z którymi często rośliny wierzby purpurowej się krzyżują w warunkach naturalnych tworząc mieszańce międzygatunkowe. Równocześnie sprawdzono

skuteczność metody DArT (*Diversity Array Technology*) w ustaleniu tożsamości gatunkowej roślin *Salix*, co w przypadku tego taksonu jest często problematyczne. Następnie, w celu pozyskania odpowiednich materiałów hodowlanych o wysokim poziomie zróżnicowania genetycznego, zlokalizowano liczne naturalne siedliska wierzby purpurowej, w północno-wschodniej Polsce. Aby potwierdzić potencjał hodowlany roślin *S. purpurea* zebranych ze stanowisk naturalnych określono ich zróżnicowanie genetyczne oraz założono doświadczenie polowe, które posłużyło do oceny ważnych cech gwarantujących możliwość rolniczej produkcji wysokiej jakości surowca zielarskiego. Do oceny zróżnicowania genetycznego zastosowano analizę łączącą trzy rodzaje neutralnych, anonimowych oraz dobrze ugruntowanych i uzupełniających się systemów markerowych. W dalszej kolejności zbadano różnice w spektrum oraz zawartości głównych glikozydów salicylowych w korze skolekcjonowanych na poprzednich etapach badań i uprawianych w doświadczeniu polowym genotypów *S. purpurea*. Finalnie, na podstawie uzyskanych wyników wybrano genotypy *S. purpurea* o ponadprzeciętnej zawartości SG, które następnie oceniono w doświadczalnych warunkach uprawy polowej pod kątem wykorzystania ich do wydajnej produkcji wysokiej jakości surowca zielarskiego w kontrolowanych warunkach.

W związku z przedstawionym powyżej celem badań sformułowano następujące **hipotezy badawcze**:

1. Poziom zróżnicowania genetycznego roślin z rodzaju *Salix* stwarza korzystne perspektywy do hodowli odmian predysponowanych do produkcji wysokiej jakości surowca zielarskiego.
2. Techniki molekularne mogą być cennym narzędziem badawczym wspierającym procesy hodowlane wierzby na różnych ich etapach.
3. Rośliny *S. purpurea* występujące w naturalnych lokalizacjach stanowią zasoby genetyczne do hodowli selekcyjnej i rekombinacyjnej.
4. Zmienność zawartości glikozydów salicylowych w korze genotypów *S. purpurea* pochodzących z różnych naturalnych lokalizacji, predysponuje je do wykorzystania w hodowli twórczej ukierunkowanej na podniesienie wartości tej cechy.
5. Wybrane genotypy *S. purpurea* pochodzące ze stanowisk naturalnych stanowią cenny materiał do rolniczej produkcji wysokiej jakości surowca zielarskiego.

W celu weryfikacji sformułowanych hipotez badawczych realizowano następujące **cele szczegółowe**:

1. Określenie zróżnicowania genetycznego czterech gatunków wierzby w aspekcie hodowlanym z wykorzystaniem markerów DArT oraz

- sprawdzenie przydatności tego typu markerów w genotypowaniu gatunków wierzby.
2. Ocena zróżnicowania genetycznego roślin *S. purpurea* pochodzących z terenów naturalnych przy pomocy analizy opartej na trzech różnych systemach markerowych.
 3. Określenie spektrum występowania i zawartości glikozydów salicylowych w korze genotypów *S. purpurea* pochodzących z terenów naturalnych oraz wstępna ocena ich przydatności do wykorzystania farmaceutycznego oraz hodowli selekcyjnej i rekombinacyjnej.
 4. Ocena genotypów *S. purpurea* pochodzących ze stanowisk naturalnych pod kątem wyboru genotypów o najlepszych parametrach do rolniczej produkcji wysokiej jakości surowca zielarskiego oraz wytypowania odpowiednich form rodzicielskich do hodowli twórczej.

4.3.2 Omówienie wyników badań

Ad. 1 Określenie zróżnicowania genetycznego czterech gatunków wierzby w aspekcie hodowlanym z wykorzystaniem markerów DArT oraz sprawdzenie przydatności tego typu markerów w genotypowaniu gatunków wierzby (artykuł naukowy A.1 w *zal. 4, pkt I* oraz w *zal. 5*).

Rodzaj *Salix* L. (wierzba) obejmuje według Argusa (2007) około 450 gatunków oraz bliżej nieokreśloną liczbę międzygatunkowych mieszańców naturalnych i sztucznych. Rodzaj *Salix* charakteryzuje się jednym z najwyższych poziomów zmienności fenotypowej i zróżnicowania genetycznego (Skvortsov 1999, Hörandl i in. 2002, Weih 2009). Dlatego systematyka wierzby już od czasów Linnaeus'a (1753) aż po teraźniejszość sprawia wiele trudności botanikom i jest obiektem wielu naukowych sporów (Du Mortier 1825, Nakai 1920, Skvortsov 1999, Fang i in. 1999, Argus 2007, Chen i in. 2010). Podstawowym problemem w klasyfikacji systematycznej jest niezwykle zdolność do wzajemnego krzyżowania się gatunków wierzby i tworzenia wielu rozmaitych mieszańców międzygatunkowych. Nie bez znaczenia jest także wysoka zmienność sezonowa, ekologiczna i środowiskowa wierzby, dwupiennosc oraz różny czas rozwoju kwiatostanów i liści (Skvortsov 1999, Hörandl i in. 2002). Coraz większą rolę w badaniach nad systematyką oraz identyfikacją gatunkową organizmów żywych odgrywają techniki molekularne, które wspomagają badania taksonomiczne i przyspieszają ich postęp (Bachmann 2001, Stuessy 2009, Ford i in. 2009, Chen i in. 2010, Hollingsworth i in. 2011).

Techniki oparte o analizę DNA okazały się skutecznym narzędziem badawczym głównie ze względu na czułość i powtarzalność wyników. Identyfikacja gatunkowa za pomocą markerów molekularnych jest szczególnie wskazana wtedy, gdy ich morfologiczna ocena jest niewystarczająca bądź problematyczna. Z taką sytuacją

mamy do czynienia w przypadku wielu roślin *Salix*. Z drugiej strony, możliwość wzajemnego krzyżowania się roślin wierzby oraz wysoki poziom zmienności fenotypowej i genotypowej stwarza cenne perspektywy pozyskania wartościowych mieszańców międzygatunkowych o korzystnej kombinacji ważnych cech użytkowych, co może zostać wykorzystane w hodowli nowych odmian. Jednak warunkiem wykorzystania technik opartych na DNA jest sprawność danej metody i jej wiarygodność. Dlatego celem przeprowadzonych badań było: (1) opracowanie podstawowych warunków metody DArT dla wierzby, (2) ocena przydatności markerów DArT w identyfikacji gatunkowej wierzby; oraz (3) określenie zróżnicowania genetycznego w obrębie i pomiędzy czterema wybranymi gatunkami wierzby.

Materiał roślinny stanowiły 53 genotypy z 4 gatunków wierzby pochodzących z kolekcji Katedry Genetyki, Hodowli Roślin i Inżynierii Biosurowców Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie. Kolekcja została założona w latach dziewięćdziesiątych ubiegłego wieku i sukcesywnie jest powiększana. Skolekcjonowane rośliny wielu gatunków wierzby pochodzą z różnych terenów naturalnych Polski oraz innych krajów europejskich, co mogłoby wskazywać na ich duży poziom zróżnicowania genetycznego, nawet w obrębie poszczególnych gatunków. Do badań wybrano gatunki, które łatwo krzyżują się w warunkach naturalnych umożliwiając powstanie mieszańców międzygatunkowych oraz są powszechnie uprawiane w Polsce i innych regionach Europy i świata. W niniejszej pracy gatunek *S. purpurea* reprezentowany był przez 13 genotypów, *S. viminalis* przez 22 genotypy, *S. alba* przez 9 genotypów oraz *S. triandra* przez 9 genotypów.

W trakcie badań opracowano metodykę zastosowania techniki DArT dla rodzaju *Salix* obejmującą takie etapy jak: przygotowanie reprezentacji genomowych oraz bibliotek i macierzy DArT, fingerprinting badanych genotypów, ocena polimorfizmu uzyskanych produktów. W wyniku zastosowania metody DArT zidentyfikowano 1362 markerów, które charakteryzowały się powtarzalnością na poziomie 99,9%. Na podstawie uzyskanych danych zaobserwowano, że *S. triandra* znacznie różni się genetycznie od pozostałych badanych gatunków, w tym również od *S. alba*, która zazwyczaj zaliczana była do tego samego podrodzaju *Salix* (Skvortsov 1999, Fang i in. 1999, Argus 2007). Wyniki badań własnych potwierdziły wcześniejsze spostrzeżenia innych autorów stosujących metody molekularne (Trybush i in. 2008, Chen i in. 2010), którzy wskazali, że klasyfikacja *S. triandra* do podrodzaju *Salix* powinna zostać zweryfikowana. Chen i in. (2010) twierdzili nawet, że sekcja *Triandrae* powinna być wykluczona z podrodzaju *Salix* wspierając swoją argumentację różnicami w kilku ważnych cechach fenotypowych analizowanych roślin.

W grupie analizowanych gatunków najmniejszy dystans genetyczny zaobserwowano pomiędzy *S. purpurea* oraz *S. viminalis*. Należy jednak zauważyć, że pomimo istnienia ścisłych związków filogenetycznych i zaliczenia obu gatunków do podrodzaju *Vetrix* (Skvortsov 1999, Fang i in. 1999, Argus 2007) ich parametry zróżnicowania genetycznego ($\Phi_{ST} = 0,665$; $DS = 0,264$) wskazywały na wyraźne

różnice, co pozwala sądzić, że markery DArT identyfikują gatunki *Salix* z dużą dokładnością. Przeprowadzona analiza PCoA umożliwiła podział wszystkich badanych genotypów na cztery odrębne grupy skupień, które odpowiadały czterem analizowanym gatunkom. Jedynie genotyp UWM071 okazał się wyraźnie oddalony od grupy *S. viminalis*, co wskazało na wątpliwości co do jego oznaczenia taksonomicznego do tego gatunku. Ponowna ocena cech morfologicznych genotypu UWM071 potwierdziła te wątpliwości i ostatecznie genotyp został sklasyfikowany jako mieszańiec międzygatunkowy *S. viminalis* × *S. dasyclados*. Również wizualizacja dystansu genetycznego Nei'a na dendrogramie potwierdziła wyraźny podział badanych genotypów wierzby na cztery skupienia odpowiadające poszczególnym gatunkom. Stwierdzono również znaczny dystans genetyczny między *S. triandra* a pozostałymi gatunkami, co potwierdza nasze wcześniejsze obserwacje dotyczące klasyfikacji systematycznej tego taksonu. Badania potwierdziły przydatność markerów DArT w analizach taksonomicznych i badaniach nad identyfikacją gatunkową roślin wierzby, a także wniosły wkład w standaryzację klasyfikacji taksonomicznej rodzaju *Salix* i dostarczyły cennej wiedzy na temat relacji genetycznych w obrębie i między gatunkami *S. alba*, *S. purpurea*, *S. triandra* i *S. viminalis*.

Analiza podstawowych parametrów wykazała wysoki stopień zróżnicowania genetycznego wierzby. Średnia wartość Φ_{ST} wyniosła w badaniach własnych 0,754 przy zaledwie 4 badanych gatunkach. Z kolei zróżnicowanie genetyczne w obrębie badanych gatunków wierzby charakteryzowało się niższym poziomem, co mogło mieć związek z liczebnością badanych genotypów. Wyniki analizy wariancji molekularnej (AMOVA) pozwoliły wskazać, że 25% zmienności molekularnej dotyczyło zmienności w obrębie badanych gatunków, a między badanymi gatunkami zaobserwowano aż 75% zmienności. Największy poziom zróżnicowania genetycznego w obrębie gatunku odnotowano u *S. viminalis* ($I = 0,126$; $He = 0,084$), a nieco niższy u *S. purpurea* ($I = 0,097$; $He = 0,065$). Uzyskane wyniki wskazują na wysoki potencjał hodowlany roślin *Salix*, jednocześnie w przypadku hodowli nowych odmian *S. purpurea* konieczne było poszerzenie puli dostępnych genotypów, aby dobór komponentów rodzicielskich gwarantował uzyskanie w potomstwie jak największego efektu transgresji, a tym samym zwiększeniu szansy na wyhodowanie odmian o korzystnych parametrach. Uzyskane wyniki ułatwiają ocenę zróżnicowania genetycznego materiałów hodowlanych badanych gatunków *Salix*. Nie bez znaczenia jest również fakt, że wybrane do badań gatunki wierzby mają duże znaczenie gospodarcze w wielu krajach. Biomasa *S. viminalis* i *S. triandra* jest wykorzystywana na dużą skalę do produkcji energii cieplnej. Z kolei z punktu widzenia przemysłu farmaceutycznego duże znaczenie ma kora *S. purpurea* i *S. alba*, która wykorzystywana jest do produkcji leków.

Ad. 2 Ocena zróżnicowania genetycznego roślin *S. purpurea* pochodzących z terenów naturalnych przy pomocy analizy opartej na trzech różnych systemach markerowych (artykuł naukowy A.2 w *zał. 4, pkt. I* oraz w *zał. 5*).

Hodowla nowych odmian roślin to długi i pracochłonny proces, który nie zawsze prowadzi do oczekiwanych rezultatów. Dobór najbardziej odpowiedniego wyjściowego materiału hodowlanego jest więc kluczowym wyznacznikiem sukcesu hodowlanego. Dlatego wybór materiałów wyjściowych do hodowli, w tym również w przypadku hodowli *S. purpurea* powinien być poprzedzony szczegółową analizą zróżnicowania genetycznego skolekcjonowanych materiałów, co umożliwi odpowiedni wybór form rodzicielskich. Cel ten można osiągnąć za pomocą markerów DNA, które należą do głównych narzędzi diagnostycznych we współczesnej hodowli roślin (Meneghetti i in. 2007, Chen i in. 2010, Aravanopoulos 2010). Optymalny system markerowy, w zależności od celu jego zastosowania, powinien być dobrany na podstawie jego wydajności oraz czasu i kosztów realizacji założonego celu badawczego. Z kolei poszukiwania cennego materiału hodowlanego *S. purpurea* można rozpocząć od terenów naturalnych, ponieważ wierzba purpurowa jest gatunkiem pospolitym w wielu krajach, w tym również w Polsce. Rośliny *S. purpurea* najczęściej zasiedlają brzegi rzek i strumieni, gdzie stanowią zazwyczaj część zarośli wierzbowo-łozowych (*Salicetum triandro-viminalis*) (Skvotsov 1999, Argus 2007, Dolatowski i Seneta 2017). Odpowiednie genotypy o wysokiej zawartości glikozydów salicylowych (SG) można odkryć w naturalnych siedliskach przyrodniczych, a następnie włączyć je do programów hodowlanych. Dlatego głównym celem przeprowadzonych badań było pozyskanie licznych genotypów *S. purpurea* charakteryzujących się wysokim poziomem zróżnicowania genetycznego, z których w dalszych etapach będzie można wyselekcjonować odpowiednie materiały hodowlane. W trakcie przeprowadzonych badań zlokalizowano 96 roślin wierzby purpurowej rosnących w 13 różnych siedliskach naturalnych północno-wschodniej Polski, na terenie trzech krain geograficznych: Pojezierza Ełckiego (ELK), Żuław Wiślanych – Deltę Wisły (ELB) oraz Pojezierza Olsztyńskiego (OL), określonych w pracy jako regiony. Na podstawie oceny tożsamości genotypowej z pomocą metody RAPD z dalszej części badań wykluczono 5 form identycznych genotypowo z pozostałymi zebranymi formami *S. purpurea*, co szczegółowo opisano w równoległej przygotowywanej pracy (Sulima i in. 2017b – artykuł naukowy A.3 w *zał. 4, pkt. I* oraz w *zał. 5*) W analizie uwzględniono 56 powtarzalnych markerów RAPD, z których aż 91% było polimorficznych. Z pozoru mała liczba markerów okazała się wystarczająca do określenia odrębności genotypowej badanych form *S. purpurea*. Dodatkowo, niewielki nakład pracy, czasu i środków potrzebny do wykonania niniejszej analizy sprawiają, że jej użyteczność na tym etapie prac hodowlanych, a także w trakcie całego procesu hodowlanego jest wysoka. Do właściwej oceny zróżnicowania genetycznego *S. purpurea*, opisanej w niniejszej pracy (Sulima i in. 2017a – artykuł naukowy A.2 w *zał. 4, pkt. I* oraz w *zał. 5*), zastosowano trzy różne systemy markerowe (AFLP, RAPD i ISSR).

Skuteczność zastosowanych systemów markerowych oceniono na podstawie danych uzyskanych dla każdego rodzaju markera oddzielnie oraz łącznie. Takie podejście przyjęto w celu porównania wyników pod kątem praktycznej i naukowej przydatności analizowanych systemów w hodowli *S. purpurea*. Metody RAPD i ISSR charakteryzowały się zdecydowanie mniejszą liczbą generowanych produktów w przeliczeniu na reakcję PCR w porównaniu do metody AFLP, ale są to metody bardzo proste i szybkie w użyciu, dla których liczbę przeprowadzanych w danej analizie reakcji PCR można zwiększyć przy stosunkowo niewielkim wysiłku. W badaniach własnych zidentyfikowano łącznie 954 produkty, z czego 86,8% było polimorficznych, oraz średnio 3,6 produktów specyficznych dla poszczególnych lokalizacji. Na podstawie tych dwóch parametrów zaobserwowano niewielkie różnice w skuteczności zastosowanych systemów markerowych. Ocena podstawowych parametrów określających poziom heterozygotyczności *S. purpurea* w analizowanych lokalizacjach wykazała najniższe wartości w przypadku metody AFLP. Z kolei metoda ISSR identyfikowała wyższy poziom średniego zróżnicowania genetycznego między lokalizacjami niż inne metody. Wyniki badań własnych potwierdziły więc fakt, iż systemy markerowe związane z wysoce polimorficznymi regionami mikrosatelitarnymi (np. ISSR) ujawniają wyższy poziom zróżnicowania genetycznego (Powell i in. 1996) niż polimorfizm markerów RAPD i AFLP, które są losowo rozmieszczone w genomie (Saliba-Colombani i in. 2000). Jednak metoda AFLP wykazała najwyższy współczynnik identyfikowanych produktów ($SPR=79,5$), co zwykle prowadzi do wysokiej skuteczności w wykrywaniu polimorfizmu i wyższej mocy dyskryminacyjnej. Poziomy identyfikowanego zróżnicowania genetycznego, szczególnie w przypadku metod RAPD oraz AFLP, zależą od zmienności regionów docelowych dla starterów i/lub enzymów restrykcyjnych oraz różnią się między gatunkami, co wymaga starannego doboru zastosowanych kombinacji w analizach docelowych (Powell i in. 1996, Costa i in. 2016). Jednakże pomimo obserwowanych pewnych różnic w nakładzie technicznym, wydajności, poziomie obserwowanego zróżnicowania genetycznego itp., połączone zastosowanie trzech systemów markerowych o różnej charakterystyce może wspierać identyfikację złożonych poziomów występującego zróżnicowania genetycznego w obrębie i między lokalizacjami lub regionami, a także zapewnia odpowiednie podejście w ocenie zróżnicowania genetycznego *S. purpurea* oraz podobieństwa genetycznego do innych gatunków. Wyniki badań własnych potwierdziły wysoką przydatność AFLP, RAPD i ISSR w analizach zróżnicowania genetycznego naturalnych lokalizacji *S. purpurea*.

W obrębie analizowanych naturalnych lokalizacji zróżnicowanie genetyczne *S. purpurea* było na zbliżonym poziomie, co wykazano zarówno w przypadku analiz obejmujących zastosowania pojedynczego rodzaju systemu markerowego ($uHe = 0,164-0,187$), jak i w analizie łącznej obejmującej wszystkie trzy rodzaje systemów markerowych ($uHe = 0,179$). W większości przypadków genotypy *S. purpurea* pochodzące z naturalnych lokalizacji wchodzących w skład tych samych regionów charakteryzowały się niższym poziomem zróżnicowania genetycznego w ich

obrębie niż pomiędzy regionami. W połączonej analizie wszystkich typów markerów analiza AMOVA ujawniła 79% zmienności genetycznej w obrębie lokalizacji, 11% między lokalizacjami i 10% między regionami. Wyniki badań własnych wpisują się w sformułowane przez innych autorów obserwacje, że większość gatunków drzew i krzewów charakteryzuje się dużym zróżnicowaniem genetycznym w obrębie naturalnych populacji (Hamrick i in. 1992). Pomimo dość niskiego poziomu zróżnicowania genetycznego pomiędzy badanymi regionami (10%), wykresy analizy głównych współrzędnych (PCoA) i dendrogramy oparte na wartościach zróżnicowania genetycznego (Φ_{ST}) ujawniły wyraźne klastry obejmujące lokalizacje *S. purpurea* z poszczególnych regionów. Zróżnicowanie genetyczne pomiędzy wszystkimi 91 badanymi genotypami *S. purpurea* zwiualizowano na dendrogramie, który przedstawił podział genotypów na pięć klastrow, w tym dwa klastry grupujące genotypy z regionu ELK (z jednym małym skupiskiem dwóch genotypów ELK 2/13 i ELK 2/14), jeden klaster z regionu ELB i dwa klastry utworzone przez genotypy z regionu OL. Wyraźne oddzielenie genotypów ELK 2/13 i ELK 2/14 od pozostałych genotypów w regionie ELK wynikało z bardzo małego dystansu genetycznego między tymi genotypami ($DS = 0,082$) w przeciwieństwie do dużych odległości genetycznych między tymi genotypami a pozostałymi z regionu ELK ($DS = 0,274-0,367$) i ogólnie do innych badanych genotypów. Powyższe sugeruje obecność silnych relacji pokrewieństwa między tymi dwoma genotypami. Obecność specyficznych klastrow i brak asocjacji genotypów z miejscem ich pochodzenia (z wyjątkiem lokalizacji OL4) można tłumaczyć silnym, ale losowym przepływem genów i fragmentarycznym występowaniem roślin tego gatunku, co często wynika z przypadkowego zdomowienia się potomstwa.

Przeprowadzone badania po raz pierwszy zaprezentowały zróżnicowanie genetyczne *S. purpurea* z naturalnych stanowisk w tak szerokim zakresie. Zaobserwowane zróżnicowanie genetyczne *S. purpurea* było na wysokim poziomie oraz reprezentatywne dla większości gatunków wierzby, a struktura genetyczna była w dużej mierze determinowana przez regiony geograficzne analizowanych stanowisk. Zgodnie z oczekiwaniami przepływ i migracja genów mogą odgrywać ważną rolę w gatunkach drzew zapylanych przez wiatr, których nasiona są również rozsiewane przez wiatr. Badanie to opierało się na trzech dobrze ugruntowanych systemach markerowych, które były często wykorzystywane w analizach genetycznych rodzaju *Salix*. Wyniki analizy dla każdego z rodzajów markerów były w większości porównywalne, ale połączona analiza wszystkich systemów okazała się wysoce powtarzalną i odpowiednią metodą analizy zróżnicowania genetycznego *S. purpurea*. Połączenie neutralnych systemów markerów genetycznych o różnych poziomach identyfikowanego zróżnicowania genetycznego ujawniło znaczną moc dyskryminacyjną pozwalającą na scharakteryzowanie i identyfikację badanych genotypów w zależności od ich naturalnego występowania. Jednakże zastosowane w pracy systemy markerowe mogłyby równie dobrze zostać zastąpione na kolejnych ważnych etapach hodowli nowymi metodami i technologiami. Skuteczne techniki

sekwencjonowania ujawniają tysiące SNP i przyczyniają się do wykrywania zmienności adaptacyjnej. Niemniej jednak badania własne pokazały, że zróżnicowanie genetyczne i strukturę naturalnych lokalizacji roślin można skutecznie opisać za pomocą neutralnych, anonimowych, ale dobrze ugruntowanych metod markerów molekularnych. Przedstawione dane dotyczące zróżnicowania genetycznego i relacji genetycznych między genotypami *S. purpurea* poszerzają naszą wiedzę o biologii i biogeografii tego gatunku. Uzyskana w ten sposób wiedza może być cennym i użytecznym wsparciem dla programów hodowlanych *S. purpurea*, prowadzenia inwentaryzacji odmianowych i konstrukcji populacji mapujących wierzby purpurowej. Skolekcjonowane w trakcie realizacji badań genotypy *S. purpurea* charakteryzowały się wysokim poziomem zróżnicowania genetycznego, co wskazuje na ich znaczący potencjał hodowlany, a niektóre parametry zróżnicowania genetycznego zostały wykorzystane na kolejnych etapach badań do wyboru odpowiednich form rodzicielskich do hodowli rekombinacyjnej, a także utworzenia populacji mapującej.

Ad. 3 Określenie spektrum występowania i zawartości glikozydów salicylowych w korze genotypów *S. purpurea* pochodzących z terenów naturalnych oraz wstępna ocena ich przydatności do wykorzystania farmaceutycznego oraz hodowli selekcyjnej i rekombinacyjnej (artykuł naukowy A.3 w *zał. 4, pkt I* oraz w *zał. 5*).

Zawartość substancji chemicznych w roślinach determinowana jest zarówno przez czynniki genetyczne, jak i środowiskowe. Dlatego u roślin tego samego gatunku, rosnących w warunkach naturalnych obserwuje się często zmienność w zawartości związków organicznych. Ocena ich zawartości ma kluczowe znaczenie dla wykorzystania surowców roślinnych oraz izolowanych z nich związków w farmacji oraz terapii (McGhie i Walton 2007, Inui i in. 2012). W przypadku leków produkowanych na bazie kory wierzbowej właściwości lecznicze przypisuje się przede wszystkim obecności glikozydów salicylowych (SG – ang. *salicylic glycosides*), w tym głównie zawartości salicyny i salikortyny (Schmid i in. 2001b, EMEA 2009, Mahdi 2010). Zgodnie z literaturą przedmiotu, zawartość SG w korze wierzby purpurowej waha się od 3 mg g⁻¹ s.m. do 11 mg g⁻¹ s.m. (Förster i in. 2009, Kenstavičienė 2009, EMA 2017), co wskazuje na znaczną zmienność tej cechy w obrębie gatunku, a to z kolei stanowi podstawę hodowli nowych odmian *S. purpurea* jako źródła wysokiej jakości surowca zielarskiego. W niniejszej pracy zbadano skład chemiczny i zawartość głównych SG w korze genotypów *S. purpurea* rosnących w siedliskach naturalnych. Uzyskane wyniki wykorzystano do wstępnej selekcji form *S. purpurea* pod kątem ich przydatności do celów farmaceutycznych oraz wyboru odpowiednich materiałów z przeznaczeniem do hodowli rekombinacyjnej.

Materiał roślinny stanowiło 91 roślin *S. purpurea* pochodzących z 13 stanowisk naturalnych północno-wschodniej Polski zlokalizowanych w obszarze 3 regionów fizyczno-geograficznych: Pojezierze Ełckie (25 roślin), Żuławy Wiślane (32 rośliny) oraz Pojezierze Olsztyńskie (39 roślin). Poszczególne rośliny odrębne genotypowo

zostały namnożone przy wykorzystaniu kultury *in vitro*, a otrzymany roślinny materiał rozmnożeniowy przeznaczono do założenia doświadczenia polowego, które zlokalizowano w Stacji Dydaktyczno-Badawczej Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Bałdach. W doświadczeniu zastosowano zbalansowany układ losowanych bloków niekompletnych dla 91 form *S. purpurea* w dziesięciu powtórzeniach według planu nr 11.46 zaproponowanego przez Cochran i Cox (1955).

Analizy składu chemicznego oraz zawartości glikozydów salicylowych w korze wykonane zostały z wykorzystaniem metody HPLC-DAD-ESI-MS dla ekstraktów metanolowych ze sproszkowanej kory. Warunki analizy HPLC optymalizowano dla mieszaniny związków wzorcowych z grupy glikozydów salicylowych oraz związków polifenolowych. Według danych literaturowych w wierzbach występuje ok. 15 różnych SG, z których w składzie kory wierzby purpurowej wymieniane są: salicyna, salikortyna, salicylosalicyna, salicylotremuloidyna, salirepozyd, fragilina, populina oraz tremuloidyna (Jarret i Williams 1967, Pobłocka-Olech i in. 2007, Boeckler i in. 2011, Krauze-Baranowska i in. 2012). U wszystkich badanych genotypów *S. purpurea* potwierdzono występowanie w korze glikozydów salicylowych takich, jak: salicyna, salikortyna i tremulacyna. Poza tym, w dziewięciu badanych formach wykazano obecność piceiny, w innych dziewięciu formach populiny, natomiast w dwóch formach były obecne oba wymienione związki. We wszystkich badanych genotypach *S. purpurea* stwierdzono obecność flawanonów, takich jak: 5-O-glukozyd naryngeniny, 7-O-glukozyd naryngeniny, naryngenina, chalkon izosalipurpozydu oraz flawan-3-olu katechiny. Na uwagę zasługuje fakt, iż w badaniach własnych w odróżnieniu od zdecydowanej większości badań innych autorów zaobserwowano obecność piceiny w korze *S. purpurea*. Jedynie Kammerer i in. (2005) odnotowali obecność piceiny w korze mieszańca *S. daphnoides* x *purpurea*. W badaniach własnych występowanie piceiny stwierdzono u 11 genotypów, pochodzących z czterech różnych, odległych geograficznie siedlisk, co raczej wyklucza uwarunkowanie lokalne tej cechy. Jednocześnie na podstawie przeprowadzonej analizy morfologicznej podparte badaniem genetycznymi na poziomie molekularnym wykluczone zostało błędne zaszeregowanie omawianych form do gatunku *S. purpurea*.

Zgodnie z danymi literaturowymi, glikozydami salicylowymi występującymi w korze wierzby purpurowej w wysokich stężeniach są salicyna i salikortyna. Pozostałe związki salicylowe występują w korze wierzby purpurowej w mniejszych ilościach (Thieme 1965, Meier i in. 1985, Förster i in. 2009, Förster i in. 2012, EMA 2017). Salicyna i salikortyna decydują o poziomie zawartości glikozydów salicylowych, co jest w głównej mierze wyznacznikiem przydatności kory wierzby do celów farmaceutycznych. W badaniach własnych kora zawierała od 0,51 mg g⁻¹ s.m. do 1,65 mg g⁻¹ s.m. salicyny oraz od 2,32 mg g⁻¹ s.m. do 9,28 mg g⁻¹ s.m. salikortyny, w zależności od genotypu *S. purpurea*. Spośród wszystkich badanych genotypów, genotyp OL 1/1 charakteryzował się najwyższym poziomem zawartości związków salicylowych, jako sumy zawartości salicyny i salikortyny w korze (10,93 mg g⁻¹ s.m.). Również genotypy ELK 1/1 (9,86 mg g⁻¹ s.m.), ELK 2/2 (8,63 mg g⁻¹ s.m.) i ELB 3/5

(8,57 mg g⁻¹ s.m.) na tle pozostałych form, wyróżniały się wysoką wartością sumy zawartości obydwu tych związków. Z uwagi na fakt, że termin zbioru kory może wpływać na zawartość SG w korze, w badaniach własnych surowiec zielarski do oznaczeń zawartości związków farmakologicznie czynnych zbierany był wczesną wiosną, co determinowane było również aspektem praktycznym. Spadek zawartości wtórnych metabolitów w korze na przełomie kwietnia i maja w porównaniu do marca nie jest wysoki (Förster i in. 2010), a kora wierzby w tym okresie lepiej oddziela się od pędu. Termin pozyskiwania dużej ilości kory w stanie świeżym będzie niezwykle istotny dla producentów surowca roślinnego prowadzących plantacje produkcyjne. Ważne jest również zaproponowanie plantatorom, przyszłym producentom surowca zielarskiego, kompletnej i możliwie jak najprostszej technologii pozyskiwania kory wierzbowej. Tym bardziej jest to istotne, iż firmy farmaceutyczne do produkcji preparatów leczniczych na bazie kory wierzbowej potrzebują nie tylko wysokiej jakości surowca, ale także znacznej jego ilości.

Opisane wyniki badań innych autorów, jak i wyniki badań własnych jednoznacznie potwierdzają wysoką genotypową zmienność zawartości SG w korze wierzby purpurowej. Wskazuje to na możliwość uzyskania metodami hodowlanymi odmian o wysokiej zawartości glikozydów salicylowych, co w połączeniu z ich kontrolowaną uprawą zapewni firmom farmaceutycznym surowiec zielarski wysokiej jakości, a rolnicy otrzymają możliwość poszerzenia swojej produkcji rolnej ukierunkowanej na wytwarzanie surowca dla przemysłu farmaceutycznego. Na tle badań innych autorów wyniki badań własnych są niezwykle obiecujące i już na tym etapie umożliwiły wstępne wskazanie dwóch form OL 1/1 (10,93 mg g⁻¹ s.m. SG) oraz ELK 1/1 (9,86 mg g⁻¹ s.m. SG) jako potencjalnych odmian predysponowanych do uprawy na cele farmaceutyczne. Jednakże wykonana później bardziej kompleksowa ocena tych form (ocena zdrowotności oraz cech plonotwórczych) ostatecznie umożliwiła decyzję o zgłoszeniu tych dwóch form jako odmian, cennych z punktu widzenia produkcji surowca zielarskiego (Sulima i in. 2021 – artykuł naukowy A.4 w *zał. 4, pkt 1* oraz w *zał. 5*). Skolekcjonowane w ramach przeprowadzonych badań materiały hodowlane charakteryzują się nie tylko wysoką zawartością związków salicylowych, lecz także dużym zróżnicowaniem genetycznym (Sulima i in. 2017a – artykuł naukowy A.2 w *zał. 4, pkt 1* oraz w *zał. 5*), co wydatnie zwiększa szanse na wyhodowanie nowych odmian o podwyższonej zawartości glikozydów salicylowych w korze.

Ad. 4 Ocena genotypów *S. purpurea* pochodzących ze stanowisk naturalnych pod kątem wyboru genotypów o najlepszych parametrach do rolniczej produkcji wysokiej jakości surowca zielarskiego oraz wytypowania odpowiednich form rodzicielskich do hodowli twórczej (artykuł naukowy A.4 w *zał. 4, pkt 1* oraz w *zał. 5*).

Odmiany wierzby użytkowane do rolniczej produkcji wysokiej jakości kory powinny charakteryzować się przede wszystkim jak najszerszym spektrum

występowania oraz jak najwyższą zawartością związków farmakologicznie czynnych, a także wysoką produkcyjnością surowca zielarskiego oraz zdrowotnością, a więc odpornością na choroby i szkodniki (Serapiglia i in. 2013, Julkunen-Tiitto i Virjamo 2016, Sulima i Przyborowski 2019). Wychodząc z założenia, że rośliny *S. purpurea* pozyskiwane z terenów naturalnych reprezentować będą wysoki poziom zmienności tych cech, zgromadzenie dużej ilości odmiennych fenotypowo oraz zróżnicowanych genetycznie roślin oraz ich właściwa ocena w porównywalnych warunkach polowych przy odpowiedniej ilości powtórzeń wydaje się być właściwym podejściem prowadzącym do odpowiedniej selekcji potencjalnych kandydatów na odmiany *S. purpurea* już na tym etapie. Z kolei dalsze prace hodowlane powinny być ukierunkowane na poszerzenie zakresu zmienności genetycznej, które uzyskać można poprzez przekrzyżowanie odpowiednio dobranych komponentów rodzicielskich (Sulima i in. 2017b, Förster i in., 2021), co zdecydowanie zwiększa możliwość uzyskania w potomstwie form transgresyjnych. Dlatego w niniejszej pracy dokonano oceny genotypów *S. purpurea* pochodzących ze stanowisk naturalnych pod kątem wyboru genotypów o najlepszych parametrach do rolniczej produkcji wysokiej jakości surowca zielarskiego oraz wytypowania form rodzicielskich do hodowli rekombinacyjnej.

Materiał doświadczalny stanowiło 29 najbardziej obiecujących genotypów *S. purpurea* wyselekcjonowanych spośród 91 genotypów ocenianych w poprzednim etapie opisywanych badań. W przeprowadzonej ocenie uwzględniono 29 genotypów o ponadprzeciętnej zawartości glikozydów salicylowych (średnia zawartość +10 mg g⁻¹ s.m., tj. wyższa niż 74,44 mg g⁻¹ s.m.). Pomiary biometryczne najważniejszych cech plonotwórczych (wysokość roślin, średnica pędów, liczba pędów na roślinie oraz masa pojedynczej rośliny) wykonywano po okresie wegetacyjnym, i uwzględniono w nich rośliny uprawiane w cyklu jednorocznym, dwuletnim i trzyletnim. Należy podkreślić, iż w literaturze naukowej brakuje większej liczby publikacji przedstawiających wyniki pomiarów cech plonotwórczych *S. purpurea*. Zdecydowanie częściej analizowane są pod tym kątem inne gatunki wierzby, w tym przede wszystkim *S. viminalis* (Stolarski i in. 2013, Berthod i in. 2015, Krzyżaniak i in. 2015 oraz wiele innych). W badaniach własnych zaobserwowano wysoką zmienność wszystkich analizowanych cech decydujących o finalnym plonie roślin *S. purpurea*, co pozwoliło na wskazanie genotypów o wysokim potencjale plonotwórczym. W przypadku wysokości roślin szczególnie obiecujące okazały się genotypy ELK 2/2 i ELB 2/5, które wytwarzały długie pędy w cyklach rocznych, dwuletnich i trzyletnich (ELK 2/2 – odpowiednio 222,2; 288,5 oraz 381,0 cm; ELB 2/5 – 205,2; 301,9 oraz 386,8 cm). W dalszej kolejności wyróżnić należy genotypy ELK 2/9, OL 1/1 i ELK 1/7, które wykształcały również wysokie pędy. Trzy z wymienionych pięciu genotypów charakteryzowały się bardzo wysokimi (OL 1/1) lub wysokimi (ELK 2/2, ELB 2/5) stężeniami SG w korze, co predysponuje je do wykorzystania farmaceutycznego. Również najwyższe wartości średnicy pędów obserwowano u genotypów ELB 2/5 (11,1; 13,3 oraz 19,1 mm, odpowiednio w pędach

jednorocznych, dwuletних oraz trzyletnich) oraz ELK 2/2 (12,1; 14,6 oraz 18,1 mm). Wysoką średnią wartość średnicy pędu we wszystkich grupach wiekowych odnotowano także u genotypów OL 3/2, ELK 2/9, OL 1/1, ELK 1/7, OL 4/4, ELB 3/6, ELK 2/16 i ELB 2 /9. Liczba pędów wytwarzanych na pojedynczych roślinach we wszystkich grupach wiekowych była istotnie wyższa w genotypach ELK 2/2 (25,2 pędów u roślin trzyletnich, 26,8 pędów u roślin dwuletних, 28,3 pędów u roślin jednorocznych) i ELK 2/9 (odpowiednio 23,0; 24,3 oraz 25,3 pędów) niż w pozostałych genotypach. Liczba wytwarzanych pędów była również stosunkowo wysoka u genotypów OL 1/1, ELB 3/6, OL 4/4, ELB 1/4, ELK 2/4, ELB 2/9 i ELK 1/7. Świeża masa pojedynczej rośliny charakteryzowała się zdecydowanie najwyższym poziomem zmienności spośród wszystkich analizowanych w badaniach własnych cech (wartości CV odpowiednio 102,8%, 95,2%, 88,0%). Genotyp ELK 2/2 różnił się istotnie statystycznie od pozostałych genotypów i charakteryzował się najwyższymi wartościami niezależnie od wieku pędów (1,254 kg – jednoroczne 1,749 kg – dwuletnie, 2,566 kg – trzyletnie). Wysoki potencjał plonowania odnotowano również w genotypach OL 1/1 (odpowiednio 1,066; 1,380 i 2,083 kg) oraz ELK 2/9 (odpowiednio, 0,892; 1,240 i 1,914 kg). Dodatkowo zaobserwowano wysoce istotne dodatnie korelacje między wartościami wszystkich cech plonotwórczych, tj. wysokością rośliny, średnicą pędów, liczbą pędów na roślinie i masą rośliny.

Ważnym aspektem w produkcji leków pochodzenia roślinnego jest zdrowotność roślin, z których pozyskiwany jest surowiec zielarski. Znaczenie ma tutaj chociażby wytwarzanie toksyn przez patogeny grzybowe, jak i konieczność stosowania chemicznych środków ochrony roślin, których pozostałości mogą wręcz dyskwalifikować pozyskiwany surowiec. Dlatego bardzo istotnym aspektem jest hodowla odpornościowa lub poszukiwanie form naturalnie odpornych na patogeny. W przypadku roślin *S. purpurea* nie obserwuje się zbyt wielu chorób lub szkodników powodujących poważne straty w plonie, co zaobserwowano również w badaniach własnych. Jednak do jednych z najpoważniejszych zagrożeń w uprawie *S. purpurea* zaliczyć należy rdzę powodowaną przez grzyby z rodzaju *Melampsora* spp., która występuje dość często na roślinach tego gatunku oraz na wielu innych gatunkach wierzby i może spowodować znaczne straty w plonie biomasy (Pei i McCracken 2005). Analiza warunków pogodowych wykazała, że średnie temperatury w roku 2017 r., w którym oceniano nasilenie choroby (18,0 °C w sierpniu; 13,3 °C w sezonie wegetacyjnym; średnioroczna temperatura – 8,3 °C) były zbliżone do średniej wieloletniej z lat 1986–2016. (odpowiednio 17,8 °C, 13,5 °C i 8,0 °C), natomiast suma opadów w 2017 r. (+299,9 mm w sezonie wegetacyjnym; średnioroczne +330,7 mm) przekroczyła średnią wieloletnią (IMGW – PIB, 2021). Dlatego należy sądzić, że warunki pogodowe w trakcie eksperymentu sprzyjały rozwojowi grzybów z rodzaju *Melampsora*, które rozwijają się w wilgotnym środowisku i umiarkowanie wysokich temperaturach (16-20 °C). Optymalna wiosenna temperatura do kiełkowania zarodników *Melampsora* to 8-14 °C (średnia temperatura w niniejszym badaniu: 6,2 °C w kwietniu i 13,0 °C w maju). W wyniku przeprowadzonej analizy w badaniach

własnych stwierdzono stopień porażenia na poziomie 2,85° w przypadku jednorocznych roślin *S. purpurea*, który istotnie statystycznie ($p=0,05$) zmniejszał się wraz z wiekiem roślin (2,70° u roślin dwuletnich oraz 2,58° u roślin trzyletnich). Można więc przypuszczać, że rośliny z jednorocznymi pędami są w większym stopniu narażone na infekcję *Melampsora* spp., a wraz z wiekiem pędy rośliny stają się bardziej odporne na porażenie. Również w przypadku tej cechy zaobserwowano dużą zmienność w zależności od genotypu. Wśród analizowanych w badaniach własnych genotypów zaobserwowano trzy (ELK 1/1, ELK 1/7, OL 1/1), u których wszystkie rośliny (w każdym powtórzeniu doświadczenia) niezależnie od wieku okazały się w 100% nieporażone przez grzyby z rodzaju *Melampsora* spp. Co interesujące, wśród tych form znalazły się dwa genotypy charakteryzujące się bardzo wysoką zawartością SG w korze (ELK 1/1, OL 1/1).

W wyniku przeprowadzonych badań stwierdzono, że do produkcji dużej ilości oraz wysokiej jakości surowca zielarskiego predysponowane są przede wszystkim dwa genotypy OL 1/1 oraz ELK 2/2. Na podstawie przygotowanej mapy ciepła prezentującej przydatność badanych genotypów *S. purpurea* do produkcji surowca zielarskiego na podstawie wyznaczanych testem Tukey'a grup jednorodnych w obrębie każdej analizowanej cechy stwierdzono, że genotyp OL 1/1 posiada wysoki potencjał plonotwórczy, spośród badanych genotypów zawiera w korze najwięcej SG, a dodatkowo na roślinach nie zaobserwowano żadnych objawów porażenia przez rdzę. Z kolei genotyp ELK 2/2 wyróżniał się niezależnie od wieku rośliny najwyższym potencjałem wszystkich cech plonotwórczych, niskim poziomem porażenia przez rdzę oraz dość wysoką zawartością SG w korze. Analizy PCA uwzględniające wszystkie analizowane cechy oddzielnie dla roślin jednorocznych, dwuletnich oraz trzyletnich potwierdziły, iż obie formy wyróżniają się na tle pozostałych badanych genotypów *S. purpurea*. Dlatego OL 1/1 oraz ELK 2/2 zostały wyselekcjonowane jako genotypy *S. purpurea* o najwyższym potencjale do produkcji surowca zielarskiego w uprawach polowych. Dodatkowo zaobserwowano wysoki potencjał kilku pozostałych genotypów, które mogą stanowić w przyszłości cenny materiał w hodowli odmian *S. purpurea* wykorzystywanych do celów farmaceutycznych.

Wymiernym efektem prowadzonych badań było zgłoszenie do ochrony prawnej oraz uzyskanie wyłącznego prawa w COBORU (Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych) do dwóch odmian odkrytych *Salix purpurea* ASPI (genotyp OL 1/1, nr wpisu do Księgi Ochrony: O 2370 – odmiana O.7 w **zał. 4, pkt III.3** oraz w **zał. 6**) oraz *Salix purpurea* ASPIRA (genotyp ELK 2/2, nr wpisu do Księgi Ochrony: O 2459 – odmiana O.8 w **zał. 4, pkt III.3** oraz w **zał. 6**). Odmiany charakteryzują się bardzo wysoką (odmiana *Salix purpurea* ASPI) bądź wysoką (odmiana *Salix purpurea* ASPIRA) zawartością glikozydów salicylowych w korze, a także bardzo dobrymi parametrami plonotwórczymi. Dodatkowo wyróżnione genotypy nie przejawiały żadnych oznak porażenia rdzą wywoływaną przez patogeny *Melampsora* spp., co może świadczyć o ich wysokiej odporności na rdzę. Spośród pozostałych badanych genotypów *S. purpurea*, na szczególną uwagę zasługują

genotypy ELK 1/1 (jedynie nieco słabsza produkcyjność) oraz ELK 2/9 (nieznacznie niższa zawartość SG). Uzyskane w niniejszej pracy wyniki umożliwiły potwierdzenie hipotezy badawczej, iż wśród genotypów *S. purpurea* z naturalnych stanowisk można wyselekcjonować wysoce odpowiednie formy do rolniczej produkcji wysokiej jakości surowca zielarskiego oraz wybrać odpowiednie formy rodzicielskie do hodowli rekombinacyjnej.

4.3.3 Podsumowanie osiągnięcia naukowego

Najważniejsze osiągnięcia poznawcze i aplikacyjne zaprezentowanych wyników

Osiągnięcie naukowe zostało przedstawione w postaci cyklu artykułów naukowych powiązanych tematycznie zgodnie z art. 219 ust. 1. pkt 2b ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. PSWiN t.j. Dz. U. z 2023r. poz. 742 ze zm. Polega ono na prezentacji naukowych uwarunkowań hodowli *S. purpurea* ukierunkowanej na produkcję wysokiej jakości surowca zielarskiego, wspomaganą technikami molekularnymi. Osiągnięcia poznawcze przedstawionego cyklu artykułów naukowych koncentrują się przede wszystkim wokół charakterystyki genetycznej, biochemicznej oraz rolniczej genotypów wierzby purpurowej pochodzących ze stanowisk naturalnych. Badania *S. purpurea* o tak obszernym zakresie realizowane były po raz pierwszy, sformułowane hipotezy badawcze zostały zweryfikowane pozytywnie, a **do najważniejszych osiągnięć poznawczych i aplikacyjnych zaprezentowanych wyników zaliczyć należy:**

1. Wsparcie standaryzacji klasyfikacji taksonomicznej rodzaju *Salix* oraz dostarczenie wiedzy na temat zróżnicowania genetycznego oraz powiązań genetycznych w obrębie i między gatunkami *S. alba*, *S. purpurea*, *S. triandra* i *S. viminalis*.
2. Rozpoznanie zróżnicowania genetycznego *S. purpurea* pochodzących z lokalizacji naturalnych północno-wschodniej Polski.
3. Potwierdzenie wyższej wiarygodności analiz molekularnych łączących różne typy systemów markerowych DNA w zrozumieniu wzorców zróżnicowania genetycznego.
4. Określenie zmienności składu chemicznego i zawartości najważniejszych glikozydów salicylowych w korze *Salix purpurea* pochodzących z terenów naturalnych.
5. Charakterystyka genotypów *S. purpurea* pochodzących z lokalizacji naturalnych pod kątem ich użyteczności do produkcji surowca zielarskiego.
6. Opracowanie sposobu pozyskiwania wysokiej jakości surowca zielarskiego z kontrolowanych upraw rolniczych odmian wierzby purpurowej.
7. Odkrycie dwóch odmian *S. purpurea* predysponowanych do produkcji wysokiej jakości surowca zielarskiego.

Uzyskane wyniki prezentowanych badań wykorzystywane są w kolejnych etapach procesu hodowlanego nowych odmian *S. purpurea*. W tym zakresie skonstruowano liczną populację mapującą wierzby purpurowej (402 genotypy) dobierając komponenty rodzicielskie znacznie różniące się zarówno zawartością glikozydów salicylowych w korze, parametrami plonotwórczymi, jak i wykazujące znaczne zróżnicowanie genetyczne. Prowadzone badania z wykorzystaniem populacji mapującej docelowo mają wzbogacić wiedzę na temat genetycznych uwarunkowań oraz umożliwić wytypowanie genów kandydackich najważniejszych z punktu widzenia produkcji surowca zielarskiego cech *S. purpurea*. Równolegle dokonano odpowiednich krzyżowań w celu prowadzenia hodowli twórczej w kierunku uzyskania cennych zestawień cech u osobników potomnych, a tym samym wyhodowania nowych ulepszonych form. Wymiernym efektem prowadzonych badań są chronione prawnie w COBORU (Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych) dwie odmiany *Salix purpurea* ASPI (nazwa w badaniach i hodowlana: OL1/1, nr wpisu w COBORU: O 2370, odmiana O.7 w **zał. 4, pkt III.3** oraz w **zał. 6**) oraz *Salix purpurea* ASPIRA (nazwa w badaniach i hodowlana: ELK2/2, nr wpisu w COBORU: O 2459, odmiana O.8 w **zał. 4, pkt III.3** oraz w **zał. 6**), które cieszą się zainteresowaniem firm zewnętrznych oraz wykorzystywane były z sukcesem w procesie komercjalizacji wyników przeprowadzonych badań (decyzja D.1 oraz D.2 w **zał. 4, pkt III.3** oraz w **zał. 6**).

Przedstawione w prezentowanym cyklu artykułów naukowych wyniki badań wskazują na duży i ciągle jeszcze nie w pełni wykorzystany potencjał wierzby purpurowej. Wiodącym kierunkiem wydaje się być zastosowanie kory wierzby do celów farmaceutycznych, jednak wiele wskazuje, że rośliny wierzby purpurowej z powodzeniem mogą być hodowane, uprawiane na gruntach ornych i wykorzystywane jako źródło drzewnego surowca energetycznego. Bardzo interesujący jest też kierunek związany z ochroną środowiska naturalnego, w którym wykorzystuje się wysoki potencjał roślin *S. purpurea* w fitoremediacji terenów zanieczyszczonych metalami ciężkimi oraz w oczyszczaniu osadów, wód powierzchniowych i gruntowych. Dodatkowo wierzba purpurowa charakteryzują się stosunkowo małym genomem (~392 Mb), który został zsekwencjonowany, a dane sekwencyjne są ogólnodostępne (<https://phytozome-next.jgi.doe.gov>, dostęp 27 lipca 2023). Dlatego wielu autorów określa lub traktuje *S. purpurea* jako obiecujący gatunek modelowy (Carlson i in. 2019, Gomes i in. 2019, Hallingbäck i in. 2019, Yang i in. 2020, Zhang i in. 2021, Hyden i in., 2023). Tym większego znaczenia nabierają wyniki analiz molekularnych, w tym również wyniki uzyskane w prezentowanym cyklu powiązanych tematycznie artykułów naukowych, co przy planowaniu kolejnych badań stwarza coraz większe perspektywy w uzyskaniu postępu hodowlanego *S. purpurea*.

Literatura

Argus, G.W. 2007. *Salix* (*Salicaceae*) distribution maps and a synopsis of their classification in North America, north of Mexico. *Harv Pap Bot.*, 12(2): 335–368.

- Aravanopoulos, F. 2010. Clonal identification based on quantitative, co-dominant, and dominant marker data: A comparative analysis of selected willow (*Salix* L.) clones. *Int. J. For. Res.* 6.
- Bachmann, K. 2001. Evolution and the genetic analysis of populations: 1950–2000. *Taxon*, 50: 7–45.
- Berthod, N., Brereton, N.J., Pitre, F.E., Labrecque, M. 2015. Five willow varieties cultivated across diverse field environments reveal stem density variation associated with high tension wood abundance. *Front. Plant Sci.*, 6: 948.
- Biegert, C., Wagner, I., Lüdtke, R., Kötter, I., Lohmüller, C., Günaydin, I., Taxis, K., Heide, L. 2004. Efficacy and safety of willow bark extract in the treatment of osteoarthritis and rheumatoid arthritis: results of 2 randomised double-blind controlled trials. *J Rheumatol.*, 31: 2121–2130.
- Boeckler, G.A., Gershenzon, J., Unsicker, S.B. 2011. Phenolic glycosides of the *Salicaceae* and their role as anti-herbivore defenses, *Phytochemistry*, 72: 1497–1509.
- Bubner, B., Köhler, A., Zaspel, I., Zander, M., Förster, N., Gloger, J.C., Ulrichs, Ch., Schneck, V. 2018. Breeding of multipurpose willows on the basis of *Salix daphnoides* Vill., *Salix purpurea* L. and *Salix viminalis* L. *Appl. Agric. Forestry Res.*, 68: 53–66.
- Carlson, C.H., Gouker, F.E., Serapiglia, M.J., Tang, H., Krishnakumar, V., Town, C.D., Tuskan, G.A. 2014. Annotation of the *Salix purpurea* L. genome and gene families important for biomass production. In Plant and animal genome XXII conference. Plant and Animal Genome.
- Carlson, C.H., Gouker, F.E., Crowell, C.R., Evans, L., DiFazio, S.P., Smart, C.D., Smart, L.B. 2019. Joint linkage and association mapping of complex traits in shrub willow (*Salix purpurea* L.). *Ann. Bot.*, 124(4): 701-715.
- Carvalho, A.M., Pardo de Santayana, M., Morales, R. 2006. Traditional knowledge of basketry practices in a northeastern region of Portugal. In: Ertug̃ ZF, ed. Proceedings of the IVth International Congress of Ethnobotany (ICEB 2005) Turquia: Yeditepe University, 335–338.
- Caterino, B., Schuler, J., Grushecky, S., Skousen, J. 2017. Surface mine to biomass farm: growing shrub willow (*Salix* spp.) in Northeastern West Virginia - first year results. *J Am Soc Min Reclam.*, 6(1): 1–14.
- Chen, J., Sun, H., Wen, J., Yang, Y. 2010. Molecular phylogeny of *Salix* L. (*Salicaceae*) inferred from three chloroplast datasets and its systematic implications. *Taxon*, 59: 29–37.
- Cochran, W.G., Cox, G.M. 1955. Experimental designs, New York ss 455.
- Costa, R., Pereira, G., Garrido, I., Tavares-de-Sousa, M.M., Espinosa, F. 2016. Comparison of RAPD, ISSR, and AFLP molecular markers to reveal and classify orchardgrass (*Dactylis glomerata* L.) germplasm variations. *PLoS ONE*, 11: e0152972.
- Dolatowski, J., Seneta, W. 2017. Dendrologia. Wydawnictwo Naukowe PWN.
- Drzewiecka, K., Mleczek, M., Gąsecka, M., Magdziak, Z., Budka, A., Chadzinikolau, T., Kaczmarek, Z., Goliński, P. 2017. Copper and nickel co-treatment alters metal uptake and stress parameters of *Salix purpurea* x *viminalis*. *J Plant Physiol.*, 216: 125–134.
- Du Mortier, B.C. 1825. Verhandeling over het Geschlacht der Wilgen (*Salix*) en de Natuurlijke Familie der Amentaceae; bij Joh. van der Hey en zoon: Amsterdam, The Netherlands.
- EMA. 2009. Assessment report on *Salicis cortex* (willow bark) and herbal preparation(s) thereof with well-established use and traditional use. London. EMA/HMPC/295337/2007.
- EMA. 2017. Assessment report on *Salix* [various species including *S. purpurea* L., *S. daphnoides* Vill., *S. fragilis* L.], *cortex*. Committee on Herbal Medicinal Products (HMPC). EMA/HMPC/80628/2016.
- Fang, Z., Zhao, S., Skvortsov, A. 1999. *Salicaceae*. W: Flora of China, Wu, Z., Raven, P. (red.) Science Press and Missouri Botanical Garden Press: Beijing, China and St. Louis, MO, USA, Volume 4: 139–274.
- Ford, C.S., Ayres, K.L., Toomey, N., Haider, N., Stahl, J.V., Kelly, L.J., Wikstrom, N., Hollingsworth, P.M., Duff, R.J., Hoot, S.B., i in. 2009. Selection of candidate coding DNA barcoding regions for use on land plants. *Botanical J. Linn. Soc.*, 159: 1–11.
- Förster, N., Ulrichs, C., Zander, M., Kätzel, R., Mewis, I. 2009. Salicylatreiche Weiden für die Arzneimittelherstellung, *Gesunde Pflanz.*, 61: 129–134.
- Förster, N., Ulrichs, C., Zander, M., Kätzel, R. 2010. Factors influencing the variability of antioxidative phenolic glycosides in *Salix* species, *J. Agric. Food Chem.*, 58: 8205–8210.

- Förster, N., Ulrichs, C., Zander, M., Kätzel, R., Mewis, I. 2012. Influence of the season on the salicylate and phenolic glycoside contents in the bark of *Salix daphnoides*, *Salix pentandra*, and *Salix purpurea*. *Journal of Applied Botany and Food Quality*, 82(1), pp.99-102.
- Förster, N., Antoniadou, K., Zander, M., Baur, S., Mittermeier-Kleßinger, V.K., Dawid, C., Ulrichs, C., Mewis, I. 2021. Chemoprofiling as breeding tool for pharmaceutical use of *Salix*. *Front. Plant Sci.* 12, 511.
- Gomes, C., Dupas, A., Pagano, A., Grima-Pettenati, J., Paiva, J.A.P. 2019. Hairy root transformation: a useful tool to explore gene function and expression in *Salix* spp. recalcitrant to transformation. *Front. Plant Sci.*, 10, 1427.
- Hallingbäck, H.R., Berlin, S., Nordh, N.E., Weih, M., Rönnberg-Wästljung, A.C. 2019. Genome wide associations of growth, phenology, and plasticity traits in willow [*Salix viminalis* (L.)]. *Front. Plant Sci.*, 10, 753.
- Hamrick, J.L., Godt, M.J.W., Sherman-Broyles, S.L. 1992. Factors influencing levels of genetic diversity in woody plant species. *New For.*, 6: 95–124.
- Hollingsworth, P.M., Graham, S.W., Little, D.P. 2011. Choosing and using a plant DNA barcode. *PLoS One*, 6, e19254.
- Hörandl, E., Florineth, F., Hadacek, F. 2002. Weiden in Österreich und angrenzenden Gebieten. Arbeitsbereich Ingenieurbiologie u. Landschaftsbau, Univ. Bodenkultur Wien: Wien, Austria.
- Hyden, B., Zou, J., Wilkerson, D.G., Carlson, C.H., Robles, A.R., DiFazio, S.P., Smart, L.B. 2023. Structural variation of a sex-linked region confers monoecy and implicates GATA15 as a master regulator of sex in *Salix purpurea*. *New Phytol.* 238(6): 2512-2523.
- IMGW – PIB, 2021. Instytutu Meteorologii i Gospodarki Wodnej - Państwowy Instytut Badawczy. <https://danepubliczne.imgw.pl> (dostęp 10 maja 2021).
- Inui, T., Wang, Y., Pro, S.M., Franzblau, S.G., Pauli, G.F. 2012. Unbiased evaluation of bioactive secondary metabolites in complex matrices, *Fitoterapia*, 83(7): 1218–1225.
- Jarret, J.M., Williams, A.H. 1967. The flavonoid glycosides of *Salix purpurea*, *Phytochemistry*, 6: 1585–1586.
- Jerkovič, I., Kuš, P.M., Tuberoso, C.I.G., Šarolić, M. 2014. Phytochemical and physical–chemical analysis of Polish willow (*Salix* spp.) honey: identification of the marker compounds. *Food Chem.*, 145:8–14.
- Julkunen-Tiitto, R., Virjamo, V. 2016. Biosynthesis and roles of *Salicaceae* salicylates. W: Arimura, G.I., Maffei, M. (red.), *Plant Specialized Metabolism: Genomics, Biochemistry, and Biological Functions*. CRC Press, Boca Raton, London, New York.
- Kammerer, B., Kahlich, R., Biegert, C., Gleiter, C.H., Heide, L. 2005. HPLC-MS/MS analysis of willow bark extracts contained in pharmaceutical preparations, *Phytochem. Anal.*, 16(6): 470–478.
- Kenstavičienė, P., Nenortienė, P., Kiliuvienė, G., Zevzikovas, A., Lukosius, A., Kazlauskienė, D. 2009. Application of high-performance liquid chromatography for research of salicin in bark of different varieties of *Salix*, *Medicina* (Kaunas), 45: 644–651.
- Krauze-Baranowska, M., Pobłocka-Olech, L., Głód, D., Wiwart, M., Zieliński, J., Migas, P. 2012. HPLC of flavanones and chalcones in different species and clones of *Salix*, *Acta Pol. Pharm.*, 70(1): 27–34.
- Krzyżaniak, M., Stolarski, M.J., Szczukowski, S., Tworowski, J., Bieniek, A., Mleczyk, M. 2015. Willow biomass obtained from different soils as a feedstock for energy. *Ind. Crops Prod.*, 75: 114–121.
- Kuzovkina, Y.A., Quigley, M.F. 2005. Willows beyond wetlands: uses of *Salix* L. species for environmental projects. *Water Air Soil Pollut.*, 162(1): 183–204.
- Kuzovkina, Y.A., Weih, M., Romero, M.A., Charles, J., Hust, S., McIvor, I., Yulia A., Karp, A., Trybush, S., Labrecque, M., Teodorescu, T.I., Singh, N.B., Smart, L.B., Volk, T.A. 2007. *Salix*: botany and global horticulture. *Hortic. Rev.*, 34: 447-489.
- Licinio, A., Laur, J., Pitre, F.E., Labrecque, M. 2022. Willow and herbaceous species' phytoremediation potential in Zn-contaminated farm field soil in Eastern Québec, Canada: A greenhouse feasibility study. *Plants*, 12(1): 167.
- Linnaeus, C. 1753. *Species Plantarum*; Laurentius Salvius: Stockholm, Sweden.
- Lubbe, A., Verpoorte, R. 2011. Cultivation of medicinal and aromatic plants for specialty industrial materials. *Ind. Crops Prod.*, 34 (1): 785–801.

- Mahdi, J.G. 2010. Medicinal potential of willow: a chemical perspective of aspirin discovery, *J. Saudi Chem. Soc.*, 14: 317–322.
- McGhie, T.K., Walton, M.C. 2007. The bioavailability and absorption of anthocyanins: towards a better understanding, *Mol. Nutr. Food Res.*, 51(6): 702–713.
- Meier, B., Lehmann, D., Sticher, O., Bettschart, A. 1985. Identification and determination of 8 phenol glycosides in *Salix-purpurea* and *Salix daphnoides* with modern HPLC, *Pharm. Acta Helv.*, 60(9–10): 269–275.
- Meneghetti, S., Barcaccia, G., Paiero, P., Lucchin, M. 2007. Genetic characterization of *Salix alba* L. and *Salix fragilis* L. by means of different PCR-derived marker systems. *Plant Biosyst.*, 141: 283–291.
- Mota, A.H., Sousa, A., Figueira, M., Amaral, M., Sousa, B., Rocha, J., Fattal, E., Almeida, A.J., Reis, C.P. 2020. Natural-based consumer health nanoproducts: Medicines, cosmetics, and food supplements. In *Handbook of functionalized nanomaterials for industrial applications* (pp. 527–578). Elsevier.
- Nakai, T. 1920. *Chosenia*, a new genus of *Salicaceae*. *Botanical Mag. (Tokyo)*, 34: 66–69.
- Pei, M.H., McCracken, A.R. 2005. *Rust diseases of willow and poplar*. Wallingford, UK and Cambridge, MA, USA: CAB Intern.
- Poblocka-Olech, L., van Niderkassel, A.M., Vander Heyden, Y., Krauze-Baranowska, M., Glód, M., Baczek, T. 2007. Chromatographic analysis of salicylic compounds in different species of the genus *Salix*, *J. Sep. Sci.*, 30(17): 2958–2966.
- Powell, W., Morgante, M., Andre, C.M., Hanafey, M., Vogel, J., Tingey, S., Rafalski, A. 1996. The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. *Mol. Breed.*, 2: 225–238.
- Quaye, A.K., Volk, T.A. 2013. Biomass production and soil nutrients in organic and inorganic fertilized willow biomass production systems. *Biomass Bioenergy*, 57: 113–125.
- Saliba-Colombani, V., Causse, M., Gervais, L., Philouze, J. 2000. Efficiency of RFLP, RAPD, and AFLP markers for the construction of an intraspecific map of the tomato genome. *Genome*, 43: 29–40.
- Schmid, B., Kotter, I., Heide, L. 2001a. Pharmacokinetics of salicin after oral administration of standard willow bark extract, *Eur. J. Clin. Pharmacol.*, 57: 387–391.
- Schmid B, Ludtke R, Selbmann HK, Kötter, I., Tschirdewahn, B., Schaffner, W., Heide, L. 2001b. Efficacy and tolerability of a standardized willow bark extract in patients with osteoarthritis; randomized placebo-controlled, double blind clinical trial. *Phytother Res.*, 15: 244–250.
- Serapiglia, M.J., Cameron, K.D., Stipanovic, A.J., Abrahamson, L.P., Volk, T.A., Smart, L.B. 2013. Yield and woody biomass traits of novel shrub willow hybrids at two contrasting sites. *Bioenergy Res.*, 6(2): 533–546.
- Simiele, M., Lebrun, M., Miard, F., Trupiano, D., Poupart, P., Forestier, O., Scippa, G.S., Bourgerie, S., Morabito, D. 2020. Assisted phytoremediation of a former mine soil using biochar and iron sulphate: Effects on as soil immobilization and accumulation in three *Salicaceae* species. *Sci. Total Environ.*, 710: 136203.
- Skvortsov, A.K. 1999. *Willows of Russia and adjacent countries. Taxonomical and geographical revision*. University of Joensuu, Joensuu, Finland.
- Smart, L.B., Volk, T.A., Lin, J., Kopp, R.F., Phillips, I.S., Cameron, K.D., White, E.H., Abrahamson, L.P. 2005. Genetic improvement of shrub willow (*Salix* spp.) crops for bioenergy and environmental applications in the United States. *Unasylva*, 56(2): 51.
- Smart, L.B., Cameron, K.D. 2008. Genetic improvement of willow (*Salix* spp.) as a dedicated bioenergy crop. W: Vermerris, W. (red.). *Genetic Improvement of Bioenergy Crops*. New York: Springer, 377–396.
- Stolarski, M.J., Szczukowski, S., Tworkowski, J., Klasa, A. 2013. Yield, energy parameters and chemical composition of short-rotation willow biomass. *Ind. Crops Prod.*, 46: 60–65.
- Stuessy, T.F. 2009. *Plant Taxonomy: The Systematic Evaluation of Comparative Data*. Columbia University Press: New York, NY, USA.
- Sulima, P., Przyborowski, J.A., Wiwart, M. 2006a. Willow bark-herbal raw material harvested from plants cultivated on arable lands. *Herba Pol.*, 4(52): 18–25.
- Sulima, P., Przyborowski, J.A., Stolarski, M. 2006b. Ocena przydatności wybranych gatunków wierzby do celów energetycznych. *Fragm. Agron.*, 3: 290–299.

- Sulima, P., Prinz, K., Przyborowski, J.A. 2017a. Genetic diversity and genetic relationships of purple willow (*Salix purpurea* L.) from natural locations. *Int. J. Mol. Sci.*, 19(1): 105.
- Sulima P., Krauze-Baranowska M., Przyborowski J.A. 2017b. Variations in the chemical composition and content of salicylic glycosides in the bark of *Salix purpurea* from natural locations and their significance for breeding. *Fitoterapia*, 118: 118-125.
- Sulima, P., Przyborowski, J.P. 2019. Purple willow (*Salix purpurea* L.) and its potential uses for the treatment of arthritis and rheumatism. W: Watson, R.R., Preedy, V.R. (red.), *Bioactive food as dietary interventions for arthritis and related inflammatory diseases*. Academic Press, 535–551.
- Szczukowski, S., Tworkowski, J., Wiwart, M., Przyborowski, J.A. 1998. Wiklina. Uprawa i możliwości wykorzystania, Wydawnictwo ART, Olsztyn.
- Tharakan, P.J., Volk, T.A., Nowak, C.A., Abrahamson, L.P. 2005. Morphological traits of 30 willow clones and their relationship to biomass production. *Can. J. For. Res.* 35(2): 421–431.
- Thieme, H. (1965). Die Phenolglykoside der *Salicaceen*. 6. Mitteilung: Untersuchungen über die jahreszeitlich bedingten Veränderungen der Glykosidkonzentrationen, über die Abhängigkeit des Glykosidgehaltes von der Tageszeit und vom Alter der Pflanzenorgane, *Pharmazie* 20, 688–691.
- Trybush, S., Jahodová, Š., Macalpine, W., Karp, A. 2008. A genetic study of a *Salix* germplasm resource reveals new insights into relationships among subgenera, sections and species. *Bioenergy Res.*, 1: 67–79.
- Tyśkiewicz, K., Konkol, M., Kowalski, R., Rój, E., Warmiński, K., Krzyżaniak, M., Gil, Ł., Stolarski, M.J. 2019. Characterization of bioactive compounds in the biomass of black locust, poplar and willow. *Trees*, 33, 1235-1263.
- USDA, NRCS. 2023. The PLANTS Database. Greensboro, NC: National Plant Data Team; n.d. Strona internetowa: <https://plants.usda.gov/home/plantProfile?symbol=SAPU2> (dostęp 14 lipca 2023 r).
- Weih, M. 2009. Genetic and environmental variation in spring and autumn phenology of biomass willows (*Salix* spp.): effects on shoot growth and nitrogen economy. *Tree Physiol.*, 29(12), 1479-1490.
- Wichtl, M. (red.). 2004. *Herbal drugs and phytopharmaceuticals: a handbook for practice on a scientific basis*. 3rd ed. London: CRC press.
- Vlachojannis, J., Magora, F., Chrubasik, S. 2011. Willow species and aspirin: different mechanism of actions. *Phytother Res.*, 25: 1102–1104.
- Yang, R., Liu, X., Lan, B., Wang, H., Liu, X., Xu, J. 2020. Identification and evaluation of the expansin genes in *Salix purpurea* genome. *Tree Genet. Mol. Breed.*, 10.
- Zabergja-Ferati, F., Mustafa, M.K., Abazaj, F. 2021. Heavy Metal Contamination and Accumulation in Soil and Plant from Mining Area of Mitrovica, Kosovo. *Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology*, 107(3), 537-543.
- Zhang, J., Zheng Shi, S., Jiang, Y., Zhong, F., Liu, G., Yu, C., Lian, B., Chen, Y. 2021. Genome-wide investigation of the AP2/ERF superfamily and their expression under salt stress in Chinese willow (*Salix matsudana*). *PeerJ*, 9, p.e11076.

4.4 Omówienie pozostałych osiągnięć naukowo – badawczych

Wykaz publikacji wchodzących w skład pozostałych osiągnięć naukowo – badawczych zamieszczono w **załączniku nr 4**, a kopie artykułów naukowych, rozdziałów w monografiach oraz pozostałych istotnych dokumentów umieszczono w wersji cyfrowej na załączonym do wniosku nośniku pendrive (**załącznik nr 6**).

4.4.1 Osiągnięcia naukowo – badawcze przed uzyskaniem stopnia doktora

Moje zainteresowania naukowe ukierunkowane na prowadzenie badań z zakresu hodowli roślin kształtowały się już od czasów studenckich i miały związek z kilkoma ważnymi etapami mojego życia. W trakcie studiów magisterskich na kierunku rolnictwo (Wydział Kształtowania Środowiska i Rolnictwa – obecnie Wydział Rolnictwa i Leśnictwa, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie) zrealizowałem dwa semestry studiów na kierunku rolnictwo w Universität Paderborn (Paderborn, Niemcy). Było to możliwe dzięki uzyskanemu przeze mnie w roku 1998 stypendium Carl Duisberg Gesellschaft. W trakcie tego pobytu oprócz kontynuacji nauki na kierunku rolnictwo (semestr letni – zaświadczenie Z.1 w *zał. 6*) odbyłem również półroczne praktyki w uznanej, niemieckiej firmie hodowlano-nasiennej Deutsche Saatveredelung AG (DSV, Thüle, Niemcy, semestr zimowy – zaświadczenie Z.2 w *zał. 6*). To właśnie w firmie DSV miałem po raz pierwszy styczność z profesjonalnymi procesami i pracami hodowlanymi wspieranymi zastosowaniem technik biotechnologicznych w hodowli nowych odmian roślin, głównie hodowli zbóż i rzepaku. Praca w firmie DSV nie tylko pogłębiła zrozumienie tego ważnego obszaru współczesnego rolnictwa, ale również rozbudziła moje pasje badawcze. Dlatego po powrocie do Polski kontynuowałem swoje zainteresowania tematyką hodowlaną pisząc pracę magisterską pt. „Ocena odporności materiałów hodowlanych pszenżyta jarego na fuzariozę z wykorzystaniem komputerowej analizy obrazu kolorowego” w Katedrze Hodowli Roślin i Nasiennictwa (obecnie Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Inżynierii Biosurowców) pod kierunkiem prof. dr hab. Mariana Wiwarta. Bezpośrednio po ukończeniu w 2000 roku studiów i uzyskaniu tytułu zawodowego magistra inżyniera rozpocząłem studia doktoranckie na Wydziale Kształtowania Środowiska i Rolnictwa (obecnie Wydział Rolnictwa i Leśnictwa), Uniwersytetu Warmińsko-Mazurski w Olsztynie.

Pracę doktorską pt. „Produktywność i charakterystyka wybranych genotypów wikliny (*Salix* spp.) jako surowca zielarskiego” napisałem w Katedrze Hodowli Roślin i Nasiennictwa (obecnie Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Inżynierii Biosurowców) pod kierunkiem prof. dr hab. Stefana Szczukowskiego, który zainteresował mnie tematyką wykorzystania kory wierzby do celów farmaceutycznych oraz prowadzeniem prac hodowlanych w zakresie uzyskania nowych odmian wierzby predysponowanych do produkcji wysokiej jakości surowca zielarskiego, jak i odmian wykorzystywanych do celów energetycznych. W trakcie studiów doktoranckich dołączyłem do zespołu wykonawców realizujących badania finansowane z działalności statutowej wydziału pt. „Produkcja, uszlachetnianie i ocena wartości materiałów siewnych roślin alternatywnych” (nr tematu badawczego: 522-1008.0208). W latach 2000 - 2002 kierownikiem tematu był prof. dr hab. Stefan Szczukowski, z którym wspólnie realizowaliśmy zadanie badawcze „Ocena przydatności kory klonów wierzby krzewiastych (*Salix* sp.) do celów farmaceutycznych” (projekt P.7 w *zał. 4, pkt II.15*). A w latach 2003 - 2004 kierownikiem tematu badawczego nr 522-1008.0208 został prof. dr hab. Józef Tworkowski, a moim zadaniem wspólnie z prof. dr hab. Stefanem

Szczukowskim była realizacja zadania badawczego „Produktywność i charakterystyka wybranych genotypów wikliny (*Salix* spp.) jako surowca zielarskiego” (projekt P.8 w *zał. 4, pkt II.15*). Podsumowując, moje pierwsze prace naukowo – badawcze przed uzyskaniem stopnia doktora dotyczyły w głównej mierze: **(1) charakterystyki skolekcjonowanych genotypów różnych gatunków wierzby jako wyjściowych materiałów hodowlanych oraz (2) oceny ich przydatności do hodowli nowych odmian wykorzystywanych do produkcji surowca zielarskiego oraz energetycznego**. W trakcie studiów doktoranckich uzyskałem bezcenne wsparcie pracowników naukowych katedry oraz poszerzyłem wiedzę z zakresu biologii, uprawy i hodowli różnych gatunków wierzby, co pozwoliło mi zrealizować główne cele badawcze pracy doktorskiej, którymi była ocena produktywności 21 genotypów różnych gatunków i mieszańców międzygatunkowych wierzby oraz określenie możliwości ich uprawy na gruntach ornym. W wyniku przeprowadzonych badań zaobserwowano wysoką i istotną statystycznie zmienność ważnych z hodowlanego punktu widzenia cech wierzby, a w szczególności zawartości salicyny w korze badanych genotypów oraz plonu, co uzasadniało rozpoczęcie prac hodowlanych w kierunku uzyskania odmian predysponowanych do produkcji surowca zielarskiego. W pracy potwierdzono przydatność wykorzystania do tego celu trzech gatunków *S. purpurea*, *S. alba* oraz *S. daphnoides*, jednakże jako najbardziej obiecujący wskazano *S. purpurea*. Stwierdzone różnice w zawartości salicyny w korze oraz plonie poszczególnych genotypów *S. purpurea* wskazały na możliwości uzyskania wartościowych odmian zarówno poprzez selekcję, jak i hodowlę twórczą. Spośród badanych genotypów za najbardziej obiecujący wybrano genotyp *S. purpurea* UWM 199, który okazał się najbardziej przydatnym do produkcji surowca zielarskiego ze względu na wysoki plon kory ($5,27 \text{ t ha}^{-1}$) oraz wysoką zawartość salicyny w korze ($1,73 \text{ mg g}^{-1} \text{ s.m.}$). Wyniki badań potwierdziły możliwość uprawy na gruntach rolnych wierzby w celu pozyskania dobrej jakości kory jako surowca zielarskiego, a pozostałych po okorowaniu pędów do celów plecionkarskich lub energetycznych. Przygotowana przeze mnie praca w formie manuskryptu została pozytywnie oceniona przez recenzentów, następnie publicznie obroniona, co skutkowało nadaniem w dniu 16.11.2004 roku przez Radę Wydziału Kształtowania Środowiska i Rolnictwa (obecnie Wydział Rolnictwa i Leśnictwa), Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie stopnia naukowego doktora nauk rolniczych w zakresie agronomii (*zał. 2*). Główne osiągnięcia z przeprowadzonych badań zawarto w dwóch punktowanych publikacjach. W pierwszej pracy (Sulima i in. 2006a. – artykuł naukowy A.6 w *zał. 4, pkt II.4* oraz w *zał. 6*) przedstawiono możliwość pozyskiwania surowca zielarskiego w formie kory z roślin wierzby uprawianych na gruntach ornym oraz wskazano na możliwość wszechstronnego i elastycznego wykorzystania biomasy wierzby pozyskiwanej z upraw rolniczych. Obok wiodącego w tym przypadku celu farmaceutycznego wyszczególniono możliwość wykorzystania roślin wierzby do celu energetycznego oraz plecionkarskiego. W drugim artykule naukowym (Sulima i in. 2006b – artykuł naukowy A.7 w *zał. 4, pkt II.4* oraz w *zał. 6*) przedstawiono ocenę przydatności wybranych gatunków wierzby do produkcji biomasy wykorzystywanej do celów

energetycznych. Spośród sześciu badanych gatunków oraz trzech mieszańców międzygatunkowych wierzby największy potencjał zaobserwowano w przypadku gatunku *S. viminalis*, które szczególnie w przypadku roślin dwuletnich ($62,75 \text{ t ha}^{-1}$) i trzyletnich ($75,25 \text{ t ha}^{-1}$) gwarantowały pozyskiwanie bardzo wysokich plonów świeżej biomasy jednorocznych pędów. Tak wysoki poziom produktywności roślin *S. viminalis* możliwy był m.in. dzięki zastosowaniu zwiększonej obsady roślin, która w analizowanym doświadczeniu polowym wynosiła 200 tys. szt. ha^{-1} . W pracy przedstawiono również charakterystykę ważnych cech plonotwórczych wierzby takich, jak wysokość roślin, średnica pędów oraz liczba pędów na roślinie, których wpływ na finalny plon biomasy jednorocznych pędów określono na poziomie 77,4%. Oprócz opisanych powyżej prac byłem w pierwszych latach studiów doktoranckich współautorem artykułu naukowego, w którym wykazaliśmy możliwości pozyskiwania wysokiej jakości surowca zielarskiego z roślin dwóch gatunków *S. purpurea* oraz *S. daphnoides* uprawianych na gruntach ornych (Szczukowski i in. 2002 – artykuł naukowy A.5 w **zał. 4, pkt II.4** oraz w **zał. 6**). Dodatkowo wymiernym efektem badań rozpoczętych przed uzyskaniem stopnia doktora oraz ukończonych w kolejnych latach po doktoracie było zgłoszenie w roku 2006 do COBORU (Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych) nowej odmiany *Salix purpurea* BONA. Po przeprowadzonych przez COBORU trzyletnich badaniach OWT uzyskaliśmy w roku 2009 prawo do wyłącznej ochrony prawnej odmiany *Salix purpurea* BONA (nr wpisu do Księgi Ochrony: O 2211 – odmiana O.1 w **zał. 4, pkt III.3** oraz w **zał. 6**).

W trakcie ostatniego roku studiów doktoranckich podjąłem bliższą współpracę z zespołem dr hab. Jerzego Przyborowskiego, prof. UWM (również Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa – obecnie Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Inżynierii Biosurowców), co miało znaczący wpływ na uszczegółowienie moich zainteresowań naukowych po doktoracie. Zainspirowany możliwościami nowoczesnych osiągnięć biotechnologicznych poszerzyłem swoje prace naukowo – badawcze o wykorzystanie technik molekularnych oraz roślinnych kultur in vitro na różnych etapach hodowli wierzby. Jeszcze w trakcie studiów doktoranckich uczestniczyłem w pracach badawczych nad zwiększeniem wydajności zakładania plantacji wierzby poprzez masową reprodukcję klonów z zastosowaniem mikrorozmnażania w warunkach in vitro (rozdział monografii RM.1 w **zał. 4, pkt II.2** oraz w **zał. 6**). Przed uzyskaniem stopnia doktora, oprócz wymienionych powyżej prac, byłem jeszcze współautorem dwóch posterów (materiały konferencyjne K.1 i K.2 w **zał. 4, pkt II.7**). Uczestniczyłem również w zagranicznej szkole letniej IV Internationale Sommerakademie Neubrandenburg, która miała miejsce w Neubrandenburgu (Niemcy) w dniach 3-14 września 2001 roku, prowadzona była w języku niemieckim i dotyczyła stanu rolnictwa i przemysłu spożywczego po Agencji 2000 i w obliczu rozszerzenia Unii Europejskiej (warsztaty W.2 w **autoreferacie, pkt 7** oraz w **zał. 6**).

4.4.2 Osiągnięcia naukowo – badawcze po uzyskaniu stopnia doktora

Moje najważniejsze osiągnięcia naukowo – badawcze po uzyskaniu stopnia doktora zrealizowane zostały w głównej mierze w ramach prac prowadzonych przez wcześniej wspomniany zespół badawczy kierowany przez dr hab. Jerzego Przyborowskiego, prof. UWM. Po dołączeniu do zespołu, moje zainteresowania naukowe ukierunkowane były w pierwszej kolejności na prace realizowane w zakresie kilku obszarów badawczych: **(1) naukowe podstawy wykorzystania oceny zróżnicowania genetycznego wybranych gatunków wierzby do różnych celów hodowlanych, (2) wsparcie procesów hodowlanych oraz uprawy wierzby technikami molekularnymi.** We współczesnych pracach hodowlanych najczęściej wykorzystywane są techniki molekularne oparte na markerach DNA, które są użyteczne szczególnie na wstępnych etapach hodowli, przy ocenie i wyborze odpowiednich materiałów hodowlanych. Za pomocą markerów określana jest m.in. tożsamość gatunkowa bądź genotypowa poszczególnych roślin, stopień ich podobieństwa lub zróżnicowania genetycznego. Każdy proces hodowlany powinien być poprzedzony analizą zróżnicowania genetycznego materiałów hodowlanych, dzięki czemu możliwy jest trafniejszy wybór komponentów rodzicielskich do krzyżowania. Z kolei sam dobór form rodzicielskich powinien być przeprowadzony w taki sposób, aby uzyskać w potomstwie możliwie szerokie spektrum zmienności cech ważnych z punktu widzenia danego kierunku prowadzonej hodowli, co zwiększa prawdopodobieństwo uzyskania w potomstwie osobników o wartościowych kombinacjach cech. W badaniach własnych, których wyniki opublikowano w czasopiśmie *Crop Science* (Sulima i in. 2009 – artykuł naukowy A.8 w *zał. 4, pkt II.4* oraz w *zał. 6*), przeprowadzono ocenę zróżnicowania genetycznego genotypów *S. purpurea* oraz mieszańców międzygatunkowych *S. purpurea* z wykorzystaniem markerów RAPD. Należy podkreślić, że w tamtym czasie były to pierwsze opublikowane wyniki dotyczące oceny zróżnicowania genetycznego w obrębie gatunku *S. purpurea*. Uzyskane wyniki badań pozwoliły na przedstawienie wstępnej charakterystyki zróżnicowania genetycznego *S. purpurea* oraz stanowiły punkt wyjścia do bardziej szczegółowych analiz z tego zakresu. Przeprowadzone analizy wsparły decyzje o kierunku dalszych badań oraz aplikacji o dofinansowanie naukowego projektu własnego "Ocena przydatności genotypów *Salix purpurea* L. pochodzących ze stanowisk naturalnych do hodowli odmian o podwyższonej zawartości glikozydów salicylowych w korze", który został sfinansowany przez MNiSW (nr projektu: N N310 088337, kierownik: dr inż. Paweł Sulima – projekt P.1 w *zał. 4, pkt II.9* oraz w *zał. 6*), zrealizowany w latach 2009 – 2013 i będący w dużej mierze podstawą do opisanego wcześniej osiągnięcia naukowego stanowiącego cykl powiązanych tematycznie artykułów naukowych zgodnie z art. 219 ust. 1. pkt 2b ustawy (*autoreferat, podrozdziały 4.1-4.3*). Kontynuacja badań nad zróżnicowaniem genetycznym *S. purpurea* prowadzona była również w innych badaniach własnych (artykuł naukowy A.14 w *zał. 4, pkt II.4* oraz w *zał. 6*), w której zastosowano metodę ISSR. Uzyskane wyniki potwierdziły ogólny pogląd, że regiony mikrosatelitarne

podlegają częstszym zmianom ewolucyjnym prowadzącym do wyższego polimorfizmu tych obszarów DNA, co zostało zaobserwowane również w badaniach własnych w obrębie gatunku *S. purpurea*. Badanie to potwierdziło przydatność markerów ISSR do rozpoznania i oceny zróżnicowania genetycznego *S. purpurea*, a poszczególne startery ISSR generowały więcej produktów polimorficznych niż zastosowane we wcześniejszej pracy startery RAPD (artykuł naukowy A.8 w **zał. 4, pkt II.4** oraz w **zał. 6**). Z uwagi na identyfikację zróżnicowania genetycznego odmiennych regionów DNA można obie metody stosować komplementarnie, co zostało wykorzystane w innej pracy własnej opisywanej w niniejszym opracowaniu w podrozdziale 4.3.2 w trakcie przedstawiania głównego osiągnięcia naukowo – badawczego (artykuł naukowy A.2 w **zał. 4, pkt I** oraz w **zał. 5**). W innych badaniach własnych (artykuł naukowy A.12 w **zał. 4, pkt II.4** oraz w **zał. 6**) wykazaliśmy możliwość wykorzystania genotypowych markerów specyficznych w ustalaniu tożsamości genotypowej u roślin wierzby purpurowej, co daje perspektywy skutecznego ich zastosowania na wielu etapach procesów hodowlanych tego gatunku.

Równoległe do zainteresowania hodowlą nowych odmian wierzby purpurowej predysponowanych do produkcji surowca zielarskiego aktywnie uczestniczyłem w badaniach wspierających hodowlę wierzby wiciowej (*S. viminalis*), której rośliny uznawane są przez wielu autorów jako bardzo dobre źródło biomasy przeznaczonej do celów energetycznych. W badaniach własnych przedstawionych w czasopiśmie *Industrial Crops and Products* (artykuł naukowy A.10 w **zał. 4, pkt II.4** oraz w **zał. 6**) określono stopień zróżnicowania i podobieństwa genetycznego 19 genotypów *S. viminalis* pochodzących z kolekcji Katedry Hodowli Roślin i Nasiennictwa (obecnie Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Inżynierii Biosurowców). W porównaniu do analogicznych badań w obrębie *S. purpurea* (artykuł naukowy A.8 w **zał. 4, pkt II.4** oraz w **zał. 6**) poziom podobieństwa genetycznego badanych genotypów w przypadku *S. viminalis* był na nieznacznie niższym poziomie. Wartości współczynnika dystansu genetycznego Nei'a wykorzystano w pracy do konstrukcji dendrogramu (UPGMA), który posłużył do wyboru odpowiednich genotypów wykorzystanych w kolejnych latach jako materiały w hodowli twórczej *S. viminalis*. Kontynuacja prac nad wsparciem procesów hodowlanych wierzby technikami molekularnymi skutkowała moim udziałem jako wykonawcy w projekcie naukowym własnym nr N N310 116438 (projekt P.2 w **zał. 4, pkt II.9** oraz **zał. 6**) kierowanym przez dr hab. J. Przyborowskiego, prof. UWM: „Identyfikacja loci podstawowych cech plonotwórczych biomasy *Salix* spp. oraz odporności na rdzę (*Melampsora epitea*)”. Najważniejsze osiągnięcia i wyniki przeprowadzonych w ramach projektu badań zawarto w artykule naukowym „Identification of quantitative trait loci conditioning the main biomass yield components and resistance to *Melampsora* spp. in *Salix viminalis* x *Salix schwerinii* hybrids” (artykuł naukowy A.15 w **zał. 4, pkt II.4** oraz w **zał. 6**). Zarówno dane literaturowe, jak i obserwacje własne wskazują na znaczne różnice w produktywności oraz odporności na rdzę liściową w obrębie poszczególnych gatunków wierzby, a także między gatunkami. Stwarza to możliwości poprawy parametrów plonowania oraz

odporności roślin wierzby poprzez dobór odpowiednich rekombinantów, który może być wspierany zastosowaniem technik molekularnych. Celem przeprowadzonych badań własnych była identyfikacja loci cech ilościowych (QTL) powiązanych z cechami związanymi z plonem biomasy oraz odpornością/podatnością roślin *Salix* na rdzę liściową. Materiał doświadczalny obejmował populację mapującą wyprowadzoną z pomocą kultur *in vitro* i obejmującą rośliny mieszańcowe *S. viminalis* × *S. schwerinii*. Fenotypowanie przeprowadzono na roślinach rosnących w doświadczeniu polowym, założonym w zbalansowanych niekompletnych blokach z 10 powtórzeniami. Na podstawie skonstruowanej przez autorów mapy genetycznej zidentyfikowano 11 QTLi dla wysokości rośliny, 9 dla średnicy pędu, 3 dla liczby pędów na roślinie oraz 11 dla odporności/podatności na rdzę liściową. Należy w tym miejscu podkreślić, że był to istotny wkład w rozwój programów hodowli wierzby oraz badań nad uprawami wierzby uprawianej na cele energetyczne. Należy w tym miejscu też uzupełnić, że wstępne wyniki badań nad konstrukcją mapy genetycznej *Salix* zostały przedstawione w naszym wcześniejszym artykule naukowym (artykuł naukowy A.11 w **zał. 4, pkt II.4** oraz w **zał. 6**). Jednocześnie coraz większe doświadczenie oraz wiedza z zakresu wykorzystania różnych systemów markerowych w procesach hodowlanych pozwoliły na napisanie dwóch rozdziałów w monografiach wieloautorskich, w których obszernie został przedstawiony aktualny stan wiedzy naukowej oraz zarys badań prowadzonych w zakresie hodowli wysokoprodukcyjnych odmian wierzby z zastosowaniem różnych technik molekularnych (rozdział monografii RM.2 w **zał. 4, pkt II.2** oraz w **zał. 6**). Rozdział w monografii RM.2 miał dodatkowo związek z pracami prowadzonymi wspólnie z dr hab. Jerzym Przyborowskim, prof. UWM w ramach realizacji podetapu „Hodowla wysoko-produkcyjnych klonów wierzby oraz mieszańców wierzby“ w projekcie współfinansowanym przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju (NCBiR) w latach 2010-2015 (projekt P.3 w **zał. 4, pkt II.9** oraz w **zał. 6**).

Ważnym etapem w moim rozwoju naukowym było podjęcie współpracy z zespołem badawczym kierowanym przez prof. dr hab. Agnieszkę Pszczółkowską (Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie), co zaowocowało kolejnym znaczącym osiągnięciem naukowo-badawczym. W pracy, opublikowanej w czasopiśmie *Plant Disease* (artykuł naukowy A.16 w **zał. 4, pkt II.4** oraz w **zał. 6**), po raz pierwszy w historii przedstawiliśmy raport dokumentujący obecność czynnika chorobotwórczego wywołującego antraknozę wierzby w Polsce. W trakcie obserwacji doświadczeń polowych na niektórych genotypach wierzby zaobserwowano charakterystyczne objawy, tzn. martwicę pędów głównych, brązowe do czarnych przebarwień kory oraz postępującą martwicę pędów położonych powyżej porażenia. Z pobranych z zainfekowanych roślin próbek otrzymano w warunkach *in vitro* kolonie grzybów, które zidentyfikowano na podstawie ich cech morfologicznych oraz potwierdzono tożsamość taksonomiczną patogenu z wykorzystaniem metody sekwencjonowania NGS (NextGeneration Sequencing). Dodatkowo patogeniczność izolatów SP17/2016 potwierdzono w doświadczeniu szklarniowym, w którym pierwsze objawy chorobowe (nekrozy) na pędach zdrowych roślin obserwowano po około

7 dniach od porażenia doświadczalnego. Efektem wymiernym było również zamieszczenie w bazie danych NCBI (National Center for Biotechnology Information) sekwencji nukleotydowych kompletnego genomu mitochondrialnego *Colletotrichum salicis* (33950 bp; GenBank: KY774449.1 – sekwencje nukleotydowe S.1 w **zał. 4, pkt III.3**) oraz 30 sekwencji nukleotydowych *Colletotrichum salicis*. (NCBI Reference Sequence: od YP_009408810 do YP_009408824 oraz od ASL05771 do ASL05785 – sekwencje nukleotydowe S.2 w **zał. 4, pkt III.3**). Zdeponowane dane molekularne mogą zostać wykorzystane do opracowania ważnych narzędzi diagnostycznych służących do identyfikacji *Colletotrichum salicis*. Metody tego typu mogą być stosowane zarówno na wielu etapach hodowlanych, jak i w przypadku uprawy wierzby na gruntach ornych.

Do kolejnych osiągnięć naukowo – badawczych po uzyskaniu stopnia doktora zaliczyć można badania nad **(3) charakterystyką oraz oceną potencjału materiałów hodowlanych mieszańców międzygatunkowych *Salix viminalis* × *Populus tremula*, (4) zastosowaniem wieloczynnikowych układów doświadczalnych opartych na planach ułamkowych w badaniach polowych oraz (5) wpływem zastosowania odpadów pochodzenia roślinnego jako wypełniaczy w biokompozytach polimerowych**. Interesujący wątek prowadzonych badań został opublikowany w czasopiśmie *Industrial Crops and Products* (artykuł naukowy A.13 w **zał. 4, pkt II.4** oraz w **zał. 6**). W ramach wspólnych badań z Zakładem Botaniki Ogólnej UAM w Poznaniu oraz Instytutem Genetyki Roślin w Poznaniu (projekt MNiSW o nr R 1206103) przedstawiono w pracy charakterystykę czterech mieszańców międzyrodzajowych *Salix viminalis* × *Populus tremula*, wyhodowanych po raz pierwszy na świecie i ocenianych w trzyletnim doświadczeniu polowym. Określono masę pędów na roślinie oraz główne składowe plonu biomasy. Oceniono również nasilenie infekcji spowodowanej przez rdzę liściową (*Melampsora* sp.). Biomasa trzyletnich roślin mieszańcowych poddano analizom chemicznym oraz badaniom kalorymetrycznym w celu określenia wartości energetycznej biomasy jako paliwa stałego. Spośród badanych mieszańców najwyższy plon osiągnął genotyp SxP3, który wyróżniał się również pozostałymi parametrami plonotwórczymi. Wszystkie analizowane w pracy mieszańce były bardziej podatne na rdzę niż ich forma mateczna. Dwa mieszańce międzyrodzajowe charakteryzowały się optymalnymi parametrami biomasy zarówno pod względem kaloryczności, jak i ilości węgla, wodoru, siarki i azotu.

Głównym ograniczeniem szerszego wykorzystania planów czynnikowych lub ułamkowych w rolniczej praktyce doświadczalnej jest problem skutecznej kontroli zmienności gleby występującej w zakładanych doświadczeniach polowych. W pracy zrealizowanej wspólnie z zespołem prof. dr hab. Janusza Gołaszewskiego (artykuł naukowy A.9 w **zał. 4, pkt II.4** oraz w **zał. 6**) sprawdzona została przydatności wybranych cech gleby oraz roślin do oceny zmienności przestrzennej pola doświadczalnego oraz wykazano możliwości zwiększenia efektywności wykorzystania

układów doświadczalnych z planami ułamkowymi w badaniach polowych z dużą liczbą analizowanych obiektów.

W wyniku współpracy podjętej z Instytutem Technologii Materiałów Politechniki Poznańskiej oraz Katedrą Technologii Polimerów Politechniki Gdańskiej wykonano serię badań, w których testowano wpływ zastosowania odpadów lignocelulozowych jako wypełniaczy kompozytów polimerowych na biodegradację otrzymanych biokompozytów w glebie (artykuł naukowy A.17 w *zał. 4, pkt II.4* oraz w *zał. 6*). W tym celu przygotowano trwałe biokompozyty na bazie biopolimerów Mater-Bi wypełnionych młótem browarnianym modyfikowanym termomechanicznie i chemicznie. Następnie biokompozyty testowano obserwując ich biodegradację w glebie. Uzyskane wyniki wskazują, że zastosowane rozwiązanie sprzyja degradacji w glebie, a jej tempo może być modyfikowane poprzez opracowanie sposobu traktowania biowypełniaczem (artykuł naukowy w czasopiśmie *Waste Management*). W ramach współpracy badano również wpływ mieszania polimerów pochodzenia biologicznego lub biodegradowalnych i wypełniania ich wypełniaczami pochodzenia roślinnego na właściwości skrobi termoplastycznej (artykuł naukowy A.18 w *zał. 4, pkt II.4* oraz w *zał. 6*). Wykorzystanie odpadów pochodzenia rolniczego takie, jak młóto browarniane zwiększyły stabilność termiczną matrycy w warunkach utleniających, usprawniło krystalizację frakcji Mater-Bi poprawiając właściwości mechaniczne i skracając ich czas przetwarzania. W zależności od wybranej obróbki, przetwarzania i właściwości reologicznych wypełniacza odpadowego można poprawić stabilność termiczną lub adhezję międzyfazową kompozytów. Ponadto wygląd materiałów końcowych można było regulować poprzez dobór wypełniacza (artykuł naukowy w czasopiśmie *Materials*).

Należy wspomnieć, że oprócz opisanych powyżej osiągnięć naukowo – badawczych jestem współautorem ośmiu odmian wierzby (w przypadku pięciu odmian jako pierwszy autor oraz osoba zgłaszająca odmianę do rejestracji), w tym czterech odmian wierzby purpurowej: *Salix purpurea* BONA (nr wpisu do Księgi Ochrony: O 2211 – odmiana O.1 w *zał. 4, pkt III.3* oraz w *zał. 6*) (*Salix purpurea* CORTEXA (O 2369 – odmiana O.4 w *zał. 4, pkt III.3* oraz w *zał. 6*), *Salix purpurea* ASPI (O 2370 – odmiana O.7 w *zał. 4, pkt III.3* oraz w *zał. 6*), *Salix purpurea* ASPIRA (O 2459 – odmiana O.8 w *zał. 4, pkt III.3* oraz w *zał. 6*); trzech odmian wierzby wiciowej: *Salix viminalis* ŻUBR (O 2324 – odmiana O.2 w *zał. 4, pkt III.3* oraz w *zał. 6*), *Salix viminalis* EKOTUR (O 2325 – odmiana O.3 w *zał. 4, pkt III.3* oraz w *zał. 6*), *Salix viminalis* VIVA (O 2372 – odmiana O.5 w *zał. 4, pkt III.3* oraz w *zał. 6*) oraz jednej odmiany mieszańca międzygatunkowego *Salix dasyclados* x *Salix viminalis* DELTA (O 2371 – odmiana O.6 w *zał. 4, pkt III.3* oraz w *zał. 6*). Wszystkie odmiany posiadają potencjał aplikacyjny i komercjalizacyjny, a kilka z nich było objętych pracami przedwdrożeniowymi (projekt P.5 oraz P.6 w *zał. 4, pkt II.15* oraz w *zał. 6*) i są obecnie wykorzystywane przez firmy zewnętrzne (umowy U.1 – U.4 w *zał. 4, pkt III.4*).

Moja działalność dotycząca **komercjalizacji wyników badań naukowych związanych przede wszystkim z wykorzystaniem kory wierzby purpurowej do celów farmaceutycznych oraz pokrewnych**. W tym zakresie pierwsze kroki zrobiłem biorąc udział w programie szkoleniowym "INNOWACJE z Warmii i Mazur" nr POKL.08.02.01-28-039/11, w którym uczestniczyłem w okresie od 14.12.2012 do 24.04.2013 (zaświadczenie Z.3 w *zał. 6*). Udział w programie zapewnił mi wstępną wiedzę o komercjalizacji, umożliwił przygotowanie odpowiedniej dokumentacji, w tym między innymi profesjonalnego biznesplanu. Zaproponowane przeze mnie, w ramach uczestnictwa w programie, rozwiązanie znalazło uznanie w ocenie specjalistów, dzięki czemu uczestniczyłem w projekcie we wszystkich jego etapach i finalnie znalazłem się w pierwszej trójce pomysłodawców, którzy przedstawili swoje biznesplany przed potencjalnymi inwestorami. Następnie, po przyznaniu przez COBORU w roku 2017 wyłącznego prawa hodowcy do odmiany *Salix purpurea* ASPI (odmiana O.7 w *zał. 4, pkt III.3* oraz w *zał. 6*), uczestniczyłem w roku 2018 jako **kierownik i wykonawca prac przedwdrożeniowych „Zwiększenie potencjału wdrożeniowego odmiany ASPI (wierzba purpurowa, *Salix purpurea* L.)”** realizowanych w ramach programu „Inkubator Innowacyjności plus” w projekcie „Wsparcie zarządzania badaniami naukowymi i komercjalizacja wyników prac B+R w jednostkach naukowych i przedsiębiorstwach” (projekt P.5 w *zał. 4, pkt II.9*). W wyniku przeprowadzonych prac wspólnie ze współautorami (dr hab. Jerzy Przyborowski, prof. UWM, mgr inż. Anna Kuszewska) zaproponowaliśmy kompleksową technologię produkcji surowca farmaceutycznego w formie kory wierzby purpurowej odmiany ASPI o wysokich parametrach jakościowych i ilościowych, bezpośrednio z kontrolowanych upraw prowadzonych na gruntach ornych (technologia T.1 w *zał. 4, pkt III.1*). **Wymiernym efektem wykonanych prac przedwdrożeniowych była komercjalizacja uzyskanych wyników poprzez podpisanie umowy licencyjnej z firmą *BioPoint M.Jankowski M.Niewiadomska sp. jawna* na zakup sadzonek oraz surowca zielarskiego odmiany ASPI w dniu 8 kwietnia 2021 roku na okres trzech lat** (umowa U.1 w *zał. 4, pkt III.2*). Współpraca z firmą *BioPoint* skutkuje roczną sprzedażą sadzonek oraz surowca zielarskiego odmiany ASPI (umowy U.2, U.3, U.4 w *zał. 4, pkt III.2*), które firma wykorzystuje w rozwiązaniach skoncentrowanych na podnoszeniu efektywności opracowanej przez firmę technologii chowu drobiu poprzez stosowanie preparatów bez dodatku antybiotyków. W latach 2022-23 ponownie byłem **kierownikiem i wykonawcą prac przedwdrożeniowych „Przygotowanie ukierunkowanej metody zbioru surowca zielarskiego wierzby purpurowej (*Salix purpurea* L.) oraz opracowanie metody identyfikacji odmian za pomocą markerów DNA”** realizowanych w ramach kolejnej edycji programu „Inkubator Innowacyjności 4.0” projektu „Wsparcie zarządzania badaniami naukowymi i komercjalizacja wyników prac B+R w jednostkach naukowych i przedsiębiorstwach” (projekt P.6 w *zał. 4, pkt II.9* oraz w *zał. 6*). Opracowane wspólnie z dr hab. Jerzym Przyborowskim, prof. UWM oraz mgr Olgą Kulpanowską rozwiązanie stanowi potencjał komercjalizacyjny, który postaramy się w kolejnych latach wykorzystać. W trakcie prowadzenia działań związanych

z komercjalizacją wyników prac badawczych zostałem powołany na funkcję kierownika i głównego wykonawcy realizowanego w Uniwersytecie Warmińsko-Mazurskim w Olsztynie tematu badawczo-usługowego pod tytułem „Prace badawczo-rozwojowe w hodowli wierzby powiązane z komercjalizacją odmian” (projekt P.16 w *zał. 4, pkt II.15*), który obecnie jest w trakcie realizacji.

Równoległe do prowadzonych przeze mnie prac badawczych i rozwojowych przejawiam duże zainteresowanie rozwojem i aktualnymi możliwościami praktycznego zastosowania preparatów leczniczych produkowanych z kory wierzby do celów farmaceutycznych i pokrewnych. Część z tych zainteresowań dotycząca możliwości wykorzystania kory wierzby purpurowej jako surowca zielarskiego stosowanego w produkcji preparatów wykorzystywanych w leczeniu zapalenia stawów i chorób o podłożu reumatycznym została opisana w rozdziale drugiego wydania uznanej monografii wieloautorskiej pt. „Bioactive food as dietary interventions for arthritis and related inflammatory diseases” opublikowanej przez Academic Press (rozdział monografii RM.3 w *zał. 4, pkt II.2* oraz w *zał. 6*). Po uzyskaniu stopnia doktora byłem jeszcze współautorem 22 posterów lub wystąpień konferencyjnych (materiały konferencyjne K.3 – K.24 w *zał. 4, pkt II.7*). Realizacja opisanych powyżej osiągnięć naukowych w okresie po uzyskaniu stopnia doktora była możliwa dzięki uczestniczeniu w zespołach badawczych realizujących projekty naukowe (projekty P.1 – P.4 w *zał. 4, pkt II.9* oraz *zał. 6*), badawczo rozwojowe (projekty P.5 – P.6 w *zał. 4, pkt II.9* oraz *zał. 6*), badawczo usługowe (projekt P.16 w *zał. 4, pkt II.15* oraz *zał. 6*) oraz zadania badawcze w projektach finansowanych z działalności statutowej (projekty P.9 – P.15 w *zał. 4, pkt II.15*), a także odbycie trzech staży naukowych (dwóch trzymiesięcznych zagranicznych staży naukowych: SN.1 i SN.3 oraz tygodniowego krajowego stażu naukowego SN.2 – w *zał. 4, pkt II.11* oraz w *zał. 6*).

4.5 Informacje naukometryczne

Mój całkowity dorobek naukowy obejmuje 18 oryginalnych artykułów naukowych (*zał. 4, pkt II.4* oraz w *zał. 5* i *zał.6*), 3 rozdziały w monografiach wieloautorskich (*zał. 4, pkt II.2* oraz w *zał.6*), 16 udziałów w zespołach badawczych realizujących projekty naukowe lub badawczo-rozwojowe (*zał. 4, pkt II.9* oraz *pkt II.15*), 24 udziały w konferencjach naukowych w formie wystąpień lub posterów (*zał. 4, pkt II.7*), 8 wyłącznych praw do odmian roślin udzielonych przez COBORU (*zał. 4, pkt III.3* oraz w *zał.6*), 31 sekwencji nukleotydowych zamieszczonych w bazie NCBI oraz 7 recenzji artykułów naukowych w czasopismach z IF (*zał. 4, pkt III.13*; tab. 1).

Tabela 1. Liczbowe zestawienie opublikowanego dorobku naukowego według rodzaju publikacji/wzoru użytkowego/projektu (zgodnie z rokiem opublikowania)

dorobek naukowy		przed uzyskaniem stopnia doktora		po uzyskaniu stopnia doktora		łącznie	
		liczba	IF	liczba	IF	liczba	IF
artykuły naukowe z IF opublikowane w czasopismach uwzględnionych w <i>Journal Citation Report (JCR)</i>	cykl artykułów	–	–	4	15,117	4	15,117
	pozostałe artykuły	–	–	8	26,142	8	26,142
	łącznie	–	–	12	41,259	12	41,259
artykuły naukowe w czasopismach spoza listy JCR		3 ¹	–	3	–	6	–
łącznie artykuły naukowe		3¹	–	15	41,259	18	41,259
punkty MNiSW/MEiN		7,5		817		830,5	
rozdziały w monografiach wieloautorskich		1		2		3	
wystąpienia, postery i komunikaty konferencyjne		2		22		24	
wyłączne prawa do odmian roślin udzielone przez COBORU		0		8		8	
sekwencje nukleotydowe zamieszczone w bazie NCBI		0		31		31	
recenzje artykułów naukowych w czasopismach z IF		0		7		7	
udział w projektach naukowych finansowanych ze źródeł zewnętrznych (w tym w roli kierownika)		0(0)		4(1)		4(1)	
udział w projektach badawczo-rozwojowych (w tym w roli kierownika)		0(0)		3(3)		3(3)	
udział w realizacji zadań badawczych w ramach projektów finansowanych z działalności statutowej		2		7		9	
liczba z całego dorobku naukowego		8		99		107	
suma punktów MNiSW/MEiN z całego dorobku naukowego		13,5		1162 (817 + 60 + 285)		1175,5	

¹ liczba obejmuje również dwa artykuły naukowe A.6 i A.7 opublikowane po roku 2004 (rok uzyskania stopnia doktora), lecz zawierające wyniki badań uzyskanych w trakcie przygotowywania rozprawy doktorskiej

Jestem współautorem 12 oryginalnych artykułów naukowych w czasopismach z listy Journal Citation Report (JCR), z czego w 7 artykułach jestem pierwszym lub korespondencyjnym autorem. Sumaryczny Impact Factor opublikowanych prac wynosi 41,259 i został on wyliczony zgodnie z rokiem opublikowania publikacji (tab. 1, tab. 2). Łącznie moje wszystkie artykuły naukowe były publikowane w 13 czasopismach naukowych, z czego w 8 czasopismach z listy JCR i posiadających współczynnik IF (tab. 2).

Tabela 2. Zestawienie danych naukometrycznych czasopism naukowych, w których opublikowano artykuły wymienione w autoreferacie

nazwa czasopisma	liczba publikacji	sumaryczny IF	suma punktów MNiSW/MEiN
Industrial Crops and Products	3	11,424	72 / 200
International Journal of Molecular Sciences	3	9,413	0 / 90
Waste Management	1	8,100	0 / 200
Plant Disease	1	3,583	35 / 0
Materials	1	3,400	0 / 140
Fitoterapia	1	2,642	30 / 0
Crop Science	1	1,735	20 / 0
Acta Biologica Cracoviensis Series Botanica	1	0,662	20 / 0
Zeszyty Problemowe Postępów Nauk Roln.	2	–	12 / 0
Herba Polonica	1	–	3 / 0
Electronic Journal of Polish Agricultural Universities (EJPAU)	1	–	4 / 0
Fragmenta Agronomica	1	–	4 / 0
Wiadomości Zielarskie	1	–	0,5 / 0
łącznie	18	41,259	830,5

W bazie *Web of Science* mój indywidualny Index Hirsch'a wynosi 6, a łączna liczba cytowań – 106 (tab. 3; dane na dzień 7.09.2023). Z kolei liczba punktów według punktacji Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego/Ministerstwa Edukacji i Nauki wyniosła łącznie 1175,5 (zgodnie z rokiem publikacji: 640 pkt. wg nowej punktacji MEiN + 535,5 pkt. wg starej punktacji MNiSW, tab.1), w której uwzględniono punktację za osiągnięcia naukowe prezentowane w formie artykułów naukowych (830,5 pkt., z czego 540 pkt. wg nowej punktacji MEiN + 290,5 pkt. wg starej

punktacji MNiSW), rozdziałów w monografiach wieloautorskich (60 pkt., z czego 50 pkt. wg nowej punktacji MEiN + 10 pkt. wg starej punktacji MNiSW), wzorów użytkowych (285 pkt., z czego 50 pkt. wg nowej punktacji MEiN + 235 pkt. wg starej punktacji MNiSW). W trakcie całej kariery naukowej uczestniczyłem w realizacji 6 projektów naukowych lub badawczo-rozwojowych, finansowanych ze źródeł zewnętrznych, z czego w 3 pełniłem funkcję kierownika projektu (*zał. 4, pkt II.9*). Uczestniczyłem również w realizacji 9 kilkuletnich zadań badawczych w ramach tematów naukowych finansowanych z działalności statutowej oraz jestem obecnie kierownikiem wewnętrznego projektu badawczo-usługowego (*zał. 4, pkt II.15*).

Tabela 3. Dane naukometryczne dotyczące publikacji naukowych w zależności od naukometrycznej bazy danych

współczynnik/baza danych	<i>Web of Science</i>	<i>Scopus</i>	<i>Google Scholar</i>
sumaryczna liczba cytowań (bez autocytowań)	106 (89)	117 (97)	257
średnia liczba cytowań w przeliczeniu na publikację	8,83 (7,42)	9,75 (8,08)	13,53
indeks Hirscha	6	6	10

* baza *Google Scholar* jako jedyna w tym zestawieniu uwzględnia zarówno artykuły naukowe z listy JCR, spoza listy JCR oraz niektóre rozdziały w monografii (w tym przypadku łącznie 19 pozycji)

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

W trakcie mojej pracy naukowej wykazywałem się istotną aktywnością naukową, która realizowana była w więcej niż jednej uczelni lub instytucji naukowej, a w tym również w ramach podejmowanej przeze mnie osobiście lub zespołowo współpracy zagranicznej. Do najważniejszej aktywności zaliczyć należy realizację dwóch zagranicznych staży naukowych (staże naukowe SN.1 oraz SN.3 w *zał. 4, pkt II.11* oraz w *zał. 6*), jednego krajowego stażu naukowego (staż naukowy SN.2 w *zał. 4, pkt II.11* oraz w *zał. 6*), współdziałania w kilku wieloautorskich projektach badawczych (projekty P.1 – P.4 *zał. 4, pkt II.9* oraz w *zał. 6*) oraz artykułach naukowych (*zał. 4, pkt II.4* oraz w *zał. 5* i *zał. 6*).

Pierwszą ważną współpracę naukową realizowaną w więcej niż jednej jednostce podjąłem w roku 2009 w ramach realizacji projektu badawczego własnego "Ocena przydatności genotypów *Salix purpurea* L. pochodzących ze stanowisk naturalnych do hodowli odmian o podwyższonej zawartości glikozydów salicylowych w korze" (projekt NCN o nr N N310 088337 – projekt badawczy P.1 w **zał. 4, pkt II.9** oraz w **zał. 6**), w którym pełniłem funkcję kierownika. Projekt został zrealizowany we współpracy z **prof. dr hab. Mirosławą Krauze-Baranowską reprezentującą Katedrę i Zakład Farmakognozji (Akademia Medyczna w Gdańsku; Wydział Farmaceutyczny z Oddziałem Medycyny Laboratoryjnej)**. Wspólne badania dotyczyły przede wszystkim analizy spektrum występowania i zawartości poszczególnych glikozydów salicylowych w korze roślin *Salix purpurea* rosnących w warunkach naturalnych. W ramach współpracy powstał artykuł naukowy A.3 (**zał. 4, pkt I; zał. 5**), który został opisany w autoreferacie w podrozdziałach 4.1-4.3 i ujęty w składzie osiągnięcia naukowego stanowiącego cykl powiązanych tematycznie artykułów naukowych zgodnie z art. 219 ust. 1. pkt 2b ustawy.

Następna istotna aktywność naukowa realizowana w więcej niż jednej uczelni dotyczyła współpracy z **prof. dr hab. Małgorzatą Jędryczką z Instytutu Genetyki Roślin PAN w Poznaniu**. Zrealizowany w latach 2010-2013 projekt badawczy własny „Identyfikacja loci podstawowych cech plonotwórczych biomasy *Salix* spp. oraz odporności na rdzę (*Melampsora epitea*)” (projekt NCN o nr N N310 116438 – projekt badawczy P.2 w **zał. 4, pkt II.9; zał.6**) skutkowało dwoma wspólnymi artykułami naukowymi oraz jednym posterem na konferencji międzynarodowej. Wstępne wyniki badań nad tworzeniem mapy genetycznej *Salix* zaprezentowane zostały w trakcie międzynarodowej konferencji naukowej Plant Genetics and Breeding Technologies, która w roku 2013 organizowana była w Wiedniu (Austria) – materiały konferencyjne K.11 (**zał. 4, pkt II.7**) oraz w artykule naukowym A.11 (opisany w podrozdziale 4.4.2; **zał. 4, pkt II.4; zał. 6**). Następnie w artykule naukowym A.15 (opisany w podrozdziale 4.4.2; **zał. 4, pkt II.4; zał. 6**) zaprezentowana została finalna wersja mapy genetycznej wraz ze wskazaniem zidentyfikowanych QTL’i dla podstawowych cech plonotwórczych biomasy oraz dla odporności na rdzę. Z kolei w artykule naukowym A.13 (opisany w podrozdziale 4.4.2; **zał. 4, pkt II.4; zał. 6**) oceniono potencjał plonotwórczy oraz zaprezentowano charakterystykę cech fizykochemicznych biomasy mieszańców międzyrodzajowych *Salix viminalis* × *Populus tremula*.

W roku 2011, w ramach międzynarodowej współpracy naukowej nawiązanej przez zespół dr hab. Jerzego Przyborowskiego, prof. UWM, którego byłem i jestem obecnie członkiem, z dr. Andrzejem Kilianem, założycielem i właścicielem firmy biotechnologicznej Diversity Arrays Technology Pty Ltd (Canberra, Australia), wykonano analizy molekularne genotypów różnych gatunków wierzby z kolekcji Katedry Hodowli Roślin i Nasiennictwa Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie. W trakcie przeprowadzonych wspólnie badań opracowano podstawowe warunki zastosowania metody DArT dla rodzaju *Salix*, wykazano skuteczność stosowania markerów DArT w identyfikacji gatunkowej wierzby oraz

określono zróżnicowanie genetyczne w obrębie *Salix*. Wstępne wyniki badań zaprezentowano w trakcie międzynarodowej konferencji naukowej Plant Genetics and Breeding Technologies, która w roku 2013 organizowana była w Wiedniu (Austria) – materiały konferencyjne K.10 (*zał. 4, pkt II.7*). Następnie najważniejsze odkrycia naukowe opublikowano w opisywanym wcześniej w autoreferacie w podrozdziałach 4.1-4.3 artykule naukowym A.1 (*zał. 4, pkt I; zał. 5*), który wchodzi w skład osiągnięcia naukowego stanowiącego cykl powiązanych tematycznie artykułów naukowych zgodnie z art. 219 ust. 1. pkt 2b ustawy. Pozostałe wyniki przedstawiono na międzynarodowej konferencji naukowej “Biorefinery – Biobased Value Chains and Sustainable Development” (The 4th International Environmental Best Practices Conference, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski, Olsztyn – materiały konferencyjne K.13 w *zał. 4, pkt II.7*) oraz na krajowej konferencji naukowej „Biologia i ekologia roślin drzewiastych” (Instytut Dendrologii PAN, Kórnik-Poznań – materiały konferencyjne K.15 w *zał. 4, pkt II.7*). We wszystkich opisanych publikacjach współautorem ze strony Diversity Arrays Technology był dr Andrzej Kilian.

Równoległe do współpracy z Diversity Arrays Technology zrealizowałem swój pierwszy, **zagraniczny, trzymiesięczny staż naukowy (w terminie od 1 lutego do 30 kwietnia 2012 roku) w Georg-August Universität in Göttingen (Getynga, Niemcy)** – staż naukowy SN.1 (*zał. 4, pkt II.11; zał. 6*). Wyjazd stażowy był możliwy dzięki uzyskanemu przeze mnie stypendium DAAD (Deutscher Akademischer Austauschdienst), dofinansowaniu przez UWM w Olsztynie oraz dzięki zaproszeniu i opiece merytorycznej **prof. dr. hab. Reinera Finkeldey’a**. W trakcie stażu realizowanego głównie w Büsgen-Institut, który w trakcie mojego pobytu wchodził w skład Katedry Genetyki Leśnej i Hodowli Roślin Leśnych), przeprowadziłem badania nt. „Oceny zróżnicowania genetycznego materiałów hodowlanych *Salix purpurea* za pomocą markerów AFLP oraz SSR”. W trakcie stażu uczestniczyłem aktywnie w wielu seminariach naukowych organizowanych cyklicznie przez Büsgen-Institut. Na jednym z nich wygłosiłem w języku niemieckim własny wykład na temat „Beurteilung der genetischen Differenzierung von *Salix purpurea* aus natürlichen Beständen mithilfe von AFLP- und SSR-Markern”, który odbył się 19 kwietnia 2012 roku (materiały konferencyjne K.8 w *zał. 4, pkt II.7*). Współpraca z pracownikami naukowymi Büsgen-Institut skutkowałą wspólnym przygotowaniem oraz opublikowaniem wyników badań przeprowadzonych częściowo w instytucie niemieckim w formie artykułu naukowego A.2 (*zał. 4, pkt I; zał. 5*), który wchodzi w skład osiągnięcia naukowego stanowiącego cykl powiązanych tematycznie artykułów naukowych zgodnie z art. 219 ust. 1. pkt 2b ustawy oraz został opisany w autoreferacie w podrozdziałach 4.1-4.3. Współautorką artykułu była dr Kathleen Prinz, która w czasie mojego stażu była pracownikiem Büsgen-Institut. Dodatkowo wspólnie z prof. dr. Reiner’em Finkeldey’em oraz dr. hab. Jerzym Przyborowskim przygotowaliśmy opracowanie wyników z wykorzystaniem analizy AFLP, które przedstawiliśmy w formie posteru – materiały konferencyjne K.9 (*zał. 4, pkt II.7*).

W ramach kontynuowanej współpracy naukowej z **Instytutem Genetyki Roślin PAN w Poznaniu od roku 2015 podjęliśmy działania wspólnie z dr. inż. Jorge'm Paivą** w kierunku przeprowadzenia badań nad molekularną i genetyczną regulacją kluczowych genów zaangażowanych w produkcję poszczególnych glikozydów salicylowych (SG) w korze roślin *S. purpurea*. W tym celu z wykorzystaniem kultur in vitro wyprowadzone zostały w naszej Pracowni Biotechnologii Roślin populacje mapujące *S. purpurea* oraz wspólnie został przygotowany wniosek o dofinansowanie projektu badawczego o tytule „BitterPurple - molecular and genetic determinism of the biosynthesis of salicylic glycosides in *Salix purpurea* L.”. Niestety, pomimo trzykrotnego wnioskowania o dofinansowanie badań w NCN oraz trzykrotnie uzyskanych pozytywnych recenzji nie udało nam się uzyskać wsparcia finansowego na realizację zaproponowanych przez nas badań. Mimo wszystko współpraca z IGR w Poznaniu była w dalszym ciągu kontynuowana. **W roku 2017 na zaproszenie prof. dr. hab. Jorge'a Paivy odbyłem krajowy, tygodniowy staż naukowy** (staż naukowy SN.2 w *zał. 4, pkt II.11; zał.6*) w laboratoriach instytutu IGR w Poznaniu w celu przeprowadzenia wspólnych badań w zakresie „Analizy ekspresji genów związanych z metabolizmem *Salix purpurea*”. Współpraca skutkowałą pięcioma wystąpieniami na konferencjach (materiały konferencyjne K.17 – K.20 oraz K.23 w *zał. 4, pkt II.7*), z czego trzy były prowadzone w języku angielskim. Najważniejsze wyniki przedstawione zostały na kongresie IUFRO 125th Anniversary Congress (Freiburg, Niemcy), gdzie omówiono identyfikację i charakterystykę metylotransferaz oraz demetylaz DNA u roślin *S. purpurea* jako gatunku modelowego do pozyskiwania produktów bioenergetycznych i fitofarmaceutycznych – materiały konferencyjne K.18 (*zał. 4, pkt II.7*). Aktualnie powstaje wspólna publikacja, która dotyczyć będzie wpływu zebularyny na pamięć epigenetyczną ekspresji genów związanych z powstawaniem wtórnej ściany komórkowej, co będzie stanowić podstawę do badania epigenetycznej regulacji wytwarzania drewna u roślin *S. purpurea*.

W roku 2019 na zaproszenie prof. dr. hab. Matthias'a Fladung'a odbyłem swój drugi zagraniczny, trzymiesięczny staż naukowy (staż naukowy SN.3 w *zał. 4, pkt II.11; zał.6*) w **Thünen-Institut für Forstgenetik (Großhansdorf, Hamburg, Niemcy)**. W trakcie stażu poszerzyłem swoją wiedzę oraz praktyczne umiejętności wykorzystania nowoczesnych metod molekularnych opartych na nanoporowym sekwencjonowaniu DNA. Dzięki zastosowaniu nowoczesnej technologii sekwencjonowania nanoporowego Oxford Nanopore Technologies z wykorzystaniem przenośnego sekwenatora MinION zsekwencjonowałem podczas stażu genomy form rodzicielskich wspomnianych w poprzednim akapicie populacji mapujących *S. purpurea*. Uzyskane dane sekwencyjne zostały wykorzystane do prowadzenia badań nad zmiennością strukturalną materiału genetycznego *S. purpurea*. Kontynuowane obecnie analizy są na finalnym etapie i zostaną wykorzystane do przygotowania artykułu naukowego oraz w dalszych badaniach populacji mapującej *S. purpurea*. Podczas stażu naukowego uczestniczyłem aktywnie w wielu seminariach naukowych organizowanych cyklicznie przez Thünen-Institut. Na jednym z nich wygłosiłem

w języku niemieckim własny wykład na temat „Züchtung und Anbau von Purpurweide (*Salix purpurea* L.) zur pharmazeutischen Verwendung”, który odbył się 9 października 2019 roku (materiały konferencyjne K.22 w *zał. 4, pkt II.7*). Poza tym 16 września 2019 roku uczestniczyłem w symposium oraz spotkaniu networkingowym organizowanym w Paryżu (Francja), gdzie miałem wystąpienie w języku angielskim na temat „*Salix* biomass as raw material for wood industry in front of climate change” (materiały konferencyjne K.21 w *zał. 4, pkt II.7*) oraz wziąłem udział w panelu dyskusyjnym, w którym poszukiwaliśmy możliwości współpracy w ramach wspólnego projektu międzynarodowych firm prywatnych oraz jednostek naukowych w programie na rzecz badań i innowacji – Horizon 2020 (zaświadczenie Z.4 w *zał. 6*).

Od roku 2021 rozpocząłem współpracę naukową z dr. hab. Mateuszem Barczewskim, prof. PP (Instytut Technologii Materiałów, Wydział Inżynierii Mechanicznej, Politechnika Poznańska) oraz dr. inż. Aleksandrem Hejną (Katedra Technologii Polimerów, Politechnika Gdańska). Współpraca dotyczy badań nad wykorzystaniem odpadów lignocelulozowych jako napełniaczy kompozytów polimerowych, na bazie których mogą być produkowane trwałe biokompozyty. Na chwilę obecną opublikowane zostały wyniki badań w dwóch artykułach naukowych A.14 oraz A.15 (opisane w podrozdziale 4.4.2; *zał. 4, pkt II.4;zał. 6*). Podjęta współpraca jest obecnie kontynuowana, a do tego niedawno została poszerzona o współpracę z **dr Kamilą Sałasinską (Wydział Inżynierii Materiałowej, Politechnika Warszawska)**, co zaowocowało uczestnictwem w tegorocznym XXV Symposium „KOMPOZYTY – teoria i praktyka” w Brennej, gdzie wygłoszony został wykład na temat „Układy uniepalniające na bazie składników roślinnych do zastosowania w nowym bio-polimerze” (materiały konferencyjne K.24 w *zał. 4, pkt II.7*). Przygotowywana jest obecnie wspólna publikacja oraz planowana jest kontynuacja badań w kolejnych latach.

Aktualnie uczestniczę również w **międzynarodowym projekcie naukowym „Developing intercropping systems with camelina to increase the yield and quality parameters of local underutilized crops (SCOOP)”, którego realizacja zaplanowana jest na lata 2021-2024** (projekt naukowy P.4 w *zał.4, pkt II.9;zał. 6*), co jest kolejną istotną aktywnością naukową w ramach podejmowanej przeze mnie współpracy zagranicznej. Partnerami do realizacji projektu SCOOP obok Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie są ponadto Alma Mater Studiorum – Università di Bologna (UNIBO, Bolonia, Włochy), Central Research Institute of Field Crops (CRIFIC, Ankara, Turcja), Italian Association of Organic Agriculture (AIAB, Włochy), Agricultural University Plovdiv (AUP, Płowdiw, Bułgaria) oraz firma Biosfera Sp. z o. o. (BIOSFERA, Olsztyn, Polska). Obecnie w ramach podjętej współpracy prowadzone są badania z zakresu analiz zróżnicowania genetycznego wspierających hodowlę roślin w rolnictwie ekologicznym, które będą stanowić podstawę realizacji jednego z zadań projektu oraz przyszłych publikacji naukowych.



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

Opisując działalność dydaktyczną należy podkreślić, że od początku mojej kariery naukowej prowadzę zajęcia w wymiarze przekraczającym pensum wymagane od pracownika badawczo-dydaktycznego zatrudnionego na stanowisku adiunkta i posiadającego stopień naukowy doktora (pensum obejmuje 240 godzin dydaktycznych w ciągu roku akademickiego). W każdym kolejnym roku akademickim przepracowałem średnio 302 godziny dydaktyczne, przy maksymalnej liczbie 388 godzin dydaktycznych w roku akademickim 2016/17. W trakcie mojej pracy dydaktycznej realizowałem zajęcia dydaktyczne z następujących przedmiotów:

przedmioty realizowane obecnie

- **genetyka roślin** (kierunek rolnictwo, I stopień, rok 2, semestr 3):
 - na studiach niestacjonarnych w pełnym wymiarze wszystkie zajęcia tzn. zarówno wszystkie zaplanowane w programie przedmiotu ćwiczenia laboratoryjne (16 zrealizowanych/16 godzin dydaktycznych zaplanowanych) łącznie z realizacją wszystkich zaliczeń w formie sprawdzianów, jak i wszystkie zaplanowane wykłady (12/12) łącznie z realizacją zaliczenia w formie egzaminu,
 - na studiach stacjonarnych w pełnym wymiarze ćwiczenia laboratoryjne (30/30) łącznie z realizacją wszystkich zaliczeń w formie sprawdzianów oraz pojedyncze wykłady (2/15);
- **agrobiotechnologie** (kierunek rolnictwo, II stopień, rok 1, semestr 2):
 - na studiach niestacjonarnych ćwiczenia laboratoryjne (14/16) łącznie z zaliczeniami w formie sprawozdań oraz wykłady (7/8) łącznie z zaliczeniem w formie egzaminu,
 - na studiach stacjonarnych ćwiczenia laboratoryjne (26/30) łącznie z zaliczeniami w formie sprawozdań;
- **genetyka z biotechnologią** (kierunek leśnictwo, I stopień, rok 2, semestr 3):
 - na studiach stacjonarnych w pełnym wymiarze ćwiczenia laboratoryjne (30/30) łącznie z zaliczeniami w formie sprawdzianów i sprawozdań oraz pojedyncze wykłady (2/15);

przedmioty realizowane w przeszłości

- **genetyka populacyjna i diagnostyka molekularna w leśnictwie** (kierunek ochrona środowiska, II stopień, rok 1, semestr 1):

- na studiach stacjonarnych ćwiczenia laboratoryjne (16/30) łącznie z zaliczeniami w formie sprawozdań oraz wykłady (8/15) łącznie z zaliczeniem w formie egzaminu z części dotyczącej genetyki populacyjnej w leśnictwie;
- **genetyka a środowisko** (kierunek ochrona środowiska, II stopień, rok 2, semestr 3):
 - na studiach stacjonarnych ćwiczenia laboratoryjne (22/30) łącznie z zaliczeniami w formie sprawdzianów oraz pojedyncze wykłady (2/15);
- **biotechnologia roślin / biotechnologia w ogrodnictwie** (kierunek ogrodnictwo, I stopień, rok 2, semestr 4):
 - na studiach stacjonarnych ćwiczenia laboratoryjne (18/28) łącznie z zaliczeniami w formie sprawozdań;
- **biologia molekularna** (kierunek ogrodnictwo, II stopień, rok 1, semestr 2):
 - na studiach stacjonarnych ćwiczenia laboratoryjne (30/30) łącznie z zaliczeniami w formie sprawozdań;
- **nasiennictwo** (kierunek rolnictwo, I stopień, rok 3, semestr 6):
 - na studiach niestacjonarnych ćwiczenia laboratoryjne (16/16) łącznie z zaliczeniami w formie sprawdzianów;
 - na studiach stacjonarnych ćwiczenia laboratoryjne (30/30) łącznie z zaliczeniami w formie sprawdzianów;
- **wykorzystanie roślin alternatywnych w ochronie środowiska** (kierunek ochrona środowiska, I stopień, rok 3, semestr 6):
 - na studiach niestacjonarnych ćwiczenia laboratoryjne (8/16) łącznie z zaliczeniami w formie sprawdzianów;
 - na studiach stacjonarnych ćwiczenia laboratoryjne (16/30) łącznie z zaliczeniami w formie sprawdzianów;
- **odnawialne źródła energii** (kierunek ochrona środowiska, II stopień, rok 1, semestr 2),
 - na studiach stacjonarnych ćwiczenia laboratoryjne (8/30) łącznie z zaliczeniami w formie sprawdzianów;
- **informatyka / techniki informatyczne** (różne kierunki: rolnictwo, ogrodnictwo, ochrona środowiska, architektura krajobrazu, I stopień, rok 1, semestr 1),
 - na studiach niestacjonarnych ćwiczenia laboratoryjne (6/16) łącznie z zaliczeniami w formie sprawdzianów,
 - na studiach stacjonarnych ćwiczenia laboratoryjne (10/30) łącznie z zaliczeniami w formie sprawdzianów;

- **programy komputerowe w rolnictwie** (kierunek rolnictwo, II stopień, rok 1, semestr 1).
 - na studiach stacjonarnych ćwiczenia laboratoryjne (6/30) łącznie z zaliczeniami w formie sprawdzianów.

Byłem również samodzielnym promotorem 25 prac inżynierskich oraz trzech prac magisterskich (wszystkie pozytywnie obronione przez dyplomantów). Zebrane przeze mnie doświadczenie dydaktyczne znalazło odzwierciedlenie w postaci przyznania ważnych dla mojego rozwoju zawodowego i osobistego nagród i wyróżnień. Wśród najważniejszych osiągnięć dydaktycznych w pierwszej kolejności wymienić należy **wyróżnienie przyznawane przez studentów oraz społeczność akademicką dla najlepszego nauczyciela akademickiego Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie (Wydział Kształtowania Środowiska i Rolnictwa – obecnie Wydział Rolnictwa i Leśnictwa), które uzyskałem w XIII edycji plebiscytu Belfer UWM w roku akademickim 2018-19 (nagroda N.3 w *autoreferacie*, pkt 7 oraz w *zał. 6*).** Poza tym trzykrotnie, w roku akademickim 2017/18, w roku akademickim 2020/21 oraz 2022/23 byłem wybierany przez studentów do pierwszej trójki nauczycieli akademickich Wydziału Rolnictwa i Leśnictwa rywalizujących w II etapie odpowiednio XII, XV oraz XVII edycji plebiscytu Belfer UWM (nagrody N.2, N.4 oraz N.7 w *autoreferacie*, pkt 7 oraz w *zał. 6*). W roku 2021 otrzymałem wyróżnienie w postaci **Nagrody Rektora UWM w Olsztynie, która była nagrodą indywidualną I stopnia za osiągnięcia w dziedzinie dydaktycznej** nagroda N.5 w *autoreferacie*, pkt 7 oraz w *zał. 6*).

Moja działalność organizacyjna była realizowana na wielu płaszczyznach, ale w dużej mierze miała związek z **promocją naszego wydziału, w ramach której aktywnie uczestniczyłem w pracach Komisji/Zespołu ds. Promocji Wydziału Kształtowania Środowiska i Rolnictwa, a następnie od 2021 roku Zespołu ds. Promocji Wydziału Rolnictwa i Leśnictwa, których jestem członkiem nieprzerwanie od 2008 roku.** Nie sposób wymienić wszystkich podjętych działań w tym zakresie, ale do najważniejszych należy zaliczyć: **koordynowanie Programem Szkoła Partnerska WRiL** (przed rokiem 2021 Szkoła Partnerska WKŚiR), **współautorstwo dwóch albumów okolicznościowych wydanych z okazji 60- oraz 70-lecia Wydziału Kształtowania Środowiska i Rolnictwa** (odpowiednio w 2009 oraz 2020 roku – monografia okolicznościowa MO.1 oraz MO.2 w *autoreferacie*, pkt 7), a dodatkowo w drugiej monografii oprócz współautorstwa podjąłem się finalnego przygotowania materiałów do druku, redagowania, składu i łamania tekstu oraz zaprojektowania okładki albumu okolicznościowego (monografia okolicznościowa MO.2 w *autoreferacie*, pkt 7), udział w kierowaniu i tworzeniu licznych materiałów promocyjnych wydziału (filmy, broszury informacyjne, plakaty, banery i inne materiały reklamowe, certyfikaty, materiały na stronę internetową wydziału, posty w mediach społecznościowych itp.), organizacja konkursu filmowego „Postaw na WKŚiR” skierowanego do studentów wydziału itp. Ponadto **nieprzerwanie**

od roku 2002 tworzyłem, administrowałem i uaktualniałem stronę internetową naszej katedry (Katedry Hodowli Roślin i Nasiennictwa – archiwalna strona internetowa: <http://www.uwm.edu.pl/khrin/>, a od 2021 roku: Katedry Genetyki, Hodowli Roślin i Inżynierii Biosurowców – aktualna strona internetowa, dostosowana do ogólnouczelnianych wytycznych: <http://wril.uwm.edu.pl/kggb>). Poza tym jestem/byłem (pełnione funkcje organizacyjne uszeregowane chronologicznie): członkiem Polskiego Towarzystwa Agronomicznego (członkostwo C.6 w *zał. 4, pkt III.10*), zastępcą koordynatora wydziałowego Programu ERASMUS (lata 2005-2008), członkiem komitetu organizacyjnego Zjazdu Katedr Jednoimiennych Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa „Aktualne problemy hodowli roślin i nasiennictwa” (rok 2007, Olsztyn – członkostwo C.1 w *zał. 4, pkt III.8*), czterokrotnie byłem członkiem Wydziałowego Zespołu Rekrutacyjnego na studia I i II stopnia Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie (lata 2008–2011), członkiem komisji wydziałowej przygotowującej Raport Samooceny Wydziału Kształtowania Środowiska i Rolnictwa w ramach oceny instytucjonalnej poprzez Polską Komisję Akredytacyjną (rok 2012), członkiem zespołu dydaktycznego opracowującego program nowotworzonej specjalności "agrobiotechnologia" na kierunku rolnictwo (rok 2013), członkiem Komitetu Naukowego XLIII Międzynarodowego Seminarium Kół Naukowych (rok 2014, Olsztyn – członkostwo C.2 w *zał. 4, pkt III.8*), członkiem komitetu organizacyjnego międzynarodowego sympozjum Symposium on Willow Genetics and Genomics: “Willow genetics, diversity and breeding for biomaterials and bioeconomy” (rok 2019, Poznań – członkostwo C.3 w *zał. 4, pkt III.8*), członkiem Rady Katedry Genetyki, Hodowli Roślin i Inżynierii Biosurowców (od roku 2021), członkiem komitetu organizacyjnego międzynarodowych warsztatów oraz prezentacji wyników badań realizowanych w ramach spotkania roboczego projektu SCOOP (rok 2021, warsztaty on-line – członkostwo C.4 w *zał. 4, pkt III.8*) oraz członkiem komitetu organizacyjnego międzynarodowych warsztatów oraz prezentacji wyników badań realizowanych w ramach spotkania roboczego projektu SCOOP (rok 2022, Olsztyn – członkostwo C.5 w *zał. 4, pkt III.8*).

W zakresie osiągnięć popularyzujących naukę lub sztukę należy wymienić moje komentarze, wywiady publikowane przez różne media (telewizja, radio, media społecznościowe), które w głównej mierze dotyczyły wykorzystania kory wierzby do celów farmaceutycznych i pokrewnych – kilka przykładowych linków do tego typu aktywności:

- <https://www.wprost.pl/333917/bedzie-przelom-w-medycynie-polacy-chca-zastapic-syntetyczny-lek.html> (dostęp 22 sierpnia 2023),
- <https://naukawpolsce.pl/aktualnosci/news%2C94670%2Cnaukowcy-z-uwm-zachecaja-rolnikow-do-uprawy-wierzby-purpurowej.html> (dostęp 22 sierpnia 2023),
- <https://www.medonet.pl/zdrowie/wiadomosci,wyciag-z-nowej-odmiany-wierzby-ma-zastapic-aspiryne,artykul,1663721.html> (dostęp 22 sierpnia 2023),

- https://uwm.edu.pl/sites/default/files/wiadomosci_uniwersyteckie/2012-wu/wu-2012-07.pdf (dostęp 22 sierpnia 2023),
- <https://www.farmer.pl/fakty/polska/wierzba-purpurowa-moze-pelnic-funkcje-lecznicze-w-dodatkach-paszowych,126164.html> (dostęp 22 sierpnia 2023),
- <https://zdrowie.dziennik.pl/aktualnosci/artykuly/397983,wyciag-z-nowej-odmiany-wierzby-ma-zastapic-aspiryne-pracuja-nad-tym-naukowcy-z-universytetu-warminsko-mazurskiego.html> (dostęp 22 sierpnia 2023).

Dodatkowo w ramach Programu Szkoły Partnerskiej Wydziału Kształtowania Środowiska i Rolnictwa prowadziłem warsztaty dla uczniów szkół średnich nt. "Kultury in vitro, czyli jak sklonować rośliny".

7. Inne informacje dotyczące kariery zawodowej

Przez wszystkie lata studiów doktoranckich oraz późniejszej pracy zawodowej podnosiłem swoje kwalifikacje uczestnicząc w licznych warsztatach, stażach, kursach i szkoleniach poszerzających moje kompetencje jako pracownika badawczo-dydaktycznego.

- W.1** Warsztaty psychologiczne pt. Metody aktywizujące w kształceniu: podstawy budowania i ewaluacji projektów edukacyjnych, 15.05.2001, Poznań.
- W.2** Międzynarodowa Szkoła Letnia „IV Internationale Sommerakademie Neubrandenburg”, 3 – 14.09.2001, Neubrandenburg (Niemcy).
- W.3** Kurs języka niemieckiego ukończony zdaniem egzaminem i uzyskaniem certyfikatu „ZERTIFIKAT DEUTSCH” z oceną końcową bardzo dobrą, 1.03 – 25.11.2004, Olsztyn.
- W.4** Miesięczny, krajowy staż produkcyjny w Laboratorium Kultur Tkankowych Barbara Witkowska w Bartoszycach. 1 – 31.03.2006, Bartoszyce – **staż produkcyjny SP.1.**
- W.5** Semestralny kurs dokształcający w zakresie doskonalenia pedagogicznego nauczycieli akademickich 1.02 – 27.05.2008, Olsztyn.
- W.6** Warsztaty „14th Quantitative Trait Loci Marker Assisted Selection Workshop”. 17-18.05.2010, Poznań.
- W.7** Kurs w inkubatorze innowacyjności nt. Praktycznych zagadnień z finansowania przedsięwzięć na wczesnym etapie rozwoju – w ramach udziału w projekcie „INNOWACJE z Warmii i Mazur” nr POKL.08.02.01-28-039/11. 17.12.2012, Olsztyn.
- W.8** Seminarium i szkolenie „The new QX100 Droplet Digital PCR system”. 21.06.2013, Olsztyn.
- W.9** Udział w seminarium „Naukowe i praktyczne spojrzenie na wykorzystanie zielonej biotechnologii w krajach Europy wschodniej, Unii Europejskiej i na świecie”. 25.09.2013, Radzików.

- W.10** Szkolenie w inkubatorze innowacyjności z zakresu przygotowania dokumentacji innowacyjnego przedsięwzięcia, negocjacji i prezentacji pomysłu przed inwestorem – w ramach udziału w projekcie „INNOWACJE z Warmii i Mazur” nr POKL.08.02.01-28-039/11. 8.04.2013, Lublin.
- W.11** Warsztaty z Gender Mainstreaming – w ramach udziału w projekcie „INNOWACJE z Warmii i Mazur” nr POKL.08.02.01-28-039/11. 10.04.2013, Lublin.
- W.12** Szkolenie z zakresu ochrony danych osobowych, w tym z zakresu Rozporządzenia Parlamentu Europejskiego i Rady (UE) 2016/679 z dnia 27 kwietnia 2016 roku – Rozporządzenie o Ochronie Danych Osobowych (Dz. Urz. UE L 119). 28.09.2018, Olsztyn.
- W.13** Roczny kurs języka angielskiego, UWM Olsztyn. 21.02.2020 - 28.05.2021, Olsztyn.
- W.14** Kurs obsługi programu graficznego Adobe Illustrator, 27 - 30.09.2021, Olsztyn.
- W.15** Udział w XXX ogólnopolskim webinarze pt. „Prawo i etyka w badaniach naukowych - ochrona osiągnięć naukowych” 7.06.2023.

W trakcie mojej pracy uzyskałem również kilka ważnych dla mnie nagród i wyróżnień za moją pracę dydaktyczną lub naukową:

- N.1** Nagroda Rektora Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie – Nagroda za zakwalifikowaniem projektu badawczego własnego pt. „Ocena przydatności genotypów *Salix purpurea* L. pochodzących ze stanowisk naturalnych do hodowli odmian o podwyższonej zawartości glikozydów salicylowych w korze” do finansowania przez MNiSW w ramach XXXVII konkursu. 17.02.2010,
- N.2** Wyróżnienie przyznawane przez studentów oraz społeczność akademicką dla pierwszej trójki nauczycieli akademickich Wydziału Rolnictwa i Leśnictwa rywalizujących w II etapie XII edycji plebiscytu Belfer UWM w roku akademickim 2017/18,
- N.3** Wyróżnienie przyznawane przez studentów oraz społeczność akademicką dla najlepszego nauczyciela akademickiego Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie (Wydział Kształtowania Środowiska i Rolnictwa, obecnie Wydział Rolnictwa i Leśnictwa) w XIII edycji plebiscytu Belfer UWM w roku akademickim 2018-19,
- N.4** Wyróżnienie przyznawane przez studentów oraz społeczność akademicką dla pierwszej trójki nauczycieli akademickich Wydziału Rolnictwa i Leśnictwa rywalizujących w II etapie XV edycji plebiscytu Belfer UWM w roku akademickim 2020/21,
- N.5** Nagroda Rektora Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie – Nagroda Indywidualna I stopnia za osiągnięcia w dziedzinie dydaktycznej. 1.12.2021,
- N.6** Nagroda Rektora Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie za wyróżniającą się publikacją naukową wydaną w 2021 roku. 17.11.2022,
- N.7** Wyróżnienie przyznawane przez studentów oraz społeczność akademicką dla pierwszej trójki nauczycieli akademickich Wydziału Rolnictwa i Leśnictwa rywalizujących w II etapie XVII edycji plebiscytu Belfer UWM w roku akademickim 2022/23.

Spośród innych aktywności wyróżnić można współautorstwo w napisaniu i przygotowaniu do druku monografii okolicznościowych wydziału:

- MO.1**Jankowski K.*, Marks E., Sternik P., **Sulima P. ***, Szwejkowski Z. 2009. Wydział Kształtowania Środowiska i Rolnictwa, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie : 60 lat WKŚiR. Olsztyn: Pracownia Wydawnicza ElSet, ISBN: 978-83-61602-51-4
- MO.2**Kucharski J., Wyszowska J., **Sulima P.***, Grabowski K., Grzegorzczak S. 2020. 70 lat Wydziału Kształtowania Środowiska i Rolnictwa. Olsztyn: Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Wydawnictwo. ISBN: 978-83-8100-213-4.

Paweł Sulima

(podpis wnioskodawcy)

dr inż. Paweł Sulima

Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Wydział Rolnictwa i Leśnictwa
Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Inżynierii Biosurowców

Wykaz osiągnięć naukowych albo artystycznych, stanowiących znaczny wkład w rozwój dyscypliny naukowej: rolnictwo i ogrodnictwo

I. WYKAZ OSIĄGNIĘĆ NAUKOWYCH ALBO ARTYSTYCZNYCH, O KTÓRYCH MOWA W ART. 219 UST. 1. PKT 2 USTAWY

Cykl powiązanych tematycznie artykułów naukowych, zgodnie z art. 219 ust. 1. pkt 2b ustawy pod tytułem **Uwarunkowania naukowe hodowli wierzby purpurowej (*Salix purpurea* L.) ukierunkowanej na uzyskanie odmian dedykowanych do produkcji wysokiej jakości surowca zielarskiego oraz wspomaganiej technikami molekularnymi** (kopie artykułów naukowych A.1 – A.4 zostały zamieszczone w formie plików pdf w *załączniku nr 5*).

Wszystkie artykuły naukowe wchodzące w skład osiągnięcia naukowego (cykl powiązanych tematycznie artykułów naukowych, zgodnie z art. 219 ust. 1. pkt 2b ustawy) zostały opublikowane w okresie po uzyskaniu stopnia doktora:

A.1 Przyborowski J.A., **Sulima P.***, Kuszewska A., Załuski D., Kilian A. 2013. Phylogenetic relationships between four *Salix* L. species based on DArT markers. *Int. J. Mol. Sci.*, 14(12): 24113-24125.

Punktacja wg MNiSW (2013): 30 pkt.

IF (2013): 2,339

Wkład indywidualny poszczególnych współautorów w powstanie artykułu naukowego:

Przyborowski J.A. – opracowanie koncepcji badawczej i metodyki badań, przeprowadzenie głównej części analiz laboratoryjnych, konsultacje w wykonaniu analizy statystycznej i interpretacji wyników oraz współudział w napisaniu i redakcji manuskryptu

Sulima P. – współudział w opracowaniu koncepcji badawczej i metodyki badań, przeprowadzenie części analiz laboratoryjnych, wykonanie analizy statystycznej i interpretacji wyników, napisanie i redakcja manuskryptu oraz pełnienie funkcji autora korespondencyjnego (*)

Kuszewska A. – współudział w przeprowadzeniu części analiz laboratoryjnych

Załuski D. – konsultacje w wykonaniu analizy statystycznej wyników

Kilian A. – konsultacje w opracowaniu metodyki i realizacji analiz laboratoryjnych oraz konsultacje w interpretacji wyników i współudział w napisaniu manuskryptu

A.2 **Sulima P.***, Prinz K., Przyborowski J.A. 2017a. Genetic diversity and genetic relationships of purple willow (*Salix purpurea* L.) from natural locations. *Int. J. Mol. Sci.*, 19(1): 105.

Punktacja wg MNiSW (2017): 30 pkt.

IF(2017): 3,687

Wkład indywidualny poszczególnych współautorów w powstanie artykułu naukowego:

Sulima P. – opracowanie koncepcji badawczej i metodyki badań, zebranie materiału roślinnego z terenów naturalnych, zaplanowanie i założenie doświadczenia polowego, przeprowadzenie analiz laboratoryjnych, wykonanie analizy statystycznej i interpretacji wyników, napisanie i redakcja manuskryptu oraz pełnienie funkcji autora korespondencyjnego (*)

Prinz K. – konsultacje w opracowaniu metodyki i realizacji części analiz laboratoryjnych, konsultacje w wykonaniu analizy statystycznej i interpretacji wyników oraz współudział w napisaniu manuskryptu

Przyborowski J.A. – konsultacje i współudział w opracowaniu koncepcji badawczej i metodyki badań, konsultacje w interpretacji wyników oraz współudział w napisaniu i redakcji manuskryptu

- A.3 Sulima P.***, Krauze-Baranowska M., Przyborowski J.A. 2017b. Variations in the chemical composition and content of salicylic glycosides in the bark of *Salix purpurea* from natural locations and their significance for breeding, *Fitoterapia*, 118: 118-125.

Punktacja wg MNiSW (2017): 30 pkt.

IF(2017): 2,642

Wkład indywidualny poszczególnych współautorów w powstanie artykułu naukowego:

Sulima P. – opracowanie koncepcji badawczej i metodyki badań, zebranie materiału roślinnego z terenów naturalnych, zaplanowanie i założenie doświadczenia polowego, współudział w przeprowadzeniu analiz laboratoryjnych, wykonanie analizy statystycznej i interpretacji wyników, napisanie i redakcja manuskryptu oraz pełnienie funkcji autora korespondencyjnego (*)

Krauze-Baranowska M. – konsultacje i współudział w opracowaniu metodyki i realizacji analiz laboratoryjnych, konsultacje w interpretacji wyników, współudział w napisaniu manuskryptu

Przyborowski J.A. – konsultacje i współudział w opracowaniu koncepcji badawczej i metodyki badań, konsultacje w interpretacji wyników oraz współudział w napisaniu i redakcji manuskryptu

- A.4 Sulima P.***, Kuszewska A., Przyborowski J.A. 2021. Are *Salix purpurea* L. genotypes from natural locations promising candidates for the production of high-quality herbal raw materials under controlled conditions? *Ind. Crops Prod.*, 171: 113982.

Punktacja wg MEiN (2021): 200 pkt.

IF(2021): 6,449

Wkład indywidualny poszczególnych współautorów w powstanie artykułu naukowego:

Sulima P. – opracowanie koncepcji badawczej i metodyki badań, zebranie materiału roślinnego z terenów naturalnych, zaplanowanie i założenie doświadczenia polowego, wykonanie pomiarów i obserwacji polowych na analizowanym materiale roślinnym, wykonanie analizy statystycznej i interpretacji wyników, napisanie i redakcja manuskryptu oraz pełnienie funkcji autora korespondencyjnego (*)

Kuszewska A. – współudział w wykonaniu pomiarów biometrycznych oraz przygotowanie materiału roślinnego

Przyborowski J.A. – konsultacje i współudział w opracowaniu koncepcji badawczej i metodyki badań, konsultacje w interpretacji wyników oraz współudział w napisaniu i redakcji manuskryptu

Sumaryczne wskaźniki bibliometryczne osiągnięcia naukowego (cykl powiązanych tematycznie artykułów naukowych, zgodnie z art. 219 ust. 1. pkt 2b ustawy) wyliczone zgodnie z rokiem opublikowania artykułów naukowych:

- sumaryczny Impact Factor (IF): **15,117** (wyliczone zgodnie z rokiem opublikowania artykułów naukowych),
- suma punktów wg oceny parametrycznej MEiN / MNiSW: **290 pkt** (200 pkt wg nowej punktacji MEiN + 90 pkt wg starej punktacji MNiSW),
- liczba cytowań wg bazy *Web of Science*: **48** (dane na dzień 7.09.2023 r.),
- liczba cytowań wg bazy *Scopus*: **53** (dane na dzień 7.09.2023 r.),
- liczba cytowań wg bazy *Google Scholar*: **76** (dane na dzień 7.09.2023 r.).

II. WYKAZ AKTYWNOŚCI NAUKOWEJ ALBO ARTYSTYCZNEJ

1. Wykaz opublikowanych monografii naukowych – brak.
2. Wykaz opublikowanych rozdziałów w monografiach naukowych (wszystkie pozycje nie były wymienione w pkt. I).

przed uzyskaniem stopnia doktora

RM.1 Przyborowski J.A.*, **Sulima P.** 2003. Zwiększenie wydajności wierzby krzewiastej poprzez masową reprodukcję klonów z zastosowaniem mikrorozmnażania w warunkach in vitro. W: Ciechanowicz W., Szczukowski S. (red.), Ogniwa paliwowe i biomasa lignocelulozowa szansą rozwoju wsi i miast. WSISiZ Warszawa 2003: 161-169. ISBN: 8388311670. *Punktacja wg MNiSW (2003): 6 pkt.*

po uzyskaniu stopnia doktora

RM.2 **Sulima P.***, Przyborowski J.A., 2015. Wykorzystanie markerów molekularnych w hodowli wysokoprodukcyjnych odmian wierzby. W: Stolarski M., Gołaszewski J. (red.), Biorafineria lignocelulozowa – uwarunkowania środowiskowe, energetycznej społeczno-ekonomiczne: 11-28, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Wydawnictwo. ISBN: 978-83-7299-962-7. *Punktacja wg MNiSW (2015): 4 pkt.*

RM.3 **Sulima P.***, Przyborowski J.A. 2019. Purple willow (*Salix purpurea* L.) and its potential uses for the treatment of arthritis and rheumatism. W: Watson R.R., Preedy V.R. (red.) Bioactive food as dietary interventions for arthritis and related inflammatory diseases: 535-551. Academic Press. ISBN: 9780128138205. *Punktacja wg MEiN (2019): 50 pkt.*

3. Wykaz członkostwa w redakcjach naukowych monografii: – brak.
4. Wykaz opublikowanych artykułów w czasopismach naukowych:

pozycje uwzględnione w pkt I:

A.1 Przyborowski J.A., **Sulima P.***, Kuszewska A., Załuski D., Kilian A. 2013. Phylogenetic relationships between four *Salix* L. species based on DArT markers. *Int. J. Mol. Sci.*, 14(12): 24113-24125. *Punktacja wg MNiSW (2013): 30 pkt., IF (2013): 2,339.*

A.2 **Sulima P.***, Prinz K., Przyborowski J.A. 2017a. Genetic diversity and genetic relationships of purple willow (*Salix purpurea* L.) from natural locations. *Int. J. Mol. Sci.*, 19(1): 105. *Punktacja wg MNiSW (2017): 30 pkt., IF(2017): 3,687.*

A.3 **Sulima P.***, Krauze-Baranowska M., Przyborowski J.A. 2017b. Variations in the chemical composition and content of salicylic glycosides in the bark of *Salix purpurea* from natural locations and their significance for breeding, *Fitoterapia*, 118: 118-125. *Punktacja wg MNiSW (2017): 30 pkt., IF(2017): 2,642.*

A.4 **Sulima P.***, Kuszewska A., Przyborowski J.A. 2021. Are *Salix purpurea* L. genotypes from natural locations promising candidates for the production of high-quality herbal raw materials under controlled conditions? *Ind. Crops Prod.*, 171: 113982. *Punktacja wg MEiN (2021): 200 pkt., IF(2021): 6,449.*

pozycje nieuwzględnione w pkt I:

przed uzyskaniem stopnia doktora

- A.5** Szczukowski S., Tworkowski J., **Sulima P.*** 2002. Kora wierzb krzewiastych źródłem glikozydów salicylowych. *Wiad. Ziel.*, 44(01), 6-7. *Punktacja wg MNiSW (2002): 0,5 pkt.*

po uzyskaniu stopnia doktora

- A.6** **Sulima P.***, Przyborowski J.A., Wiwart M. 2006a. Willow bark - herbal raw material harvested from arable lands. *Herba Pol.*, 54, 4: 18-25. *Punktacja wg MNiSW (2006): 3 pkt.*
- A.7** **Sulima P.***, Przyborowski J.A., Stolarski M. 2006b. Ocena przydatności wybranych gatunków wierzby do celów energetycznych. *Fragm. Agron.*, 3, 91: 290-299. *Punktacja wg MNiSW (2006): 4 pkt.*
- A.8** **Sulima P.***, Przyborowski J.A., Załuski D. 2009. RAPD Markers Reveal Genetic Diversity In *Salix purpurea* L. *Crop Sci.* 49:857-863. *IF (2009): 1,735; Punktacja wg MNiSW (2009): 20 pkt.*
- A.9** Gołaszewski J.*, Załuski D., Stawiana-Kosiorek A., **Sulima P.** 2009. The usefulness of some soil properties and plant traits for the estimation of spatial variation in the 3⁵ field experiment with pea (*Pisum sativum* L. sensu Lato). *EJPAU*, v.12 ,2. *Punktacja wg MNiSW (2009): 4 pkt.*
- A.10** Przyborowski J.A.*, **Sulima P.** 2010. The analysis of genetic diversity of *Salix viminalis* genotypes as a potential sources of biomass by RAPD markers. *Ind. Crops Prod.* 31:395-400. *IF (2010): 2,507; Punktacja wg MNiSW (2010): 32 pkt.*
- A.11** Przyborowski J.A.*, **Sulima P.** 2010. Wstępne badania nad tworzeniem mapy genetycznej *Salix* z wykorzystaniem markerów RAPD. *Zesz. Problem. Post. Nauk Roln.*, 555:621-627. *Punktacja wg MNiSW (2010): 6 pkt.*
- A.12** **Sulima P.***, Przyborowski J.A. 2010. Markery RAPD w identyfikacji genotypów *Salix purpurea* L. *Zesz. Problem. Post. Nauk Roln.*, 555:419-425. *Punktacja wg MNiSW (2010): 6 pkt.*
- A.13** Przyborowski J.A.*, Jędrzycka M., Ciszewska-Marciniak J., **Sulima P.**, Wojciechowicz K.M., Zenkteler E. 2012. Evaluation of the yield potential and physicochemical properties of the biomass of *Salix viminalis* × *Populus tremula* hybrids. *Ind. Crops Prod.*, 36: 549–554. *IF (2012): 2,468; Punktacja wg MNiSW (2012): 40 pkt.*
- A.14** **Sulima P.***, Przyborowski J.A. 2013. Genetic Diversity Evaluation of *Salix purpurea* L. Genotypes and Their Interspecific Hybrids Based on ISSR Markers. *Acta Biol. Crac. Ser. Bot.*, 55/2: 1-8. *IF (2013): 0,662; Punktacja wg MNiSW (2013): 20 pkt.*
- A.15** **Sulima P.***, Przyborowski J.A., Kuszewska A., Załuski D., Jędrzycka M., Irzykowski W. 2017c. Identification of quantitative trait loci conditioning the main biomass yield components and resistance to *Melampsora spp.* in *Salix viminalis* x *Salix schwerinii* hybrids, *Int. J. Mol. Sci.*, 18(3), 677. *IF (2017): 3,687; Punktacja wg MNiSW (2017): 30 pkt.*
- A.16** Okorski A.*, Pszczółkowska A., **Sulima P.**, Paukzsto Ł., Jastrzębski J., Przyborowski J.A., Makowczenko K.G. 2018. First Report of Willow Anthracnose Caused by *Colletotrichum salicis* in Poland. *Plant Dis.*, 102(10), 2036. *IF (2018): 3,583; Punktacja wg MNiSW (2018): 35 pkt.*
- A.17** Hejna A. *, Barczewski M., Kosmela P., Mysiukiewicz O., Aniśko J., **Sulima P.**, Przyborowski J.A., Saeb M.R. 2022. The impact of thermomechanical and chemical treatment of waste Brewers' spent grain and soil biodegradation of sustainable Mater-Bi-Based biocomposites. *Waste Manag.*, 154, 260-271. *IF (2022): 8,100; Punktacja wg MEiN (2022): 200 pkt.*
- A.18** Hejna A.*, Barczewski M., Kosmela P., Mysiukiewicz O., **Sulima P.**, Przyborowski J.A., Kowalkowska-Zedler D. 2022. Mater-Bi/Brewers' Spent Grain Biocomposites—Novel Approach to Plant-Based Waste Filler Treatment by Highly Efficient Thermomechanical and Chemical Methods. *Materials*, 15(20), 7099. *IF (2022): 3,400; Punktacja wg MEiN (2022): 140 pkt.*

* osoba pełniąca rolę autora korespondencyjnego

5. Wykaz osiągnięć projektowych, konstrukcyjnych, technologicznych – brak
6. Wykaz publicznych realizacji dzieł artystycznych – brak
7. Wykaz wystąpień na krajowych lub międzynarodowych konferencjach naukowych lub artystycznych:

Wszystkie wystąpienia zrealizowane były w formie posterów lub wykładów plenarnych, brak wykładów na zaproszenie.

przed uzyskaniem stopnia doktora

- K.1** Wiwart M., Borusiewicz A., **Sulima P.** 2001. Ocena odporności zrejonizowanych odmian pszenżyta jarego na infekcję kłosów *Fusarium culmorum* z wykorzystaniem komputerowej analizy obrazu ziarna. Sympozjum nt. „Hodowla pszenicy, pszenżyta i żyta”. Zakopane, styczeń 2001 – **poster/materiały konferencyjne.**
- K.2** **Sulima P.** 2003. Wierzba krzewiasta (*Salix* spp.) źródłem surowca zielarskiego pozyskiwanego z gruntów ornych. X Sejmik Zielarski. Poznań, 2-3 października 2003 – **poster/materiały konferencyjne.**

po uzyskaniu stopnia doktora

- K.3** **Sulima P.** 2005. Kora wierzby – surowcem zielarskim pozyskiwanym z upraw polowych. Warsztaty naukowe „Rośliny alternatywne dla zrównoważonego rolnictwa”. Poznań, 7-8 września 2005 r. – **wystąpienie w języku polskim (wykład plenarny – Sulima P.).**
- K.4** **Sulima P.**, Przyborowski J.A. 2006. Kultury in vitro niedojrzałych zarodków oraz liścieni *Salix* spp. XI Ogólnopolska konferencja kultur in vitro i biotechnologii roślin „Kultury in vitro podstawą biotechnologii roślin”. Międzyzdroje, 6-9 września 2006 r. – **poster/materiały konferencyjne.**
- K.5** **Sulima P.**, Przyborowski J.A. 2009. Markery RAPD w identyfikacji genotypów *Salix purpurea* L. Ochrona Zasobów Genowych Roślin Uprawnych. Zakopane, 20-23 września 2009 r. – **poster/materiały konferencyjne.**
- K.6** Przyborowski J.A., Jóźwik M. **Sulima P.** 2009. Wstępne badania nad tworzeniem mapy genetycznej *Salix* z wykorzystaniem markerów RAPD. Zakopane, 20-23 września 2009 r. – **poster/materiały konferencyjne.**
- K.7** **Sulima P.**, Przyborowski J.A. 2010. Porównanie przydatności markerów RAPD oraz ISSR w analizie różnicowania genetycznego *Salix purpurea*. III Polski Kongres Genetyki. Lublin, 12-15 września 2010 r. – **poster/materiały konferencyjne.**
- K.8** **Sulima P.** 2012. Beurteilung der genetischen Differenzierung von *Salix purpurea* aus natürlichen Beständen mithilfe von AFLP- und SSR-Markern. Seminarium naukowe w Büsgen-Institut (Abteilung Forstgenetik Und Forstpflanzenzüchtung; Georg-August Universität in Göttingen). Getynga (Niemcy), 19 kwietnia 2012 r. – **wystąpienie w języku niemieckim (wykład plenarny – Sulima P.).**
- K.9** **Sulima P.**, Przyborowski J.A., Finkeldey R. 2012. Analiza różnicowania genetycznego materiałów hodowlanych wierzby purpurowej za pomocą markerów AFLP. Zjazd Katedr Jednoimiennych Genetyki, Hodowli, Nasiennictwa i Biotechnologii. Kraków, 13-14 września 2012 r. – **poster/materiały konferencyjne.**
- K.10** Przyborowski J.A., **Sulima P.**, Załuski D., Kuszewska A., Kilian A. 2013. Phylogenetic relationships between four *Salix* L. species based on DArT markers. Plant Genetics and Breeding Technologies. Wiedeń (Austria), 18-20 luty 2013 r. – **poster/materiały konferencyjne.**

- K.11** Kuszewska A., Przyborowski J.A., **Sulima P.**, Załuski D., Jędryczka M. 2013. Genetic linkage map of *Salix* based on RAPD and ISSR markers. Plant Genetics and Breeding Technologies. Wiedeń (Austria), 18-20 luty 2013 r. – **poster/materiały konferencyjne**.
- K.12** Załuski D., Przyborowski J., Kuszewska A., **Sulima P.** 2014. Zastosowanie statystycznych metod wielowymiarowych w analizie zmienności cech morfologicznych i właściwości fizykochemicznych roślin populacji mapującej *Salix* spp. X Międzynarodowe Sympozjum "Genetyka Ilościowa Roślin Uprawnych", 3-6 czerwca 2014, Jugowice, Polska – **wystąpienie w języku polskim (wykład plenarny – Załuski D.)**.
- K.13** **Sulima P.**, Przyborowski J.A., Załuski D., Kuszewska A., Kilian A. 2013. Willow species identification based on DArT markers. The 4th International Environmental Best Practices Conference "Biorefinery – Biobased Value Chains and Sustainable Development". Olsztyn, 8-12 września 2013 r. – **poster/materiały konferencyjne**.
- K.14** Jędryczka M., Zenkteler E., Wojciechowicz K., Ciszewska-Marciniak J., **Sulima P.**, Przyborowski J.A. 2013. Common osier and its interspecific and intergeneric hybrids. The 4th International Environmental Best Practices Conference "Biorefinery – Biobased Value Chains and Sustainable Development". Olsztyn, 8-12 września 2013 r. – **poster/materiały konferencyjne**.
- K.15** Przyborowski J.A., **Sulima P.**, Załuski D., Kuszewska A., Kilian A. 2013. Markery DArT w ocenie tożsamości gatunkowej *Salix* L. Biologia i ekologia roślin drzewiastych. Kórnik-Poznań, 21-23 października 2013 r. – **poster/materiały konferencyjne**.
- K.16** Przyborowski J.A., **Sulima P.**, Kuszewska A., Załuski D., Szczukowski S., Tworkowski J., Stolarski M., Gołaszewski J. 2014. Badania genetyczno-biotechnologiczne na rzecz twórczej hodowli *Salix* spp. Zjazd Katedr Genetyki, Hodowli, Nasiennictwa i Biotechnologii Roślin Poznań, 12-13.06.2014 r. – **wystąpienie w języku polskim (wykład plenarny – Sulima P.)**.
- K.17** **Sulima P.** 2016. *Salix* – bioenergy and pharmaceutical crops. Purplewalls Symposium on Woody Plant Genomics. Poznań, 8-9 września 2016 r. – **wystąpienie w języku angielskim (wykład plenarny – Sulima P.)**.
- K.18** Gomes C., **Sulima P.**, Paiva J. 2017. Identification and characterization of DNA methyltransferases and DNA demethylases in *Salix purpurea*, a model plant for bioenergy and phytopharmaceutical products. IUFRO 125th Anniversary Congress, Freiburg (Niemcy), 18–22 września 2017 r. – **wystąpienie w języku angielskim (wykład plenarny – Gomes C.)**.
- K.19** **Sulima P.**, Paiva J., Przyborowski J.A., Kuszewska A., Gomes C., Khodaeiaminjan M. 2018. Wstępna charakterystyka populacji mapującej *S. purpurea*. „Genetyka, hodowla i biotechnologia roślin – osiągnięcia, wyzwania i perspektywy”. Lublin, 25-27 czerwca 2018 r. – **wystąpienie w języku polskim (wykład plenarny – Sulima P.)**.
- K.20** **Sulima P.**, Kuszewska A., Gomes C., Khodaeiaminjan M., Przyborowski J.A., Paiva J. 2018. First evaluation of the major yield components of 1st year growth of the *Salix purpurea* L. mapping population PSP1. Integrative plant biology conference, IGR, Poznań, 7-9 listopada, 2018 r. – **poster/materiały konferencyjne**.
- K.21** **Sulima P.** 2019. *Salix* biomass as raw material for wood industry in front of climate change. Symposium and networking meeting: "Second generation of European hardwoods plantation optimized for market uptake". Paryż (Francja), 16 września 2019 r. – **wystąpienie w języku angielskim (wykład plenarny – Sulima P.)**.
- K.22** **Sulima P.** 2019. Züchtung und Anbau von Purpurweide (*Salix purpurea* L.) zur pharmazeutischen Verwendung. Seminarium naukowe w Thünen-Institut für Forstgenetik. Großhansdorf, Hamburg, Niemcy, 9 października 2019 r. – **wystąpienie w języku niemieckim (wykład plenarny – Sulima P.)**.

- K.23** Gomes C., Pagano A., Kruska D., **Sulima P.**, Paiva J. 2019. Purplewalls - unraveling genome expression (de)regulation to modulate wood formation in *Salix purpurea*: an integrative approach. Symposium on Willow Genetics and Genomics: "Willow genetics, diversity and breeding for biomaterials and bioeconomy". Poznań, 5 listopada 2019 r. – **wystąpienie w języku angielskim (wykład plenarny – Paiva J.)**.
- K.24** Sałasińska K., Barczewski M., Kirpluks M., Pomilovskis R., **Sulima P.**, Jurczyk-Kowalska M., Gloc M., Boczkowska A. 2023. Układy uniepalniające na bazie składników roślinnych do zastosowania w nowym bio-polimerze. XXV Sympozjum "KOMPOZYTY – teoria i praktyka". Brenna, 31 maja – 2 czerwca 2023 r. – **wystąpienie w języku polskim (wykład plenarny – Sałasińska K.)**.
8. Wykaz udziału w komitetach organizacyjnych i naukowych konferencji krajowych lub międzynarodowych, z podaniem pełnionej funkcji.
- C.1. Członek komitetu organizacyjnego** Zjazdu Katedr Jednoimiennych Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa „Aktualne problemy hodowli roślin i nasiennictwa”. Olsztyn, 10-11 września 2007 r.
- C.2. Członek komitetu naukowego** XLIII Międzynarodowego Seminarium Kół Naukowych. Olsztyn, 14 maja 2014 r.
- C.3. Członek komitetu organizacyjnego** międzynarodowego sympozjum Symposium on Willow Genetics and Genomics: "Willow genetics, diversity and breeding for biomaterials and bioeconomy". Poznań, 5 listopada 2019 r.
- C.4. Członek komitetu organizacyjnego** warsztatów oraz prezentacji wyników badań realizowanych w ramach spotkania roboczego projektu SCOOP. Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie (warsztaty on-line), 6 grudnia 2021 r.
- C.5. Członek komitetu organizacyjnego** warsztatów oraz prezentacji wyników badań realizowanych w ramach spotkania roboczego projektu SCOOP. Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie (warsztaty), 29 listopada 2022 r.
9. Wykaz uczestnictwa w pracach zespołów badawczych realizujących projekty finansowane w drodze konkursów krajowych lub zagranicznych, z podziałem na projekty zrealizowane i będące w toku realizacji, oraz z uwzględnieniem informacji o pełnionej funkcji w ramach prac zespołów.

zrealizowane projekty naukowe

- P.1 Kierownik i wykonawca projektu badawczego własnego** "Ocena przydatności genotypów *Salix purpurea* L. pochodzących ze stanowisk naturalnych do hodowli odmian o podwyższonej zawartości glikozydów salicylowych w korze" (nr projektu: N N310 088337, kierownik **dr inż. Paweł Sulima**, wykonawcy: **Sulima P.**, Krauze-Baranowska M., Przyborowski J.) – badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki (NCN) w latach 2009-2013.
- P.2 Wykonawca w projekcie badawczym własnym** „Identyfikacja loci podstawowych cech plonotwórczych biomasy *Salix* spp. oraz odporności na rdzę (*Melampsora eptea*)” (nr projektu: N N310 116438, kierownik dr hab. Jerzy Przyborowski, prof. UWM, wykonawcy: Przyborowski J., Jędrzycka M., **Sulima P.**, Irzykowski W.) – badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki (NCN) w latach 2010-2013.
- P.3 Współuczestnictwo w wykonaniu zadań badawczych w podetapie 4.3.A** „Hodowla wysoko-produktywnych klonów wierzby oraz mieszańców wierzby“ (wykonawcy: Przyborowski J.A., **Sulima P.**) realizowanego w programie strategicznym „Zaawansowane technologie

pozyskiwania energii” (nr programu SP/E/4/65786/10, realizowany przez Centrum Badań Energii Odnawialnej UWM w Olsztynie, kierownik zespołu zarządzającego prof. dr hab. Janusz Gołaszewski) – badania współfinansowane przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju (NCBiR) w latach 2010-2015.

projekty w trakcie realizacji

P.4 Wykonawca zadania badawczego „Analysis of the genetic diversity for plant breeding in organic farming” (wykonawcy: Marcheva M., Pekova M., **Sulima P.**, Przyborowski J.) realizowanego w ramach projektu „Developing intercropping systems with camelina to increase the yield and quality parameters of local underutilized crops (SCOOP)” (kierownik: dr hab. Michał Krzyżaniak, prof. UWM) finansowany z programu międzynarodowego Era-Net Core Organic w latach 2021-2024 (w trakcie realizacji).

10. Wykaz członkostwa w międzynarodowych lub krajowych organizacjach i towarzystwach naukowych wraz z informacją o pełnionych funkcjach.

C.6. Członek krajowego towarzystwa naukowego: Polskie Towarzystwo Agronomiczne oddział Olsztyn (od 2004 roku)

11. Wykaz staży w instytucjach naukowych lub artystycznych, w tym zagranicznych, z podaniem miejsca, terminu, czasu trwania stażu i jego charakteru.

SN.1 Zagraniczny staż naukowy w Büsgen-Institut, Abteilung Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung ,Georg-August Universität in Göttingen (Getynga, Niemcy) w terminie od 1 lutego do 30 kwietnia 2012 r (trzymiesięczny). Staż zrealizowany został w ramach uzyskanego stypendium DAAD (Deutscher Akademischer Austauschdienst) na okres dwóch miesięcy oraz dofinansowania przez Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie z tematu T: 9002-1201 – trzeci miesiąc. Staż miał charakter naukowo-badawczy, a w trakcie stażu przeprowadzono badania nt. „Beurteilung der genetischen Differenzierung von *Salix purpurea* aus natürlichen Beständen mithilfe von AFLP- und SSR-Markern”. Opieka naukowa i merytoryczna: **prof. dr hab. Reiner Finkeldey**.

SN.2 Krajowy staż naukowy w Instytucie Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu w terminie od 11 do 18 września 2017 r. (tygodniowy). Staż miał charakter naukowo-badawczy, a w trakcie stażu przeprowadzono badania nt. „Analiza ekspresji genów związanych z metabolizmem *Salix purpurea*”. Opieka naukowa i merytoryczna **dr inż. Jorge Paiva**.

SN.3 Zagraniczny staż naukowy w Thünen-Institut für Forstgenetik (Großhansdorf, Hamburg, Niemcy) w terminie od 1 sierpnia do 31 października 2019 r. (trzymiesięczny) Staż miał charakter naukowo-badawczy, a w trakcie stażu przeprowadzono badania nt. „*Salix purpurea* genome sequencing with use nanopore technology”. Opieka naukowa i merytoryczna: **prof. dr hab. Matthias Fladung**.

12. Wykaz członkostwa w komitetach redakcyjnych i radach naukowych czasopism wraz z informacją o pełnionych funkcjach (np. redaktora naczelnego, przewodniczącego rady naukowej, itp.) – brak.

13. Wykaz recenzowanych prac naukowych lub artystycznych, w szczególności publikowanych w czasopismach międzynarodowych.

recenzje prac naukowych w czasopismach z IF:

- R.1.** Recenzja pracy naukowej w czasopiśmie *Frontiers in Plant Science* (IF= 3.677). Rok 2017. Punktacja czasopisma wg MNiSW (2017): 40 pkt.
- R.2.** Recenzja pracy naukowej z dnia w czasopiśmie *Frontiers in Plant Science* (IF= 3.677) Rok 2017. Punktacja czasopisma wg MNiSW (2017): 40 pkt.
- R.3.** Recenzja pracy naukowej w czasopiśmie *Pharmacognosy Magazine* (IF=1,525) Rok 2017. Punktacja czasopisma wg MNiSW (2017): 20 pkt.
- R.4.** Recenzja pracy naukowej w czasopiśmie *Plant Physiology and Biochemistry* (IF= 4.270) Rok 2020. Punktacja czasopisma wg MEiN (2020): 70 pkt.
- R.5.** Recenzja pracy naukowej w czasopiśmie *Frontiers in Plant Science* (IF= 6.627). Rok 2020. Punktacja czasopisma wg MEiN (2020): 100 pkt.
- R.6.** Recenzja pracy naukowej w czasopiśmie *Forests* (IF=3,282) Rok 2021. Punktacja czasopisma wg MEiN (2021): 100 pkt.
- R.7.** Recenzja pracy naukowej w czasopiśmie *Fitoterapia* (IF=3,400). Rok 2023. Punktacja czasopisma wg MEiN (2023): 100 pkt.

14. Wykaz uczestnictwa w programach europejskich lub innych programach międzynarodowych.

15. Wykaz udziału w zespołach badawczych, realizujących projekty inne niż określone w pkt. II.9.

projekty badawczo-rozwojowe na realizację prac przedwdrożeniowych

- P.5** **Kierownik i wykonawca prac przedwdrożeniowych** „Zwiększenie potencjału wdrożeniowego odmiany ASPI (wierzba purpurowa, *Salix purpurea* L.)” (kierownik: **dr inż. Paweł Sulima**, wykonawcy: **Sulima P.**, Przyborowski J., Kuszewska A.) realizowanymi w ramach programu „Inkubator Innowacyjności plus” projektu „Wsparcie zarządzania badaniami naukowymi i komercjalizacja wyników prac B+R w jednostkach naukowych i przedsiębiorstwach” – projekt finansowany przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego (MNiSW, nr decyzji 18/W17/POIR/2017) w okresie 1.01.2018 – 30.11.2018.
- P.6** **Kierownik i wykonawca prac przedwdrożeniowych** „Przygotowanie ukierunkowanej metody zbioru surowca zielarskiego wierzby purpurowej (*Salix purpurea* L.) oraz opracowanie metody identyfikacji odmian za pomocą markerów DNA” (kierownik: **dr inż. Paweł Sulima**, wykonawcy: **Sulima P.**, Przyborowski J., Kulpanowska O.) realizowanymi w ramach programu „Inkubator Innowacyjności 4.0” projektu „Wsparcie zarządzania badaniami naukowymi i komercjalizacja wyników prac B+R w jednostkach naukowych i przedsiębiorstwach” – projekt finansowany przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego (MNiSW, umowa nr MNiSW/2020/332/DIR) w okresie 1.10.2022 – 31.03.2023.

projekty finansowane z działalności statutowej wydziału

przed uzyskaniem stopnia doktora

- P.7** **Wykonawca zadania badawczego** „Ocena przydatności kory klonów wierzby krzewiastych (*Salix* sp.) do celów farmaceutycznych” (wykonawcy: **Sulima P.**, Szczukowski S.) realizowanego w ramach projektu naukowego „Produkcja, uszlachetnianie i ocena wartości materiałów siewnych roślin alternatywnych” (nr tematu badawczego: 522-1008.0208; kierownik prof. dr hab. Stefan Szczukowski) – badania finansowane z działalności statutowej wydziału w latach 2000 – 2002

P.8 Wykonawca zadania badawczego „Produktywność i charakterystyka wybranych genotypów wikliny (*Salix* spp.) jako surowca zielarskiego” (wykonawcy: **Sulima P.**, Szczukowski S.) realizowanego w ramach projektu naukowego „Produkcja, uszlachetnianie i ocena wartości materiałów siewnych roślin alternatywnych” (nr tematu badawczego: 522-1008.0208; kierownik prof. dr hab. Józef Tworkowski) – badania finansowane z działalności statutowej wydziału w latach 2003 – 2004

po uzyskaniu stopnia doktora

P.9 Wykonawca zadania badawczego „Otrzymywanie mieszańców międzyodmianowych wierzby wiciowej (*Salix viminalis* L.) z zastosowaniem kultury in vitro niedojrzałych zarodków” (wykonawcy: Przyborowski J., **Sulima P.**) realizowanego w ramach projektu naukowego „Produkcja, uszlachetnianie i ocena wartości materiałów siewnych roślin alternatywnych” (nr tematu badawczego: 522-1008.0208; kierownik prof. dr hab. Józef Tworkowski) – badania finansowane z działalności statutowej wydziału w latach 2005 – 2006.

P.10 Wykonawca zadania badawczego „Indukcja i selekcja materiałów wyjściowych pod kątem wyprowadzenia nowych odmian *Salix* spp. przeznaczonych na cele energetyczne” (wykonawcy: Przyborowski J., **Sulima P.**) realizowanego w ramach projektu naukowego „Biologia, uszlachetnianie i reprodukcja wybranych roślin alternatywnych” (nr tematu badawczego: 522-1008.0208; kierownik prof. dr hab. Józef Tworkowski) – badania finansowane z działalności statutowej wydziału w latach 2007 – 2008.

P.11 Wykonawca zadania badawczego „Ocena zróżnicowania genetycznego wybranych genotypów *Salix* za pomocą markerów ISSR” (wykonawcy: Przyborowski J., **Sulima P.**) realizowanego w ramach projektu naukowego „Zmienność i odziedziczalność cech w hodowli i nasiennictwie roślin uprawianych na cele żywnościowe i energetyczne” (nr tematu badawczego: 522-1008.0208; kierownik prof. dr hab. Marian Wiwart) – badania finansowane z działalności statutowej wydziału w roku 2009.

P.12 Wykonawca zadania badawczego „Charakterystyka wybranych genotypów *Salix* spp. w aspekcie zielarskim” (wykonawcy: Przyborowski J., **Sulima P.**) realizowanego w ramach projektu naukowego „Zmienność i odziedziczalność cech w hodowli i nasiennictwie roślin uprawianych na cele żywnościowe i energetyczne” (nr tematu badawczego: 522-1008.0208; kierownik prof. dr hab. Marian Wiwart) – badania finansowane z działalności statutowej wydziału w latach 2010 – 2011.

P.13 Wykonawca zadania badawczego „Opracowanie systemu selekcji wspieranej markerami molekularnymi na potrzeby hodowli *Salix purpurea* w aspekcie zielarskim” (wykonawcy: **Sulima P.**, Przyborowski J., Kuszewska A.) realizowanego w ramach projektu naukowego „Biologiczne metody doskonalenia roślin i metod ich produkcji” (nr tematu badawczego: 528-1008-0807; kierownik dr hab. Jerzy Przyborowski, prof. UWM) – badania finansowane z działalności statutowej wydziału w latach 2012 – 2015

P.14 Wykonawca zadania badawczego „Opracowanie systemu selekcji wspieranej markerami molekularnymi na potrzeby hodowli *Salix purpurea* w aspekcie zielarskim” (wykonawcy: **Sulima P.**, Przyborowski J., Kuszewska A.) realizowanego w ramach projektu naukowego „Biotechnologiczne doskonalenie roślin i metod ich produkcji” (nr tematu badawczego: 20.610.009-300; kierownik dr hab. Jerzy Przyborowski, prof. UWM) – badania finansowane z działalności statutowej wydziału w latach 2016 – 2018

P.15 Wykonawca zadania badawczego „Opracowanie systemu selekcji wspieranej markerami molekularnymi na potrzeby hodowli w aspekcie zielarskim oraz metody regeneracji in vitro roślin *Salix purpurea* L.” (wykonawcy: **Sulima P.**, Przyborowski J., Kuszewska A., Kulpanowska O.) realizowanego w ramach projektu naukowego „Biotechnologiczne doskonalenie roślin i metod ich produkcji” (nr tematu badawczego: 20.610.009-110; kierownik dr hab. Jerzy Przyborowski, prof. UWM) – badania finansowane z działalności statutowej wydziału w latach 2020 – 2023

projekty badawczo-usługowe

P.16 Kierownik i wykonawca tematu badawczo-usługowego pod tytułem „Prace badawczo-rozwojowe w hodowli wierzby powiązane z komercjalizacją odmian” – nr tematu 30690077-500, projekt wewnętrzny Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie w okresie 1.04.2021-31.03.2024 (w trakcie realizacji).

16. Wykaz uczestnictwa w zespołach oceniających wnioski o finansowanie badań, wnioski o przyznanie nagród naukowych, wnioski w innych konkursach mających charakter naukowy lub dydaktyczny – brak.

III. WSPÓŁPRACA Z OTOCZENIEM SPOŁECZNYM I GOSPODARCZYM

1. Wykaz dorobku technologicznego:

T.1. Opracowanie technologii uprawy rolniczej roślin wierzby purpurowej przeznaczanych na cele farmaceutyczne, rolnicze i pokrewne pt. „Wykorzystanie odmian wierzby purpurowej do celów farmaceutycznych, rolniczych i pokrewnych” – opracowanie przygotowane w ramach realizacji prac przedwdrożeniowych pt. „Zwiększenie potencjału wdrożeniowego odmiany ASPI (wierzba purpurowa, *Salix purpurea* L.)” w projekcie “Inkubator Innowacyjności plus” finansowanym przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego. <https://cwo.uwm.edu.pl/node/123>

2. Współpraca z sektorem gospodarczym.

staże produkcyjne

SP.1 Miesięczny, krajowy staż produkcyjny w Laboratorium Kultur Tkankowych Barbara Witkowska w Bartoszycach. 1 – 31.03.2006, Bartoszyce.

umowy licencyjne

U.1. Umowa licencyjna z dn. 8 kwietnia 2021 roku z firmą BioPoint M.Jankowski M.Niewiadomska sp. jawna na zakup sadzonek oraz surowca zielarskiego odmiany ASPI (wierzba purpurowa, *Salix purpurea* L.). Umowa podpisana na okres trzech lat – potwierdzona fakturą z dn. 22.04.2021. **Umowa zawiera klauzulę poufności – umowa wykazana również w pkt. III.4**

3. Wykaz uzyskanych praw własności przemysłowej, w tym uzyskanych patentów krajowych lub międzynarodowych.

wylączne prawo hodowcy do odmiany rośliny

O.1 Wiwart M.*, Szczukowski S., Przyborowski J., **Sulima. P.** 2009 Odmiana wierzby purpurowej (*Salix purpurea* L.) o nazwie Bona (nazwa hodowlana UWM 199) – nr wpisu do Księgi Ochrony: O 2211, https://coboru.gov.pl/pl/szczegoly_odmiany?nrodm=13378 (dostęp 22.08.2023). *Punktacja wg MNiSW (2009): 15 pkt.*

- O.2 Sulima P.***, Szczukowski S., Tworkowski J., Przyborowski J., Stolarski M. 2015. Odmiana wierzby wiciowej (*Salix viminalis* L.) o nazwie **ŻUBR** (nazwa hodowlana: UWM 006) – nr wpisu do Księgi Ochrony: O 2324, https://coboru.gov.pl/pl/szczegoly_odmiany?nrodm=27765 (dostęp 22.08.2023). *Punktacja wg MNiSW (2015): 10 pkt.*
- O.3 Sulima P.***, Szczukowski S., Tworkowski J., Przyborowski J., Stolarski M. 2015. Odmiana wierzby wiciowej (*Salix viminalis* L.) o nazwie **EKOTUR** (nazwa hodowlana: UWM 043) – nr wpisu do Księgi Ochrony: O 2325, https://coboru.gov.pl/pl/szczegoly_odmiany?nrodm=27766 (dostęp 22.08.2023). *Punktacja wg MNiSW (2015): 10 pkt.*
- O.4 Sulima P.***, Przyborowski J., Szczukowski S., Tworkowski J., Stolarski M. 2017. Odmiana wierzby purpurowej (*Salix purpurea* L.) o nazwie **CORTEXA** (nazwa hodowlana: ELK 1/1) – nr wpisu do Księgi Ochrony: O 2369, https://coboru.gov.pl/pl/szczegoly_odmiany?nrodm=35049 (dostęp 22.08.2023). *Punktacja wg MNiSW (2017): 50 pkt.*
- O.5 Przyborowski J.***, **Sulima P.**, Szczukowski S., Załuski D. 2017. Odmiana wierzby wiciowej (*Salix viminalis* L.) o nazwie **VIVA** (nazwa hodowlana: W39) – nr wpisu do Księgi Ochrony: O 2372, https://coboru.gov.pl/pl/szczegoly_odmiany?nrodm=35051 (dostęp 22.08.2023). *Punktacja wg MNiSW (2017): 50 pkt.*
- O.6 Przyborowski J.***, **Sulima P.**, Szczukowski S., Załuski D. 2017. Odmiana mieszańca międzygatunkowego wierzba długokończysa x wierzba wiciowa (*Salix dasyclados* x *Salix viminalis*) o nazwie **DELTA** (nazwa hodowlana: DT2) – nr wpisu do Księgi Ochrony: O 2371, https://coboru.gov.pl/pl/szczegoly_odmiany?nrodm=35052 (dostęp 22.08.2023). *Punktacja wg MNiSW (2017): 50 pkt.*
- O.7 Sulima P.***, Przyborowski J., Szczukowski S., Tworkowski J., Stolarski M. 2017. Odmiana wierzby purpurowej (*Salix purpurea* L.) o nazwie **ASPI** (nazwa hodowlana: OL 1/1) – nr wpisu do Księgi Ochrony: O 2370, https://coboru.gov.pl/pl/szczegoly_odmiany?nrodm=35050 (dostęp w dniu 22.08.2023). *Punktacja wg MNiSW (2017): 50 pkt.*
- O.8 Sulima P.***, Przyborowski J., Szczukowski S., Tworkowski J., Stolarski M. 2021. Odmiana wierzby purpurowej (*Salix purpurea* L.) o nazwie **ASPIRA** (nazwa hodowlana: ELK 2/2) – nr wpisu do Księgi Ochrony: O 2459, https://coboru.gov.pl/pl/szczegoly_odmiany?nrodm=46443 (dostęp 22.08.2023). *Punktacja wg MEiN (2021): 50 pkt.*

* osoba odpowiedzialna ze strony UWM za przygotowanie dokumentacji, zgłaszająca odmianę do COBORU oraz pełniąca rolę autora korespondencyjnego

sekwencje nukleotydowe zamieszczone w bazie danych NCBI (National Center for Biotechnology Information)

- S.1 Okorski A.***, Pszczółkowska A., **Sulima P.**, Przyborowski J., Makowczenko K.G., Pauksztó L., Jastrzebski J.P. 19.07.2017. Sekwencja nukleotydowa kompletnego genomu mitochondrialnego *Colletotrichum salicis* (Sequence of complete mitochondrion genome of *Colletotrichum salicis*) 33950 bp. Dane zdeponowane w NCBI. GenBank: KY774449.1, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KY774449.1> (dostęp 22.08.2023).
- S.2 Okorski A.***, Pszczółkowska A., **Sulima P.**, Przyborowski J., Makowczenko K.G., Pauksztó L., Jastrzebski J.P. 24.08.2017. 30 sekwencji nukleotydowych *Colletotrichum salicis*. Dane zdeponowane w NCBI NCBI Reference Sequence: od YP_009408810 do YP_009408824 oraz od ASL05771 do ASL05785, np. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/protein/YP_009408810 (dostęp 22.08.2023).

* osoba zgłaszająca sekwencje nukleotydowe do NCBI (National Center for Biotechnology Information)

4. Wykaz wdrożonych technologii.

umowy licencyjne

- U.1.** Umowa licencyjna z dn. 8 kwietnia 2021 roku z firmą BioPoint M.Jankowski M.Niewiadomska sp. jawna na zakup sadzonek oraz surowca zielarskiego odmiany ASPI (wierzba purpurowa, *Salix purpurea* L.). Umowa podpisana na okres trzech lat – potwierdzona fakturą z dn. 22.04.2021. **Umowa zawiera klauzulę poufności – umowa wykazana również w pkt. III.2**

umowy sprzedaży

- U.2.** Umowa z dn. 8 kwietnia 2021 r. na usługę badawczą – sprzedaż sadzonek odmiany ASPI (wierzba purpurowa, *Salix purpurea* L.) zgodnie z umową licencyjną z dn. 8.04.2021 – potwierdzona fakturą z dn. 31.12.2021. **Umowa zawiera klauzulę poufności .**
- U.3.** Umowa z dn. 1.07.2022 r. na usługę badawczą – sprzedaż sadzonek oraz surowca zielarskiego odmiany ASPI (wierzba purpurowa, *Salix purpurea* L.) zgodnie z umową licencyjną z dn. 8.04.2021 – potwierdzona fakturą z dn. 21.07.2022. **Umowa zawiera klauzulę poufności .**
- U.4.** Umowa z dn. 11.05.2023 r. na usługę badawczą – sprzedaż surowca zielarskiego odmiany ASPI (wierzba purpurowa, *Salix purpurea* L.) zgodnie z umową licencyjną z dn. 8.04.2021 r. – potwierdzona fakturą z dn. 30.05.2023. **Umowa zawiera klauzulę poufności .**
5. Wykaz wykonanych ekspertyz lub innych opracowań wykonanych na zamówienie instytucji publicznych lub przedsiębiorców – brak.
6. Wykaz udziału w zespołach eksperckich lub konkursowych – brak
7. Wykaz projektów artystycznych realizowanych ze środowiskami pozaartystycznymi – brak

IV. DANE NAUKOMETRYCZNE

1. Impact Factor (w dziedzinach i dyscyplinach, w których parametr ten jest powszechnie używany jako wskaźnik naukometryczny).

Sumaryczny Impact Factor: 41,259 (liczony zgodnie z rokiem publikacji poszczególnych artykułów naukowych)

2. Liczba cytowań publikacji wnioskodawcy, z oddzielnym uwzględnieniem autocytowań.

Według bazy *Web of Science*:

- **łączna liczba cytowań – 106 (bez autocytowań – 89)** – dane na dzień 7.09.2023

Według bazy *Scopus*:

- **łączna liczba cytowań – 117 (bez autocytowań – 97)** – dane na dzień 7.09.2023

Według bazy *Google Scholar*:

- **łączna liczba cytowań – 257** – dane na dzień 7.09.2023

3. Indeks Hirscha.

Według bazy *Web of Science*: **6** – dane na dzień 7.09.2023

Według bazy *Scopus*: **6** – dane na dzień 7.09.2023

Według bazy *Google Scholar*: **10** – dane na dzień 7.09.2023

Paweł Sulima

(podpis wnioskodawcy)