

## Autoreferat

### A. Przebieg kariery naukowej

1. Imię i Nazwisko: Małgorzata Katarzyna Sułkowska

2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe/artystyczne – z podaniem nazwy, miejsca i roku ich uzyskania oraz tytułu rozprawy doktorskiej.

#### 2.1. Studia wyższe:

Biologia – dzienne studia magisterskie (1986-1991); specjalizacja Biologia Środowiskowa, Uniwersytet Warszawski w Warszawie. Dyplom: magister biologii, 1 lipca 1991 r. Praca dyplomowa nt. „Bezpieczne miejsca” przeżywania juvenilnych grabów na siedlisku dąbrowy świetlistej i grądu w Puszczy Białowieskiej.

#### 2.2. Studia podyplomowe:

Gospodarka leśna i ochrona środowiska leśnego – zaoczne studia doktoranckie (1996 – 1999); Wydział Leśny, SGGW, Warszawa

„Menedżer projektów badawczych” – zaoczne studia podyplomowe (2011 – 2012); Wyższa Szkoła Ekonomii i Innowacji (Lublin). Praca dyplomowa nt. „Proekologiczna technologia ochrony roślin przed brudnicą mniszka z wykorzystaniem feromonu płciowego”. Dyplom ukończenia studiów: 23 luty 2012 r.

#### 2.3. Doktorat (2004): doktor nauk leśnych w zakresie leśnictwa

Stopień naukowy doktora nauk leśnych uzyskany z wyróżnieniem Rady Wydziału, 15.06.2004 r., SGGW, Wydział Leśny, Warszawa – nt. „Zmienność genetyczna wybranych cech biologii buka zwyczajnego (*Fagus sylvatica* L.)”, pod kierunkiem prof. dr hab. Ladislava Paule (Uniwersytet Techniczny, Zvolen, Słowacja).

### 3. Informacje o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych/ artystycznych.

2004 – do dziś adiunkt Zakład Genetyki i Fizjologii Drzew Leśnych (obecnie Zakład Hodowli Lasu i Genetyki Drzew Leśnych) Instytutu Badawczego Leśnictwa w Sękocinie Starym

1993 – 2004 – asystent Zakład Genetyki i Fizjologii Drzew Leśnych Instytutu Badawczego Leśnictwa w Sękocinie Starym

1991 – 1993 – stażysta i technolog Zakład Ekologii Lasu Instytutu Badawczego Leśnictwa w Sękocinie Starym

### 3.1. Staże naukowe

Wrzesień – 1993, Ogród Botaniczny Polskiej Akademii Nauk, Powsin, staż naukowy - zapoznanie z techniką analiz izoenzymatycznych nad zmiennością genetyczną pszenicy.

Październik – Listopad 1993, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, staż naukowy - zapoznanie z techniką analiz izoenzymatycznych sosny pospolitej.

Styczeń – 1994, Austria, Federal Forest Research Centre w Wiedniu, staż naukowy - zapoznanie z techniką analiz izoenzymatycznych świerka pospolitego.

Luty – Marzec 1994, Słowacja, Uniwersytet Techniczny w Zvolen, staż naukowy - zapoznanie z techniką analiz izoenzymatycznych dla jodły pospolitej i buka zwyczajnego.

Czerwiec – 2003, Gdańsk, Katedra Mikrobiologii Politechniki Gdańskiej, Immunodetekcja białek. Warsztaty naukowe.

Lipiec – 2009, stypendium uzyskane w ramach projektu Akcji COST E52 Evaluation of Beech Genetic Resources for Sustainable Forestry - Training School Functional And Computational Genomics In Beech w Plant Genetics Institute, National Research Council, Sesto Fiorentino, Włochy.

Listopad – 2011, Francja, INRA Cestas - University of Bordeaux 1, EVOLTREE SUMMER SCHOOL -, "Evolutionary quantitative genetics in natural population of trees", na wyjazd uzyskano stypendium zagraniczne.

### 3.2. Opieka naukowa nad stażystą

Czerwiec – Październik 2010 sprawowałam opiekę merytoryczną podczas stażu naukowego Pani mgr inż. Agaty Ludwиковskiej w Zakładzie Hodowli i Genetyki Drzew Leśnych IBL (Sękocin Stary). Stażystka zapoznała się z następującymi technikami analiz laboratoryjnych: zastosowanie markerów białkowych w badaniach populacji drzew leśnych na przykładzie buka zwyczajnego i jodły pospolitej oraz wykorzystanie markerów molekularnych jądrowych oraz cytoplazmatycznych na przykładzie oceny zmienności genetycznej populacji jarzębu brekinii.

### 3.3. Inne doświadczenia naukowe zdobyte w Polsce i za granicą (państwo, instytucja, rodzaj pobytu, okres pobytu).

Wrzesień 2007 - Warszawa, Serwis dla Biologii Molekularnej, MBS "Bioinformatyka, genomika i biologia systemowa". Warsztaty Naukowe.

Luty 2009 - Warszawa, Serwis dla Biologii Molekularnej, MBS "Analiza Danych Genetycznych – wykorzystanie pakietu statystycznego R-Project". Warsztaty Naukowe.

Październik 2009 – Francja, INRA Orleans, NOVELTREE & TREEBREEDING Workshop on long-term breeding strategies applied to forest trees. Warsztaty Naukowe.

Marzec 2010 – Warszawa, SAS Institute „Przetwarzanie danych w środowisku SAS Enterprise Guide”. Warsztaty Naukowe.

Lipiec 2010 – Warszawa, SAS Institute, “Data Integration Studio, Data Quality, OLAP, Business Intelligence” Szkoła Letnia – Technologia SAS. Warsztaty Naukowe.

Wrzesień 2010 - Szwajcaria, Universite de Fribourg “Evolutionary and Ecological Genomics of Adaptation”. Warsztaty Naukowe.

Marzec 2011 - Sękocin Stary, Instytut Badawczy Leśnictwa, Generalna Dyrekcja L.P., “Zimowa Szkoła – Strategia rozwoju lasów i leśnictwa w Polsce do roku 2030”. Warsztaty Naukowe.

Styczeń 2012 – Słowacja, Technical University Zvolen, ConGRESS project, “Utilization of genetic approaches for effective conservation of endangered species *ConGRESS* project”. Warsztaty Naukowe, na wyjazd uzyskano stypendium zagraniczne.

Luty 2012 – Warszawa, StatSoft Polska, „Obsługa oprogramowania statystycznego – metody wizualizacji danych.” Warsztaty Naukowe.

Marzec 2012 - Sękocin Stary, Instytut Badawczy Leśnictwa, Generalna Dyrekcja L.P., “Zimowa Szkoła – Przyrodnicze i gospodarcze aspekty produkcji oraz wykorzystania drewna”. Warsztaty Naukowe.

Kwiecień 2012 – Warszawa, StatSoft Polska, „Obsługa oprogramowania statystycznego – analizy wielowymiarowe i data mining.” Warsztaty Naukowe.

Wrzesień 2012 – Warszawa, StatSoft Polska, „Obsługa oprogramowania statystycznego – kurs podstawowy.” Warsztaty Naukowe.

Czerwiec 2013 – Warszawa, Serwis dla Biologii Molekularnej, MBS, “Genetyka w ochronie przyrody”. Warsztaty Naukowe.

Marzec 2014 – Sękocin Stary, The Brain, „Sztuka występów publicznych”. Warsztaty psychologiczne, rozwój osobowości.

Kwiecień 2014 – Warszawa, SGGW, COST ACTION FP0905, “Opportunities for enhancement of Integrated Pest Management”. Warsztaty naukowe i sympozjum.

### 3.3. Pełnione funkcje naukowe

Członek Management Committee Cost Action E52 Evaluation of the Genetic Resources of Beech for Sustainable Forestry” – nominacja Ministra Nauki i Informatyzacji – lata 2006 – 2010

Sekretarz Oddziału Warszawskiego Polskiego Towarzystwa Botanicznego – lata 2009 – 2010

Członek Zarządu Głównego Polskiego Towarzystwa Botanicznego – lata 2010 r. - 2013

Redaktor działowy (genetyka) – Leśne Prace Badawcze –lata 2010 -2011

Sekretarz Redakcji *Folia Forestalia Polonica Series A- Forestry* lata od 2011 r. do chwili obecnej.

COST Action no. FP1202, Strengthening conservation: a key issue for adaptation of marginal/peripheral populations of forest trees to climate change in Europe (MaP-FGR): Grupa Robocza 1 i 2 – z wyboru - zaproszenie dr inż. Piotra Markiewicza, RDLP Warszawa (Management Committee, Polska) – lata 2012 - 2016

Członek Zarządu Głównej Komisji Rewizyjnej Polskiego Towarzystwa Botanicznego od 2013 r.

Wice-Przewodniczący Oddziału Warszawskiego Polskiego Towarzystwa Botanicznego od 2013 r.

### 3.4. Nagrody

Nagroda Dyrektora Instytutu Badawczego Leśnictwa III stopnia za wyróżniającą się pracą naukową projektu nt. „Fizjologiczne i biochemiczne aspekty długoterminowego przechowywania generatywnych i wegetatywnych organów i tkanek drzew leśnych” -Instytut Badawczy Leśnictwa, Warszawa, marzec 1998 rok

Nagroda Dyrektora Instytutu Badawczego Leśnictwa II stopnia za realizację i wyróżniającą się obronę pracy doktorskiej nt. „Zmienność genetyczna wybranych cech biologii buka zwyczajnego (*Fagus sylvatica* L.” - Instytut Badawczy Leśnictwa, Warszawa, sierpień 2004 rok

Nagroda Dyrektora Instytutu Badawczego Leśnictwa II stopnia dla zespołu w składzie: dr hab. Iwona Skrzecz, **dr Małgorzata Sułkowska**, mgr inż. Anna Tylman za osiągnięcia związane z rozwojem czasopisma *Folia Forestalia Polonica* – Series A Forestry - Instytut Badawczy Leśnictwa, Warszawa, marzec 2013 rok

4. Wskazanie osiągnięcia\* wynikającego z art. 16 ust. 2 ustawy z dnia 14 marca 2003 r. o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. nr 65, poz. 595 ze zm.):

### B. Cykl publikacji stanowiący podstawę do ubiegania się o tytuł doktora habilitowanego nt.

#### „Międzypokoleniowe zróżnicowanie struktury genetycznej polskich populacji buka zwyczajnego (*Fagus sylvatica* L.)”

obejmuje następujące publikacje naukowe:

1. **Sułkowska, M.** 2006: Zróżnicowanie ekotypowe populacji buka zwyczajnego (*Fagus sylvatica* L.) w Polsce. *Sylvan*, **150** (7): 38-50. Ang. abstrakt
2. Bodył, M., **Sułkowska, M.** 2007: Ocena zróżnicowania nasion buka zwyczajnego (*Fagus sylvatica* L.) w Polsce w latach 1992–2004. *Sylvan*, **151** (9): 12–21. Ang. abstrakt
3. **Sułkowska, M.**, Kowalczyk, J., Przybylski, P. 2008: Zmienność genetyczna i ekotypowa buka zwyczajnego (*Fagus sylvatica* L.) w Polsce (Genetic and ecotype diversity of European beech (*Fagus sylvatica* L.) in Poland). *Leśne Prace Badawcze*, **69** (2): 133-142. Ang. abstrakt
4. **Sułkowska, M.** 2010: Genetic and ecotype characterization of European beech (*Fagus sylvatica* L.) in Poland. *Acta Silvatica et Lignaria Hungarica*, Vol. **6** (2010): 115-122.

5. **Sułkowska, M.**, Charkot, S. 2010: Genetic foundations of ecotype differentiation of European beech (*Fagus sylvatica* L.) in Poland. *Annals of Warsaw University of Life Sciences SGGW, Forestry and Wood Technology*, No 73: 15-23.
6. **Sułkowska, M.**, Nowakowska, J. 2011: Genetic structure of European beech of mother and progeny stands in Poland on the basis of DNA chloroplast markers. *Forestry Ideas*, Vol. 17(2011): 1(41): 21-26.
7. **Sułkowska, M.**, Gömöry, D., Paule, L. 2012: Genetic diversity of European beech in Poland estimated on the basis of isoenzyme analyses. *Folia Forestalia Polonica, series A, Forestry*, Vol. 54 (1): 48–55.

**Szczegółowe zestawienie wszystkich publikacji wraz z oceną wartości punktów publikacji według roku opublikowania zawiera – Załącznik 4.**

**Zaświadczenie w załączeniu, potwierdzające procentowy udział i zakres pracy autorów w cyklu artykułów tematycznym – załącznik 5.**

**C. Omówienie celu naukowego/artystycznego ww. pracy/prac i osiągniętych wyników wraz z omówieniem ich ewentualnego wykorzystania.**

Wyniki omówionych poniżej publikacji dotyczą analiz dynamiki zmian struktury genetycznej wybranych polskich populacji buka zwyczajnego (*Fagus sylvatica* L.), na podstawie charakterystyki genetycznej drzewostanów matecznych i potomstwa w naturalnym zasięgu występowania gatunku oraz oceny systemu krzyżowania dojrzałych drzewostanów matecznych. Charakterystyka zróżnicowania struktury genetycznej populacji wykonana została na podstawie markerów białkowych (izoenzymów) oraz informacji genetycznej zawartej w DNA jądrowym i chloroplastowym.

Podstawowymi tezami pracy są: zmienność ekotypowa buka w Polsce na podstawie analizy siedliskowej i dendrometryczno-fitosocjologicznej populacji matecznych, wykorzystanie markerów białkowych i ocena systemu krzyżowania w badaniach populacji matecznych i potomnych buka, zbadanie filogenetycznych powiązań między badanymi populacjami w obrębie gatunku w oparciu o markery RAPD, ocena przepływu genów między pokoleniami na podstawie analiz DNA mikrosatelitarnego badanych pochodzeń.

Wyniki opracowań stanowią ważny element charakterystyki hodowlanej badanych populacji buka w naturalnym zasięgu występowania gatunku w Polsce. Ponadto omówione zostały możliwości zastosowania uzyskanych wyników w praktyce leśnej, m.in. w regionalizacji zasobów genowych oraz znaczenie przepływu genów w kształtowaniu obecnej struktury genowej badanych populacji buka zwyczajnego.

W przedstawionym cyklu publikacji zainteresowanie koncentrowało się na problematyce:

- populacyjnej zmienności buka w aspekcie historii migracji gatunku po okresie zlodowacenia (**Sułkowska** 2006, Bodył, **Sułkowska** 2007, **Sułkowska** et al. 2012)
- siedliskowego zróżnicowania wybranych do badań populacji buka (**Sułkowska** et al. 2008, **Sułkowska**, Charkot 2010)

- zachowaniu puli genowej populacji rodzicielskich w pokoleniach potomnych analizowanych pochodzeń buka (Sułkowska 2010, Sułkowska, Nowakowska 2011).

Znaczenie tych zagadnień przedstawiono w cyklu publikacji omawiających kolejno:

1. Populacyjna zmienność buka w aspekcie historii migracji gatunku po okresie zlodowacenia.

1a. Sułkowska, M. 2006: Zróżnicowanie ekotypowe populacji buka zwyczajnego (*Fagus sylvatica* L.) w Polsce. *Sylwan* **150**, (7): 38-50

Cel pracy: ocena różnorodności biologicznej buka zwyczajnego (*Fagus sylvatica* L.) w jego naturalnym zasięgu występowania w Polsce, w aspektach zmienności genetycznej, fizjologicznej oraz ekologicznej wybranych populacji w zakresie:

- badań siewek w szkółce umożliwiających obserwacje cech wzrostowych i adaptacyjnych,
- założenia powierzchni proveniencyjnej i badania cech przyrostowych i odporności na niekorzystne czynniki środowiska w określonych warunkach siedliskowych,
- oceny zmienności genetycznej, na podstawie analiz izoenzymatycznych, populacji buka w Polsce w naturalnym zasięgu występowania, ze szczególnym uwzględnieniem zwartych kompleksów leśnych w Bieszczadach oraz drzewostanów wyselekcjonowanych (WDN) wybranych do badań pochodzeń.

Do badań proveniencyjnych wybrano 12 pochodzeń buka z drzewostanów wyselekcjonowanych o charakterze drzewostanów nasiennych (WDN), reprezentujących naturalny zasięg geograficzny gatunku w Polsce. Są one drzewostanami rodzimego pochodzenia i reprezentują największe zwarte kompleksy leśne z dużym udziałem buka między innymi: bieszczadzkiego, roztoczańskiego, świętokrzyskiego i pomorskiego.

Do oceny zmienności genetycznej buka w Polsce wybrano 26 populacji w naturalnym zasięgu występowania gatunku, stanowiących dobrze zachowane fragmenty dużych kompleksów leśnych, ze szczególnym uwzględnieniem buka bieszczadzkiego, o często jednogatunkowym charakterze drzewostanów.

Podsumowanie wyników: Potwierdzono znaczenie zróżnicowania badanych proveniencji buka w zakresie charakterystyki morfologicznej nasion i liści oraz cech adaptacyjnych, wzrostowych i fenologicznych. Podkreślono duże znaczenie zmienności wewnątrz-proveniencyjnej dla ogólnej oceny zmienności proveniencji, uwarunkowanej selekcją osobniczą zachodzącą w populacjach podlegających określonym czynnikom klimatyczno-siedliskowym. Wykonane badania podkreślają konieczność doboru proveniencji do warunków środowiska, ze szczególnym uwzględnieniem ich zróżnicowania fenologicznego. Z uzyskanych wyników badań wyływają następujące wnioski:

- Pomiary wielkości nasion i liści wykazały różnice średnich z populacji charakteryzujących: długość i szerokość oraz współczynnik kształtu (D/S), przy poziomie istotności  $\alpha = 0,001$ . Zmienność wielkości nasion i liści jest cechą umożliwiającą rozróżnienie proveniencji buka typowych dla siedlisk górskich i nizinnych. Proveniencje buka Polski Północnej i Środkowej charakteryzowały się większymi nasionami i liśćmi niż populacje górskie (Południowa Polska).

- Obserwacje fenologiczne pozwalają wyróżnić proveniencje buka wczesnie rozpoczynające sezon wegetacyjny, przy niemal jednoczesnym terminie rozpoczęcia pędzenia przez wszystkie osobniki), o wysokiej odporności na przymrozki: Śnieżka, Łądek i Łągów (głównie pochodzenia górskie) oraz proveniencje charakteryzujące się dłuższym okresem rozwoju liści, przy wysokiej zmienności wyróżnionych faz fenologicznych: Staszów, Brzeziny, Kartuzy i Młynary (proveniencje z niższych położeń względem poziomu morza).
- Charakterystyka cech wzrostowych wyróżniła proveniencje plastyczne, dobrze adaptujące się do nowych warunków środowiska, o wysokiej przeżywalności i przyrostach rocznych (proveniencje sudeckie) i mało plastyczne z granicy zasięgu (proveniencja Kartuzy).
- Uzyskane wyniki oceny zmienności genetycznej na podstawie analiz izoenzymatycznych wskazują na nieznaczne zubożenie genetyczne populacji z północy Polski (Młynary i Świerczyna) w stosunku do populacji południowych (Moczarnie i Łądek), co może potwierdzić główne kierunki migracji gatunku po okresie zlodowacenia z refugium w południowej części kontynentu europejskiego.

1b. Bodył, M., **Sułkowska, M.** 2007: Ocena zróżnicowania nasion buka zwyczajnego (*Fagus sylvatica* L.) w Polsce w latach 1992–2004. *Sylwan*, **151** (9): 12–21.

Cel pracy: oszacowanie zróżnicowania wielkości i zdrowotności nasion buka zwyczajnego (*Fagus sylvatica* L.) polskich pochodzeń stanowiło przedmiot badań w latach 1992–2004. Nasiona buka zebrano w 1992 r., w trzynastu drzewostanach bukowych, zaś po wykonaniu ich oceny wielkości i standardowych prób zdrowotności i kiełkowania przeznaczono je do wysiewu w celu założenia doświadczenia proveniencyjnego. W kolejnych latach kontynuowano pomiary i obserwacje nasion buka, na podstawie prób dostarczanych do stacji oceny nasion IBL w Sękocinie Starym.

Podsumowanie wyników: Zgromadzono informacje na temat regionów nasiennych wytypowanych do badań proveniencji, dotyczące między innymi: klimatu, geologii terenu i fitosocjologii zbiorowisk. Reprezentują one naturalną zmienność buka w Polsce od wysokogórskich zbiorowisk, o srogim klimacie, krótkim okresie wegetacyjnym i ubogich glebach do żyznych gleb Pomorza znajdujących się pod wpływem łagodniejszego klimatu morskiego, o długim okresie wegetacyjnym. Drzewostany opisano na podstawie dostępnych w nadleśnictwach informacji: planów urządzania gospodarstw leśnych oraz opisów taksacyjnych drzewostanów.

Standardowa ocena zdrowotności wykonana dla nasion zebranych w wyselekcjonowanych nasiennych drzewostanach wykazała, że nasiona większości proveniencji przeznaczonych do założenia doświadczenia charakteryzowały się bardzo wysokim procentem zdrowych nasion – zwykle powyżej 80 %. Cecha ta wykazuje zróżnicowanie geograficzne. Nasiona zebrane w Sudetach charakteryzowała najwyższa zdrowotność – 96%.

Średnią długość nasion populacji charakteryzowały wartości od 14,63 mm – Sucha do 16,86 mm – Staszów. Współczynnik zmienności dla tej cechy zawarty był w granicach 7,11 – 9,99 %, odpowiednio Wetlina i Sucha. Średnia szerokość nasion wahała się od wartości 8,28 mm – Wetlina do 9,44 mm – Staszów. Najwyższą zmiennością tej cechy wyróżniła się proveniencja Łądek – współczynnik zmienności 12,63%, zaś najmniej zmienna była proveniencja Świerczyna – 8,99%. Średnie wartości współczynnika kształtu nasion badanych proveniencji zawarte były w granicach wartości: 1,70 Sucha

– 1,84 Kartuzy i Świerczyna, przy współczynniku zmienności w granicach od 8,99% – Świerczyna do 13,51% – Łągów. Proweniencje buka Polski Północnej i Środkowej charakteryzowały się wyraźnie większymi nasionami niż populacje górskie (Południowa Polska). Średnia wielkość nasion oszacowana na podstawie wszystkich badanych proveniencji przedstawiała się następująco: długość – 15,80 mm, szerokość – 8,85 mm, długość/szerokość – 1,80.

Charakterystyka wielkości nasiona polskich proveniencji wskazuje, że były one krótsze, lecz bardziej smukłe niż w regionach sąsiednich, a średnie wartości długości i szerokości nasion były skorelowane z wysokością nad poziom morza drzewostanów nasiennych buka, w których zostały zebrane. Podobne wyniki badań uzyskano w sąsiednich regionach na Ukrainie (Parpan et al. 1987)<sup>1</sup>; oraz w Czechach i Słowacji (Šmelková 1991)<sup>2</sup>.

Wyniki analiz danych dotyczących cech nasion buka zwyczajnego, zebranych w latach 1995 – 2004, wskazują na istotne różnice masy tysiąca nasion i żywotności pomiędzy populacjami, występującymi na terenie kraju w granicach naturalnego zasięgu tego gatunku. Najwyższą żywotnością charakteryzowały się nasiona pochodzące z Karpat, Sudetów i Pomorza, najniższą osiągały nasiona wytworzone w drzewostanach porastających wyżyny wschodniej Polski. Najniższą masę tysiąca nasion wyróżniały się górskie populacje, a najwyższą zaś pomorskie. Ciężar nasion nie wpływał jednak na ich żywotność. Nasiona wytworzone w latach silnego urodzaju cechowały się bardzo wysoką żywotnością, słabą zaś w latach o niskim poziomie obradzania. Rutynowa ocena zdrowotności nasion oprócz aspektu gospodarczego, polegającego na określeniu wartości siewnej nasion dla potrzeb szkółek leśnych, może pełnić również inną rolę. System długookresowych periodycznych obserwacji i rejestracji jakości nasion drzew leśnych dostarcza wielu danych, dotyczących zmian żywotności nasion w czasie oraz jej przestrzennego zróżnicowania. Uzyskane informacje mogą być wykorzystywane przez jednostki administracyjne Lasów Państwowych przy podejmowaniu zoptymalizowanych decyzji planistycznych, hodowlanych i gospodarczych.

1c. **Sułkowska, M.**, Gömöry, D., Paule, L. 2012: Genetic diversity of European beech in Poland estimated on the basis of isoenzyme analyses. *Folia Forestalia Polonica, series A, Forestry*, Vol. **54** (1): 48–55

Cel pracy: ocena zmienności i zróżnicowania genetycznego populacji buka zwyczajnego (*Fagus sylvatica* L.) w obrębie naturalnego zasięgu występowania w Polsce. Ocena poziomu zubożenia genetycznego populacji polskich, w odniesieniu do innych europejskich populacji gatunku. Podstawę wnioskowania w badaniach stanowiły rozważania dotyczące migracji gatunku po okresie ostatniego zlodowacenia.

#### Podsumowanie wyników:

Zmienność i zróżnicowanie genetyczne 26 populacji buka zwyczajnego polskich populacji określono za pomocą dziewięciu markerów układów białek enzymatycznych: transaminazy glutaminianowo-szczawiooctowej (GOT - EC 2.6.1.1), L-leucyloaminipeptydazy (LAP - EC 3.4.11.1) dehydrogenazy izocytrynianowej (IDH - EC 1.1.1.42), dehydrogenazy jabłczanowej (MDH - EC 1.1.1.37), reduktazy

<sup>1</sup> Parpan, W.I., Zelez, P.A. & Yatsyk, R.M. 1987. Ob ismienciwosci semian buka ewropejskowo. *Lesovodstvo y Agrolesomeliorsiya* 74: 52–56.

<sup>2</sup> Šmelková, L. 1991. Variation in beech (*Fagus sylvatica* L.) seed. In: *Proceedings IUFRO – Buchensymposium*. Š. Korpeľ & L. Paule (eds.). Zvolen 3 – 6. 6. 1988: 93–99.



menadionu (MNR - EC 1.6.99.2), mutazy glukozofosforanowej (PGM - EC 2.7.5.1), izomerazy glukozo-6-fosforanowej (PGI - EC 5.3.1.9), peroksydaza (PX - EC 1.11.17) i dehydrogenazy szikimianowej (SKDH - EC 1.1.1.25). Oszacowane zostały częstości alleli w badanych loci genowych i obliczono wartości heterozygotyczności obserwowanych oraz oczekiwanych (Nei 1974)<sup>3</sup>, z wykorzystaniem pakietu BIOSYS 1 (Swofford i Selander 1981)<sup>4</sup>. Obliczono także efektywną liczbę alleli na locus (Crow i Kimura 1970)<sup>5</sup> oraz indeks wsobności (Wright 1965)<sup>6</sup> aby oszacować poziom odchylenia populacji od zakładanego stanu równowagi, przy założeniu losowego systemu krzyżowania. Oszacowano dystanse genetyczne między populacjami Nei (1972)<sup>7</sup>, a następnie skonstruowano dendrogram obrazujący poziom zróżnicowania genetycznego populacji. Uzyskane badań odniesiono do poziomu zmienności i zróżnicowania genetycznego innych populacji europejskich z regionów: Czech i Moraw, Słowacji, Ukrainy i Rumunii wcześniej publikowanych wyników badań Gömöry et al. (1995, 1998, 2003)<sup>8,9,10</sup>.

Polskie populacje buka charakteryzuje podobny poziom zmienności genetycznej i zróżnicowania jak w pozostałych regiony Europy. Wykazano, że wszystkie analizowane loci genowe charakteryzował wysoki, do 100% poziom polimorfizmu genetycznego. Pochodzenia buka z północy Polski (Młynary i Świerczyna) wykazały nieznaczny poziom zubożenia genetycznego, wyrażonego nieznacznym spadkiem średniej (i efektywnej) liczby alleli na locus oraz polimorficzności loci. Populacja sztucznego pochodzenia (Świebodzin) wykazała podobnie niski poziom zmienności genetycznej, jak północne nizinne populacje. Najwyższe wartości bogactwa genetycznego stwierdzono we wschodniej części Karpat – w Bieszczadach, np. Caryna i Folsz oraz w Sudetach (Śnieżka). Analiza dróg migracji gatunku po okresie zlodowacenia z jednego refugium może stanowić wyjaśnienie tej sytuacji. Nieoczekiwanie wysoki procent polimorficzności genetycznej zaobserwowano w populacji Brzeziny, zlokalizowanej na granicy zasięgu geograficznego buka w Polsce. Zjawisko to tłumaczyć można „efektem założycielskim” populacji zasiedlającej dany teren po okresie zlodowacenia.

Ujemne wartości indeksu wsobności (fiksacji) oszacowano w populacjach buka z Karpat oraz z Gór Świętokrzyskich, co może zostać wytłumaczone, przez preferowanie w populacjach nadmiaru heterozygot na skutek zaburzeń losowego systemu krzyżowania w populacji (brak równowagi Hardy – Weinberga).

Generalnie allele znalezione w badanych populacjach można podzielić na allele niespecyficzne regionalnie, to jest występujące w całym zasięgu buka na analizowanym obszarze jak np. allele *Mdh-1* czy geny kodujące peroksydazy: *Px-1* i *Px-2*. Inne allele zaś można określić jako specyficzne dla

<sup>3</sup> Nei, M. 1974. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* 89:583–590.

<sup>4</sup> Swofford, D.L., Selander, R.B. 1981. Biosys-1. User Manual. University of Illinois.

<sup>5</sup> Crow, J.F., Kimura, M. 1970. Introduction to Population Genetics Theory. Harper and Row. New-York.

<sup>6</sup> Wright, S. 1965. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*. 19: 395–420.

<sup>7</sup> Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. *American Naturalist* 106:283–292.

<sup>8</sup> Gömöry, D., Vyšný, J., Paule, L. 1995. Genetic differentiation of populations in the transition zone between *Fagus sylvatica* L. and *Fagus orientalis* Lipsky. *Proceedings of the 5th Beech Symposium of the IUFRO Project Group P1.10-00*. 19 – 24 September 1994. Mogenstrup. Denmark. *Forskningsserien* 11: 69 – 82.

<sup>9</sup> Gömöry, D., Hynek, V., Paule, L. 1998. Delineation of seed zones for European beech (*Fagus sylvatica* L.) in the Czech Republic based on isoenzyme gene markers. *Annales des Sciences Forestières* 55: 425–436.

<sup>10</sup> Gömöry, D., Paule, L., Schvadchak, M., Popescu, F., **Sułkowska, M.**, Hynek, V., Longauer R. 2003. Spatial patterns of the genetic differentiation in European beech (*Fagus sylvatica* L.) at allozyme loci in the Carpathians and adjacent regions. *Silvae Genetica* 52(2): 78–83.

danego regionu - takie jak: *Lap-1A* (Sudety, Pomorze), *Got-2C* (Bieszczady, Gryfino, Rumunia), *Mdh-1B* (Góry Świętokrzyskie, Rumunia), *Mdh-3D* (Rumunia), *Mdh-3D* (Ukraina), *Pgi-1D* (Bieszczady, Zachodnia Słowacja), *Skdh-D* (Słowacja).

## 2. Siedliskowe zróżnicowanie wybranych do badań populacji buka

2a. **Sułkowska, M.**, Kowalczyk, J., Przybylski, P. 2008: Zmienność genetyczna i ekotypowa buka zwyczajnego (*Fagus sylvatica* L.) w Polsce (Genetic and ecotype diversity of European beech (*Fagus sylvatica* L.) in Poland). *Leśne Prace Badawcze*, **69** (2): 133-142.

Cel pracy: analiza zróżnicowania cech adaptacyjnych wybranych do badań proveniencji buka w naturalnym zasięgu gatunku w Polsce w nawiązaniu do charakterystyki zmienności zajmowanych siedlisk. Na podstawie analiz izoenzymatycznych oceniano również zmiany struktury genetycznej populacji matecznych w odniesieniu do ich pokoleń potomnych.

Podsumowanie wyników: Do badań wytypowano 9 powierzchni badawczych buka w populacjach reprezentujących wybrane regiony pochodzenia leśnego materiału podstawowego. Powierzchnie reprezentują cały zakres zmienności siedlisk, na których występuje gatunek w warunkach Polski, w naturalnym zasięgu geograficznym. Na powierzchniach badawczych, o powierzchni 1 ha każda, pobrano próby glebowe z 5 profili glebowych na głębokości: 0–20 cm i 20–40 cm.

Porównano podstawowe charakterystyki właściwości glebowych z parametrami zmienności genetycznej (między innymi: procentem loci polimorficznych, średnią liczbę alleli na locus, heterozygotycznością) populacji matecznych oraz dla ich pokoleń potomnych. Wykonano analizę regresji i korelacji wszystkich badanych cech oraz obliczono istotność korelacji. Dla cech istotnie statystycznie skorelowanych podano współczynnik korelacji liniowej Pearsona wraz z poziomem istotności korelacji. Charakterystyka zmienności genetycznej badanych populacji buka oraz ich potomstwa wykonana została na podstawie analiz białkowych: L-leucyloaminipeptydazy (LAP – EC 3.4.11.1 – *Lap-1*), transaminazy glutaminianowo-szczawiooctowej (GOT – EC 2.6.1.1 – *Got-2*), reduktazy menadionu (MNR – EC 1.6.99.2), dehydrogenazy jabłczanowej (MDH – EC 1.1.1.37 – *Mdh-1*, *Mdh-2*, *Mdh-3*), dehydrogenazy szikimianowej (SKDH – EC 1.1.1.25), fosfoglucoizomerazy (PGI – EC 5.3.1.9 – *Pgi-2*) i fosfoglukomutazy (PGM – EC 2.7.5.1) oraz markerów DNA - RAPD: H02, H12, P06, W09, W11 (firmy Operon).

Znaleziono istotny związek pomiędzy zróżnicowaniem genetycznym badanych pochodzeń buka zwyczajnego i ich potomstwa, a zawartością substancji mineralnych i łatwo przyswajalnych jonów przez rośliny w glebie. Korelacje znaleziono dla takich pierwiastków jak bor, potas i molibden, które są niezbędne do prawidłowego wzrostu i funkcjonowania roślin. Pochodzenia buka z siedlisk żyznych, o wyższym pH gleby charakteryzowały się zwykle wyższym poziomem zmienności parametrów genetycznych. Istotność korelacji pomiędzy obliczonymi parametrami zróżnicowania genetycznego a właściwościami chemicznymi gleby, stanowi potwierdzenie słuszności o nie przenoszeniu populacji poza rejony o podobnym zakresie zmienności siedliskowej.

Uzyskane wyniki badań w formie zaleceń przekazane zostały do wiadomości Generalnej Dyrekcji Lasów Państwowych – **M. Sułkowska** 2007. Wstępne wytyczne wykorzystania ekotypów buka zwyczajnego (*Fagus sylvatica* L.) na skalę gospodarczą. Instytut Badawczy Leśnictwa (maszynopis),

w ramach realizacji projektu – BLP248 Genetyczne uwarunkowania zmienności ekotypowej buka zwyczajnego (*Fagus sylvatica* L.).

2b. **Sulkowska, M.**, Charkot, S. 2010: Genetic foundations of ecotype differentiation of European beech (*Fagus sylvatica* L.) in Poland. Annals of Warsaw University of Life Sciences SGGW, Forestry and Wood Technology No 73, 2010; 15-23.

Cel pracy: Do badań wytypowano 9 drzewostanów bukowych, których kryterium wyboru stanowił zakres zmienności siedlisk reprezentowanych przez pochodzenia: żyzną buczyną pomorską (Gryfino i Kartuzy), żyzną buczyną sudecką (Zdroje), żyzną buczyną karpacką (Lutowiska i Łosie), kwaśną buczyną (Miechów, Tomaszów Lubelski, Zwierzyniec i Suchedniów). Scharakteryzowano warunki siedliskowe populacji buka pod względem klimatu i glebowe, wykonano charakterystykę fitosocjologiczną zbiorowisk oraz określono zakres ekologicznych liczb wskaźnikowych.

Następstwem procesu migracji buka po okresie zlodowaceń było zmniejszenie zróżnicowania genetycznego populacji na nowo zasiedlanych terenach z powodu: – zawężenia puli genetycznej do zmienności osobników, które uczestniczyły w procesie migracji, selekcji genotypów podczas procesu zasiedlania (formowania zbiorowisk) – na skutek krzyżowania się blisko spokrewnionych osobników w mało licznych grupach. Pewne genotypy były faworyzowane pod wpływem czynników środowiska, w efekcie następowała eliminacja z populacji osobników nieodpornych i specjacja zamierzająca do powstania ekotypów glebowych.

Podsumowanie wyników: Dziewięć populacji wytypowanych dla buka w Polsce zaklasyfikowano jako następujące zbiorowiska roślinne, reprezentujące: *Galio-odorati-Fagetum* (Gryfino i Kartuzy), *Dentario glandulosae-Fagetum* (Lutowiska i Łosie), *Luzulo-luzuloides-Fagetum* (Miechów, Suchedniów, Tomaszów, Zwierzyniec) i *Dentario enneaphyllidis-Fagetum* (Zdroje). Charakterystyka warunków siedliskowych populacji jak: klimatyczne, glebowe oraz klasyfikacja fitosocjologiczna wykorzystane zostały do oszacowania ekologicznych liczb wskaźnikowych (Zarzycki et al. 2002)<sup>11</sup>.

Charakterystyka zmienności genetycznej wybranych populacji buka wykonana została na podstawie analiz białkowych: L-leucyloaminopeptydazy (LAP – EC 3.4.11.1 – *Lap-1*), transaminazy glutaminianowo-szczawiooctowej (GOT – EC 2.6.1.1 – *Got-2*), reduktazy menadionu (MNR – EC 1.6.99.2), dehydrogenazy jabłczanowej (MDH – EC 1.1.1.37 – *Mdh-1*, *Mdh-2*, *Mdh-3*), dehydrogenazy szikimianowej (SKDH – EC 1.1.1.25), fosfoglucoizomerazy (PGI – EC 5.3.1.9 – *Pgi-2*) i fosfoglukomutazy (PGM – EC 2.7.5.1) oraz markerów DNA - RAPD: H02, H12, P06, W09, W11 (firmy Operon).

Wyniki oceny zmienności genetycznej pozyskanego materiału roślinnego buka na podstawie analiz izoenzymatycznych i DNA wykazały wysokie zróżnicowanie wewnątrz-populacyjne analizowanych frekwencji pojawiania się poszczególnych markerów oraz oszacowanych wartości parametrów genetycznych. Średnia liczba alleli na locus oszacowana na podstawie analiz izoenzymatycznych, wahała się w granicach od 1,90 (Kartuzy, Zdroje) do 2,30 (Tomaszów), a w przypadku markerów DNA populację Kartuzy również charakteryzowała najniższa wartość tego parametru – 1,82; wysoką średnią liczbą alleli na locus zanotowano w pochodzeniach z południa Polski: Łosie, Zdroje, Gryfino – 2,0. Dystans genetyczny oszacowany na podstawie markerów białkowych dzieli badane populacje na

<sup>11</sup> Zarzycki, K., Trzczińska-Tacik, H., Różański, W., Szelaż, Z., Wołek, J. 2002. Ekologiczne liczby wskaźnikowe roślin naczyniowych Polski. Instytut Botaniki im. Wł. Szafera. PAN. Kraków.

dwie grupy. Jedna z nich obejmuje populacje o nieco zaburzonej strukturze względem oczekiwanego stanu równowagi, zgodnego z prawem Hardy'ego-Weinberga (heterozygotyczność obserwowana wykazuje różnice względem oczekiwanej), tj.: Gryfino – o prawdopodobnie sztucznym pochodzeniu i Zwierzyniec – zlokalizowaną na granicy naturalnego zasięgu. W drugiej grupie na jednym ramieniu zaklasyfikowane zostały populacje: Miechów i Zdroje porastające gleby o podłożu wapiennym. Dystans genetyczny oszacowany na podstawie markerów DNA RAPD wskazują na jednorodność genetyczną badanych pochodzeń buka z wyłączeniem bieszczadzkiej populacji Lutowiska.

Markery białkowe (izoenzymy) jak i markery DNA-RAPD wykazały, że większość analizowanych populacji buka zwyczajnego charakteryzuje się stabilną strukturą genetyczną, nie stwierdzono przy tym wyraźnego zubożenia genetycznego populacji z Polski północnej, względem populacji południowych.

### 3. Zachowanie puli genowej populacji rodzicielskich w pokoleniach potomnych analizowanych pochodzeń buka

3a. **Sulkowska, M.** 2010: Genetic and ecotype characterization of European beech (*Fagus sylvatica* L.) in Poland. *Acta Silvatica et Lignaria Hungarica*, Vol. 6 (2010): 115-122.

Cel pracy: przedstawienie genetycznej i ekotypowej charakterystyki 9 populacji wytypowanych dla buka w Polsce zbiorowisk roślinnych reprezentujących: *Galio-odorati-Fagetum* (Gryfino i Kartuzy), *Dentario glandulosae-Fagetum* (Lutowiska i Łosie), *Luzulo-luzuloides-Fagetum* (Miechów, Suchedniów, Tomaszów, Zwierzyniec) i *Dentario enneaphyllidis-Fagetum* (Zdroje). Wykonano ocenę zróżnicowania genetycznego populacji buka oraz jego potomstwa na podstawie analiz izoenzymatycznych: L-leucyloaminipeptydazy (LAP – EC 3.4.11.1 – *Lap 1*), transaminazy glutaminianowo-szczawiooctowej (GOT – EC 2.6.1.1 – *Got 2*), reduktazy menadionu (MNR – EC 1.6.99.2), dehydrogenazy jabłczanowej (MDH – EC 1.1.1.37 – *Mdh 1, Mdh 2, Mdh 3*), dehydrogenazy szikimianowej (SKDH – EC 1.1.1.25), fosfoglucoizomerazy (PGI – EC 5.3.1.9 – *Pgi 1*) i fosfoglukomutazy (PGM – EC 2.7.5.1) oraz DNA w oparciu o analizy markerów RAPD przy użyciu pięciu starterów: H02, H12, P06, W09, W11 – populacje mateczne. Na podstawie otrzymanych wyników obliczono podstawowe parametry genetyczne oraz wykreślono dendrogramy podobieństwa genetycznego populacji oraz ich potomstwa.

Podsumowanie wyników: Analizy ekologicznych liczb wskaźnikowych wg Zarzycki et al. (2002)<sup>11</sup> wykazały praktycznie jednorodność warunków siedliskowych badanych populacji buka. Cztery typy zbiorowisk wybranych do badań populacji mimo swego zróżnicowania struktury wewnętrznej (liczby gatunków i ich składu) są zaskakująco jednorodne pod względem warunków siedliskowych, na co wskazują ekologiczne liczby wskaźnikowe. Wartości wskaźników klimatycznych: świetlnego wskazują, że jest to półcień, a wskaźnika termicznego, że są to umiarkowanie chłodne warunki klimatyczne na niżu lub w reglu dolnym – zależnie od położenia. Wartości wskaźników edaficznych świadczą, iż pod względem składu mechanicznego są to gleby gliniasto-piaszczyste lub piaszczysto-gliniaste ze znacznym udziałem części szkieletowych, a pod względem humusu gleby mineralno-próchniczne. Różnią je wyłącznie czynniki wilgotności i kwasowości.

W przypadku populacji matecznych na podstawie analiz izoenzymatycznych wykazano, że najwyższą średnią liczbę alleli na locus – 2,3, charakteryzowała się populacja Miechów, zaś najniższą populacje Kartuzy i Zwierzyniec – 1,9. Procent loci polimorficznych, podobnie jak średnia liczba alleli na locus

nie wykazywał cech zróżnicowania o charakterze klinalnym, lecz ekotypowym. Wysoki procent loci polimorficznych stwierdzono zarówno w populacjach południowej części Polski, środkowej jak i północnej – 77,8%. Równie wysokim procentem loci polimorficznych wyróżniła się populacja buka z granicy naturalnego zasięgu Tomaszów Lubelski. Wysokie wartości heterozygotyczności obserwowanej i duże różnice pomiędzy heterozygotycznością obserwowaną a oczekiwaną znaleziono w populacjach Gryfino, o przypuszczalnie sztucznym pochodzeniu oraz Zwierzyniec z granicy naturalnego zasięgu gatunku. Dendrogram sporządzony na podstawie matrycy podobieństw dystansu genetycznego między populacjami dzieli analizowane populacje na dwie główne grupy, z których pierwsza obejmuje populacje Zwierzyniec i Gryfino. Trudno wnioskować o zróżnicowaniu genetycznym pozostałych populacji drugiej grupy w oparciu o regiony geograficzne, ponieważ bliskie sobie położenie znajdują populacje bardzo odległe geograficznie, jak np. Kartuzy i Suchedniów. Potwierdza to istnienie wpływu środowiska na obraz zróżnicowania genetycznego buka.

Analizy izoenzymatyczne pokolenia potomnego buka wykazały, że najwyższą średnią liczbę alleli na locus – 2,7 charakteryzowała się populacja Gryfino, zaś najniższą populacje Łosie i Zwierzyniec – 2,3. Wysoki procent loci polimorficznych (88,9%) stwierdzono w większości badanych pochodzeń z wyjątkiem Łosi i Zwierzyniec (66,7%). Wysoką wartością heterozygotyczności obserwowanej znaleziono w pochodzeniu Łosie, niską wartością tego parametru charakteryzowało się pochodzenie ze Zwierzyniec – odpowiednio 0,240 i 0,219. Największą różnicę pomiędzy heterozygotycznością obserwowaną a oczekiwaną oszacowano w Miechowie. Dendrogram sporządzony na podstawie matrycy podobieństw dystansów genetycznych między populacjami, dzieli analizowane populacje na dwie główne grupy, z których jedna obejmuje populację Tomaszów, zaś druga grupa pozostałe pochodzenia. Bliskie sobie położenie na dendrogramie znajdują populacje bardzo odległe geograficznie, jak np. Gryfino, Zdroje, Zwierzyniec i Lutowiska.

Na podstawie analiz izoenzymatycznych stwierdzono, że analizowane parametry zmienności genetycznej (średnia liczba alleli na locus, procent loci polimorficznych oraz wartość heterozygotyczności obserwowanej i oczekiwanej) mają większe średnie wartości w pokoleniu potomnym niż w populacjach matecznych. Świadczy to o losowym systemie krzyżowania badanych populacji, zapewniającym stabilność przyszłych pokoleń, bez zubożenia genetycznego. Zachowanie równowagi genetycznej badanych populacji buka znajduje wyraz także w braku różnic między heterozygotycznością obserwowaną a oczekiwaną pokoleń potomnych. Procent loci polimorficznych, podobnie jak średnia liczba alleli na locus, wykazywały zróżnicowanie o charakterze ekotypowym.

Wyniki badań dotyczące markerów DNA wskazują wysoki stopień polimorficzności wynoszący od 81,82% do 100% we wszystkich badanych populacjach. Do populacji odznaczających się najwyższym procentem polimorficznych loci należały Gryfino, Łosie oraz Zdroje, a najniższym – Kartuzy i Miechów. Wartość heterozygotyczności wahała się od 0,268 – dla populacji z Kartuz do 0,334 – dla populacji z Gryfina.

Najwyższe wartości średniej liczby alleli na locus zaobserwowano w populacjach: Gryfino, Łosie i Zdroje. Najmniejszą wartością tej cechy wyróżniły się populacje: Kartuzy i Miechów. Populacja Zdroje wykazała najwyższą efektywną liczbę alleli na locus, najniższą zanotowano dla Miechowa.

Uzyskane wyniki oceny zmienności genetycznej pozyskanego materiału roślinnego buka na podstawie analiz izoenzymatycznych i DNA wykazały, że zakres wartości wskaźników charakteryzujących zróżnicowanie genetyczne nie wskazuje na istnienie znaczących różnic między populacjami buka

w Polsce. Wykazano nieznaczne zubożenie populacji buka na północy Polski względem populacji południowych. Charakterystyka zmienności genetycznej wewnątrz-populacyjnej świadczy jednak o istotnym zróżnicowaniu buka w Polsce. Uzyskane wyniki badań nie umożliwiają wydzielenia regionów geograficznych o podobnym stopniu zmienności genetycznej.

Konieczność wykorzystania w planowaniu lokalnych ekotypów buka, przy uwzględnieniu plastyczności ekologicznej gatunku może zapewnić sukces hodowlany w gospodarce leśnej.

3b. **Sułkowska, M.**, Nowakowska, J. 2011: Genetic structure of European beech of mother and progeny stands in Poland on the basis of DNA chloroplast markers. *Forestry Ideas*, Vol. **17**(2011): 1(41): 21-26.

Cel pracy: stanowiła charakterystyka struktury genetycznej matecznych populacji buka oraz jego potomstwa na podstawie chloroplastowych markerów cpDNA. Do badań wybrano 6 polskich populacji w naturalnym zasięgu geograficznym: *Gallio-odorati-Fagetum* (Gryfino, Kwidzyn), *Dentario glandulosae-Fagetum* (Bieszczadzki Park Narodowy), *Luzulo-luzuloides-Fagetum* (Suchedniów, Tomaszów), *Dentario enneaphyllidis-Fagetum* (Zdroje).

Podsumowanie wyników: Zmienność i zróżnicowanie genetyczne drzewostanów matecznych buka i jego potomstwa z wolnego zapylenia scharakteryzowano na podstawie markerów chloroplastowych DNA: ccmp4, ccmp7 i ccmp10. Parametry zmienności genetycznej ( $H_S$  i  $H_T$ ) oraz zróżnicowania genetycznego ( $G_{ST}$ ) zostały obliczone i porównane pomiędzy pokoleniem matecznym, a pokoleniem potomnym badanych drzewostanów bukowych. Każda populacja była reprezentowana przez 30 osobników drzew matecznych oraz losowo wybranych 30 osobników z wolnego zapylenia ich potomstwa w danym pochodzeniu.

Ekstrakcję całkowitego DNA przeprowadzono z wykorzystaniem komercyjnego zestawu Qiagen DNeasy™ Plant Minikit. Rozdział fragmentów DNA wykonano w 8% żelu akrylamidowym - sekwenator automatyczny ALFexpress II (Amersham Pharmacia Biotech). W obliczeniach wykorzystano programy komputerowe ALFwin Fragment Analyser™ 1.0 oraz PopGene ver. 1.32.

Analiza struktury genetycznej na podstawie fragmentów markerów DNA chloroplastowych ujawniła obecność haplotypów charakteryzujących się różną długością – od 116 do 152 par zasad. Populacja z Bieszczadzkiego PN wykazała monomorficzną strukturę w przypadku locus ccmp7 – 147 par zasad, podczas gdy większość populacji wykazała obecność 8 różnych alleli dla tego markeru. Pozostałe analizowane loci genowe charakteryzował zestaw 5 haplotypów o podobnej długości fragmentów DNA od 116 do 120 par zasad.

Generalnie, pokolenia mateczne charakteryzowały się nieznacznie wyższą zmiennością genetyczną, niż pokolenia potomne (odpowiednio  $H_T = 0,4916$ ;  $H_S = 0,3606$ ).

Wysoka zmienność genetyczna odgrywa decydującą rolę w zachowaniu różnorodności biologicznej na poziomie gatunkowym i ekosystemowym i często decyduje o możliwościach przetrwania drzew leśnych, adaptacji i możliwościach ewolucji w obliczu prawdopodobnych zmian klimatycznych. Odgrywa ona ważną rolę w ochronie wobec zagrożeń biotycznych i abiotycznych w populacjach. Zróżnicowana pula genowa populacji drzewostanów bukowych i innych gatunków drzew leśnych może zapewnić ich przetrwanie oraz lepszą adaptację w niesprzyjających warunkach środowiskowych jak: susza, gradacje owadów czy patogeny grzybowe.

Analizy wskazały praktycznie niezmienną pulę genową pomiędzy pokoleniem potomnym i matecznym badanych populacji buka zwyczajnego, które charakteryzowały się stabilnym przepływem genów pomiędzy generacjami.

#### D. Omówienie pozostałych osiągnięć naukowo - badawczych (artystycznych).

##### 1. Zachowanie zasobów genowych buka

- 1.1. **Sułkowska, M.** 2007: Stan i zachowanie zasobów genowych buka zwyczajnego (*Fagus sylvatica* L.) w Polsce. In: *Quo vadis, forestry?* Materiały Międzynarodowej Konferencji – Sękocin Stary, 29-30 czerwca 2006 r.: 579-589.

W opracowaniu omówiono zagadnienia dotyczące praktycznych działań mających na celu ocenę stanu i zachowania zasobów genowych buka z wykorzystaniem do jego ochrony metod *in situ* (w miejscu jego występowania) oraz innych aktywnych form jego ochrony *ex situ*, gdyby takie były konieczne.

Jak podkreślono ochrona zasobów genowych populacji jest najczęściej stosowanym poziomem ochrony zróżnicowania genetycznego gatunku, stąd wskazano, że pierwszym etapem działania powinno być rozpoznanie zmienności genetycznej obiektu. Przedstawione zostały techniki pomocne w określeniu poziomu zmienności genetycznej buka obecnie stosowane z wykorzystaniem białek markerowych oraz analiz molekularnych opartych na badaniach DNA. Następnie omówiono obecny stan wiedzy na temat zmienności i zróżnicowania genetycznego populacji buka w Polsce. Uzyskany obraz wynikający z badań wskazuje na dobry stan naszych buczyn, o strukturze genetycznej bliskiej poziomem zmienności genetycznej do krajów sąsiednich.

W metodyce zasygnalizowano podjęcie badań mających na celu ocenę zmienności genetycznej, reprezentatywnych pod względem zróżnicowania siedliskowego zbiorowisk roślinnych buka w Polsce 9 pochodzeń. W pracy przedstawiono jednocześnie wstępne wyniki badań genetycznych wszystkich badanych populacji (markery DNA i białkowe) oraz obserwacji fenologicznych potomstwa 5 populacji buka górskich pochodzeń i ich charakterystykę obserwacji wzrostowych na założonej w Nadl. Jabłonna powierzchni doświadczalnej.

We wnioskach końcowych wskazano potrzebę uwzględnienia w praktyce leśnej istnienia ekotypów glebowych tego gatunku.

- 1.2. **Sułkowska, M.** 2006: Akcja Cost E52: Ocena zasobów genowych buka w aspekcie zrównoważonego rozwoju lasów. Bruksela, Belgia 27.03-28.03.2006 r. *Leśne Prace Badawcze* 2006(3): 138-139.

Przedstawiono w pracy zadania w ramach Akcji Cost E52, która rozpoczęła kolejny już etap pracy dotyczącej międzynarodowego programu badań nad bukiem - „Evaluation of Genetic Resources of Beech”(Muhs, Von Wuehlisch 1993<sup>12</sup>, Paule 1995<sup>13</sup>), w którym uczestniczyłam jako reprezentant Polski od 1994 r. Celem programu było testowanie europejskich proveniencji buka pod względem hodowlanym, opracowanie metod umożliwiających zachowanie zasobów genowych, ocena

<sup>12</sup> Muhs, H.J., Wuehlisch, Von G. 1993: Research on the evaluation of forest genetic resources of beech – a proposal for a long-range experiment In: The scientific basis for the evaluation of the genetic resources of beech. Proceedings of an EC workshop Ahrensburg 1–2 July 1993. str. 257–261.

<sup>13</sup> Paule, L. 1995: Gene conservation in European beech (*Fagus sylvatica* L.). *Forest Genetics* 2(2–3): 161–170.

odpowiedzi gatunku na zmiany klimatyczne oraz jego plastyczności i dostosowania do danych warunków siedliskowych w ramach całego naturalnego zasięgu.

Główny cele badań prowadzonych w ramach Akcji COST E52, stanowiło oszacowanie znaczenia ekosystemów lasów bukowych, wobec przewidywanych zmian klimatycznych, w oparciu o analizy zachowania się populacji (potomstwa drzewostanów naturalnych), w warunkach klimatycznych systemu powierzchni doświadczalnych założonych w granicach obecnego zasięgu gatunku.

1.3. **Sułkowska, M.** 2007: Od genów do puli genowej i od drzew do lasów. *Leśne Prace Badawcze* 2007(2): 115.

W pracy zwrócono uwagę na potrzebę poszerzenia zakresu współpracy grona naukowców, zaangażowanych w prace dotyczące gatunków drzew leśnych, ze zwróceniem szczególnej uwagi na gatunki ginące i zagrożone, w aspekcie spodziewanych zmian klimatycznych.

Wyniki badań genetycznych i populacyjnych, dotyczące wpływu zmienności i zróżnicowania drzew leśnych na funkcjonowanie ekosystemów leśnych, podkreśliły znaczenie rozwoju nowych technik badawczych, dla możliwości oceny złożoności tych zjawisk oraz konieczność poszukiwania nowych form ich opisu, między innymi poprzez wykorzystanie metod prognozowania geostatycznego i modelowania matematycznego.

1.4. **Sułkowska, M.** 2007: Ekofizjologia populacji buka zwyczajnego i ich wrażliwość na zmiany klimatyczne. *Leśne Prace Badawcze* 2007(3): 138-139.

Przedstawiono znaczenie buka zwyczajnego (*Fagus sylvatica* L.) w ekosystemach liściastych lasów Europy. Długi okres naturalnej selekcji i adaptacji do różnych warunków siedliskowych zajmowanych przez niego obszarów, umożliwił w efekcie dostosowania strukturalne i funkcjonalne do obecnie istniejących ekosystemów leśnych gatunku. Zrozumienie sposobu adaptacji buczyn do przewidywanych zmian środowiska oraz ich zdolności do pokonania różnego typu stresów, z którymi „muszą” sobie radzić by przeżyć, jest podstawą zrozumienia zależności między zmiennością genetyczną i ekofizjologiczną zajmowanych siedlisk. Pomocne w badaniach procesów adaptacji są powierzchniowo porównawcze (proweniencyjne), zakładane w celu prowadzenia obserwacji wzrostu i aklimatyzacji tych samych populacji w różnych warunkach środowiska. Duże znaczenie mają prowadzone obserwacje cech przyrostowych, produktywności i naturalnych procesów regeneracji, ze szczególnym naciskiem na możliwości dostosowania się buka do ograniczonej dostępności wody w glebie, ze względu na przewidywany wzrost temperatury i spadek ilości opadów. Istotnym problemem okazuje się określenie warunków limitujących wzrost np. odnośnie czynnika temperatury, umożliwiające prowadzenie fotosyntezy.

Określenie plastyczności ekosystemów z bukiem uznano za podstawowe zadanie tworzenia nowych zasad hodowli drzewostanów bukowych i zapewnienia ciągłości ich funkcjonowania, w celu minimalizowania szkodliwych skutków wpływu zmieniającego się klimatu.

1.5. **Sułkowska, M.** 2010. Conservation of Genetic Resources of European beech (*Fagus sylvatica* L.) in Poland. Frýdl, J., Novotný, P., Fennesy, J., von Wühlisch G. (eds.) *Communicationes Instituti Forestalis Bohemicae* Vol. 25: 184-190.



**Sułkowska, M.** 2011. Conservation of Genetic Resources of European beech (*Fagus sylvatica* L.) in Poland. Reissue of *Communicationes Instituti Forestalis Bohemicae* Vol. 25. Frýdl, J., Novotný, P., Fennessy, J., von Wühlisch G. (eds.) .Landbauforschung vTI Agriculture and Forestry Research, Special Issue, Sonderheft 350: 184-190.

W opracowaniu zestawiono informacje dotyczące zasięgu geograficznego gatunku, zajmowanego obszaru występowania oraz procentowego udziału w lasach Polski. Wskazano także czynniki decydujące o obecnym obszarze zasiedlenia terenu przez gatunek, jak: klimat, warunki glebowe, temperatura oraz wilgotność powietrza.

Scharakteryzowano podstawowe zbiorowiska roślinne kraju, w których składzie gatunkowym ma swój udział buk zwyczajny. Podkreślono jednocześnie wysoką wartość gospodarczą gatunku w przemyśle drzewnym.

Następnie omówiono metody wykorzystywane w celu ochrony zasobów genowych buka w Polsce, które zapewnić mają między innymi ciągłość podstawowych procesów ekologicznych w przyrodzie, zachowanie biologicznej i genetycznej wartości zasobów gatunku dla przyszłych pokoleń, jak również wskazać możliwości restytucji siedlisk buka, które mogą być narażone na presję antropogeniczną.

W pracy wskazano jednocześnie praktyczne zasady (Matras et al. 1993)<sup>14</sup> oraz środki prawne (Rozporządzenie Ministra Środowiska z dnia 9 marca 2004 r.)<sup>15</sup>, regulujące obrót komercyjny i zachowanie zasobów genowych buka w Polsce. Zasygnalizowano jednocześnie potrzebę realizacji kolejnego programu zachowania zasobów gatunków drzew leśnych, w tym buka na lata 2011-2035. Zwrócono uwagę także na wykorzystanie w praktyce leśnej metody przechowywania materiału siewnego buka przez okres dłuższy niż 5 lat, którą opracowano w Instytucie Dendrologii PAN w Kórniku. Przedstawiono również nowoczesne procedury długoterminowej przechowywania materiału roślinnego z wykorzystaniem ciekłego azotu, w celu zabezpieczenia puli genowej szczególnie cennych populacji czy pojedynczych osobników.

Omówiono następnie wybrane prace badawcze z zakresu biologii i zasobów genowych gatunku, dotyczące selekcji szczególnie cennych, czy zagrożonych populacji buka. Zwrócono szczególną uwagę na badania proveniencyjne prowadzone z udziałem tego gatunku, umożliwiające oszacowanie jego plastyczności siedliskowej oraz badania z wykorzystaniem metod biologii molekularnej do oceny zmienności i zróżnicowania genetycznego gatunku.

## 2. Zmienność siedliskowa buka zwyczajnego w Polsce w świetle wyników badań glebowych

2.1. **Sułkowska, M.**, Liesebach, M., Wojcik, J., Dobrowolska, D. 2011. Soil characteristics in the International Beech Provenance Experiments of 1993/95 and 1996/98. W: "Genetic Resources of European Beech (*Fagus sylvatica* L.) for Sustainable Forestry". Proceedings of the COST E52 Final Meeting in Burgos 4 - 6 May 2010, Burgos, Spain. *Monografias INIA: Serie Forestial*. Nr 22-2011: 27-35.

<sup>14</sup> Matras, J., Burzyński, G., Czart, J., Fonder, W., Korczyk, A., Puchniarski, T., Tomczyk, A., Załęski, A. 1993: Program zachowania leśnych zasobów genowych i hodowli selekcyjnej drzew leśnych w Polsce. Warszawa: Dyrekcja Generalna Lasów Państwowych, Instytut Badawczy Leśnictwa.

<sup>15</sup> Rozporządzenia Ministra Środowiska z dnia 9 marca 2004 r. w sprawie wykazu obszarów i map regionów pochodzenia leśnego materiału podstawowego (Dz.U. 04, nr 67, poz. 621).

W opracowaniu przedstawiono charakterystykę siedlisk glebowych drzewostanów bukowych w Europie. Podkreślono znaczenie klimatu i własności glebowych na przebieg granicy zasięgu gatunku, zwłaszcza na terenach, gdzie temperatura i opady nie osiągają wartości optymalnych. Zaznaczono, że buk preferuje wyraźnie dwa typy siedlisk: zasadowe gleby – przewiewne oraz kwaśne gleby brunatne z reguły na ciężkich podłożach gliniastych. Podkreślono znaczenie mikrosiedliska glebowego dla wzrostu roślin przy wysokim kryterium żyzności, niezależnie od jej kwasowości.

Następnie przedstawiono prognozy dotyczące zmian areалу buka, w aspekcie przewidywanych zmian klimatycznych. Generalnie szacuje się przesunięcie granicy zasięgu buka w kierunku obecnej strefy lasów borealnych, przy jednoczesnym ustępowaniu gatunku z siedlisk Europy południowej i zachodniej, z uwagi na przewidywane tam dłuższe okresy suszy w okresie wegetacyjnym.

W dalszej części przedstawiono charakterystykę 49 siedlisk międzynarodowego doświadczenia proveniencyjnego, którego powierzchnie badawcze zlokalizowane są głównie w granicach zasięgu gatunku w całej Europie. Kryteria oceny warunków glebowych powierzchni doświadczalnych stanowiły: uprzedni sposób użytkowania gleby, typologia, żyzność, dostępność składników pokarmowych, wilgotność. W tej części opracowania przedstawiono także przykładowo szczegółową charakterystykę gleby na powierzchni doświadczalnej w Oleszycach (RDLP Krosno).

### 3. Wykorzystanie analiz molekularnych w badaniach dróg migracji buka po okresie ostatniego zlodowacenia

- 3.1. **Sułkowska, M.**, Łukaszewicz, J. 2013. Historia poglądów na temat zasięgu buka zwyczajnego w świetle badań molekularnych. W: Zastosowanie metod analiz DNA we współczesnym leśnictwie. *Postępy techniki w leśnictwie*. Stowarzyszenie Inżynierów i Techników Leśnictwa i Drzewnictwa, nr 122: 17-21.

W opracowaniu przedstawiono syntezę historii poglądów na temat zasięgu buka zwyczajnego w świetle badań przyrodniczych i paleobotanicznych poczynszyszy od końca XIX wieku do chwili obecnej. Początkowo jedyne wiarygodne narzędzie w ocenie rozmieszczenia gatunków (w tym buka) stanowiły wyniki analiz pyłkowych oraz makroszczątków roślinnych. Jak wykazano, wyniki takich analiz są często obarczone błędem, ze względu na przemieszanie warstw glebowych oraz brak możliwości wykazania początkowej ostoju gatunku (refugium) podczas okresu zlodowacenia.

Wykorzystanie nowoczesnych technik badań molekularnych na podstawie DNA oraz markerów białkowych przedstawione zostało jako narzędzie umożliwiające wskazanie ostoju buka na terenie Europy w okresie zlodowaceń, skąd rozpoczęła się migracja gatunku na obecnie zajmowane tereny. Obecnie uważa się, że wędrówka buka na teren całej niemal Europy nastąpiła z terenu dzisiejszej Słowenii. W pracy podkreślono, że aktualna struktura genetyczna populacji buka ukształtowana została pod wpływem często przeciwstawnie działających czynników, związanych między innymi z przepływem genów między populacjami, co wiąże się z eliminacją z siedliska osobników nieprzystosowanych do panujących w nim warunków wzrostu.

Przedstawiono jednocześnie własny wkład autorów opracowania w analizie oceny zróżnicowania gatunku i sugestie dotyczące dróg migracji buka w Polsce.

### 4. Zmienność genetyczna i zachowanie zasobów genowych jarzębu brekinii

- 4.1. **Sułkowska, M.** 2007 Principles of the Wild Service Tree (*Sorbus torminalis* (L.) Crantz) Conservation in Poland. European botanic gardens together towards the implementation of plant conservation strategies. *Monographs of Botanical Gardens*. Edited by Rybczyński J.J., Puchalski J.T. Vol I: 69-73.

Opracowanie zawiera informacje dotyczące stanu zasobów genowych jarzębu brekinii w Polsce oraz metod jego ochrony. Zawarta została charakterystyka biologii gatunku oraz stan rozpoznania jego zmienności genetycznej w Europie na podstawie badań DNA oraz markerów białkowych. Charakterystyka stanowi podstawę określenia metod zachowania zasobów genowych gatunku zarówno *in-situ* jak i *ex-situ*.

W pracy przedstawiono podstawowe zagrożenia dla brekinii, do których zaliczana jest konkurencja o światło z innymi gatunkami. Jak wskazano, podstawową skuteczną formę ochrony gatunkowej mogą stanowić grodzienia niewielkich powierzchni w lasach, gdzie występuje naturalne odnowienie, w celu zabezpieczenia przed zgryzaniem przez zwierzyńę, a umożliwiające kontrolę konkurencji z innymi gatunkami roślin.

Jarząb brekinia stanowi cenny ekonomicznie surowiec w przemyśle meblarskim w krajach Europy południowej. W Polsce jest gatunkiem całkowicie chronionym.

- 4.2. **Sułkowska, M.**, 2012. Utilization of genetic approaches for effective conservation of endangered species *ConGRESS* project, regional workshop, Zvolen, January 25– 27, *Folia Forestalia Polonica, series A, Forestry*. Vol. 54 (2), 140–142.

Przedstawiono założenia otwartej dla leśników-praktyków platformy *ConGRESS* (Conservation Genetic Resources for Effective Species Survival), utworzonej w ramach konsorcjum 7 Europejskiego Programu Ramowego.

Platforma *ConGRESS* dostarcza informacji dotyczącej bioróżnorodności organizmów roślinnych i zwierzęcych oraz metod ich ochrony, z uwzględnieniem problematyki ich zróżnicowania genetycznego. Przełożenie informacji teoretycznych na praktykę ochrony gatunkowej znajduje tu rangę wykonawczą w module modelowania, poprzez testowania różnych scenariuszy decyzyjnych w danych warunkach.

W opracowaniu podkreślono potrzebę utrzymania stabilności puli genowej ekosystemów leśnych, jako kluczowy warunek zachowania ich zdolności adaptacyjnej reagowania wobec gwałtownych zmian środowiskowych. Pierwszym etapem działań, mających na celu ochronę gatunków, powinno być poznanie struktury genetycznej obiektu. W tym celu wykorzystuje się różnorodne markery, umożliwiające ocenę cech ilościowych i jakościowych. Markery powinny być jednocześnie niezależne od wpływu środowiska, czy stadium rozwojowego organizmu, jak również charakteryzować się przewidywanym sposobem dziedziczenia oraz umożliwiać śledzenie kodujących i niekodujących fragmentów genomu.

W końcowej części opracowania zaznaczono, że często etap poznawczy zmienności genetycznej populacji jest zaniedbywany, a niewłaściwe działania zachowawcze mogą stać się przyczyną zniszczenia puli genetycznej obiektu ochrony.

**E. Podręczniki, skrypty.**

## 1. Cykl prac - Metodyka badań genetycznych

- 1.1. **Sułkowska, M.**, Nowakowska, J., Matras, J. 2004: Zachowanie różnorodności biologicznej i edukacja ekologiczna – wyzwania w zjednoczonej Europie. *Leśne Prace Badawcze*, 2004(4): 205–207

Priorytetem współczesnej polityki leśnej jest tematyka ochrony ginących i dominujących gatunków drzew leśnych w ich naturalnym środowisku. Na skutek działania zmiennych czynników klimatycznych i antropologicznych (zanieczyszczenia przemysłowe, fragmentacja powierzchni leśnych), które wpływają na zubożenie puli genetycznej gatunków drzew leśnych, zachowanie zmienności genetycznej jest kluczowym elementem w ochronie różnorodności biologicznej oraz trwałego rozwoju lasów. W pracy przedstawiono działania dotyczące ochrony zasobów genowych, których celem jest promocja ciągłości i trwałości gatunków leśnych w naturalnym siedlisku ich występowania (np. poprzez zakładanie rezerwatów i baz nasiennych w ramach zachowania zasobów *in-situ*) oraz poprzez zachowanie *ex-situ* poza naturalnym obrębem występowania gatunków (np. w postaci archiwów klonów i kolekcji przechowywanych w leśnym banku genów).

- 1.2. **Sułkowska, M.** 2006: Genetyczna zmienność populacji buka zwyczajnego w Polsce. *In: Elementy genetyki i hodowli selekcyjnej drzew leśnych. Opracowanie zbiorowe*, J. Sabora. Centrum Informacyjne Lasów Państwowych: 223-229.

Rozdział książki stanowi wykład, prezentowany w ramach prowadzonego cyklicznie od 1998 r. Podyplomowego Studium Genetyki i Selekcji Drzew Leśnych Akademii Rolniczej w Krakowie. W części IV podręcznika nt. „Zmienność wewnątrzgatunkowa drzew leśnych”, adresowanego przede wszystkim do studentów niestacjonarnych studiów podyplomowych – leśników – praktyków omówiono genetyczną zmienność polskich populacji buka zwyczajnego na tle pochodzeń sąsiednich krajów. Oszacowano poziom zmienności i zróżnicowania genetycznego 26 populacji przy użyciu markerów białek izoenzymatycznych. Szczegółowo omówiono metodykę badań ze zwróceniem uwagi na: reprezentatywny zbiór materiału roślinnego, izolację białek i przygotowanie roztworów i żeli do przeprowadzenia rozdzielania białek na poszczególne frakcje analizowane w dalszym etapie pracy.

We wnioskach końcowych podkreślono, że polskie populacje charakteryzują się podobnym poziomem zmienności genetycznej jak porównywane pochodzenia ze Słowacji, Czech i Moraw, Ukrainy i Rumunii.

- 1.3. Ghowsi, K., Ghowsi H., Kapnissi-Christodoulou, C.P., Piasecki, T., Azouz, A.B., Paull, B., Macka, M., Brabazon, D., Lamy, E., Costa, A.R., Antunes, C.M., Vitorino, R., Amado, R., Zhou Y., Simonsen, V., Pighin, D.G., González-Arenzana, L., López, R., Santamaría, P., López-Alfaro, I., **Sułkowska, M.K.**, Chacur, M. G.M., Itenge, T.O., Munin, F.S., de Aquino-Silva, M.R., Schwantes, M.L.B, de Almeida-Val, V.M.F., Schwantes, A.R., Sato, Y., 2012. Electrophoresis. InTech. Edited by Ghowsi K., ISBN 978-953-51-0846-7. Stron 246.

Rozdział:

**Sulkowska, M.K.** 2012. Isoenzyme analyses tools used long time in forest science. W: *Electrophoresis. InTech. Edited by Kiumars Ghowsi, ISBN 978-953-51-0846-7* 1. Str.: 157-172.

W pracy przedstawiono charakterystykę i sposób wykorzystania białek enzymatycznych jako markerów zmienności genetycznej. Białka te stanowią różne formy strukturalne o specyficznej konformacji, różniące się wartością ładunku elektrycznego, lecz nie różniące się praktycznie funkcjami katalizowania reakcji chemicznych (tzw. izoenzymy). Powstawanie w przyrodzie tych białek tłumaczy się mutacjami genetycznymi, które doprowadziły do zwielokrotnienia genów odpowiedzialnych za ich ekspresję. Obecność różnych form genów (alozymów) jest łatwo identyfikowana w procesie elektroforetycznego rozdziału białek. Wykorzystywane w analizach białka izoenzymatyczne stanowią bezpośrednie produkty genów odpowiedzialnych za ich wytworzenie. W praktyce analizowane są białka, których dziedziczenie jest przewidywalne i zgodne z prawami Mendla.

W pracy opisano zarówno zalety, jak i problemy metodyczne związane z wykorzystaniem białek izoenzymatycznych jako markerów genetycznych. Podano także bezpośrednie przykłady wykorzystania wyżej wymienionych markerów w metodyce badań leśnych. Przedstawiono również merytoryczne podstawy statystycznego opracowania wyników badań i omówiono pakiety programów komputerowych używane w tej dziedzinie.

Wyniki badań zestawiono dla dwóch gatunków wybranych jako modelowe, reprezentujących zmienność o charakterze klinalnym (geograficznym) – sosna pospolita oraz buk zwyczajny, który jest gatunkiem określanym jako tworzący ekotypy siedliskowe. Dodatkowo przedstawiono możliwość wykorzystania badań izoenzymatycznych w sztucznych populacjach drzew leśnych plantacji nasiennych do celów identyfikacji osobników oraz oceny systemów krzyżowania w celu produkcji wyselekcjonowanego materiału nasiennego.

Scharakteryzowane w pracy markery białkowe stanowią na obecnym etapie rozwoju technik analiz molekularnych ciągle tańszą alternatywę w badaniach puli genetycznej populacji oraz ocenie dróg migracji gatunków po okresie zlodowacenia.

1.4. Nowakowska, J.A., **Sulkowska, M.K.** 2015. Capillary Electrophoresis as Useful Tool in Analysis of *Fagus sylvatica* L. Population Genetic Dynamics. W *Field Effect Electroosmosis - A Novel Phenomenon in Electrokinetics and its Applications in Capillary Electrophoresis*. Edited by Ghowsi K., ISBN 978-953-51-2025-4. 108 stron, Publisher: InTech, DOI: 10.5772/59197.

W opracowaniu przedstawiono charakterystykę i sposób wykorzystania techniki elektroforezy kapilarnej w badaniach molekularnych fragmentów DNA. Technika umożliwia efektywną analizę wielu prób jednocześnie.

Przedstawiono wyniki własnych badań analiz DNA chloroplastowego 6 populacji buka zwyczajnego (opisane w części C punkt 3b autoreferatu - **Sulkowska**, Nowakowska 2011) oraz nowe wyniki dotyczące zmienności DNA jądrowego na podstawie analiz mikrosatelitarnych przeprowadzonych w sekwenatorze CEQ™ 8000 Genetic Analysis System (Beckman Coulter, Fullerton, CA). W technice elektroforezy kapilarnej prezentowanych badań wykorzystano chloroplastowe (ccmp4, ccmp7

i ccmp10) oraz jądrowe (FS1-03, FS1-25, FCM5, mcf5, mcf11) markery DNA buka zwyczajnego 6 populacji i ich potomstwa. Ponadto wyjaśniono procedurę opracowania wyników badań w oparciu o szczegółową analizę wyróżnionych w procesie rozdziału form zidentyfikowanych alleli – fragmentów DNA.

Jak wskazano w pracy ewaluacja struktury genetycznej badanych próbek fragmentów DNA powinna poprzedzona być zawsze oceną jakościowo-ilościową przeznaczonego do dalszej identyfikacji DNA, po jego izolacji z komórek organizmu. W opracowaniu wskazano również narzędzia statystyczne i softwarowe: CEQ System software (Beckman Coulter sekwenator), GeneMapper®, GeneMapper® ID-X Softwares (Abi-Prism sekwenator). Omówione zostały w pracy również podstawowe miary zmienności i zróżnicowania parametrów genetycznych, w tym między innymi heterozygotyczność (rzeczywista i oczekiwana), średnia i efektywna liczba alleli na locus oraz dystans genetyczny analizowanych obiektów, jak również programy statystyczne pomocne w analizie wyżej wymienionych parametrów – GENEPOP, GenALEx, ARLEQUIN, SPAGeDi i POPGENE.

- 1.5. Sułkowska, M., Nowakowska, J. 2007: Nowoczesne osiągnięcia proteomiki i jej praktyczne zastosowania w diagnostyce procesów chorobotwórczych *Leśne Prace Badawcze* 2007(2): 116–117.

Doniesienie naukowe prezentowane na łamach zeszytu *Leśnych Prac Badawczych* dotyczyło nowej dziedziny nauki – proteomiki, zajmującej się badaniami struktury białek, pełniących przez nie funkcji i zależności między działaniem tych białek w organizmie żywym. Pojęcie proteomiki po raz pierwszy zostało użyte w 1995 roku dla określenia wszystkich białek w liniach komórkowych, tkankowych lub całych organizmach (proteom).

Następnie przedstawiono etapy badań proteomicznych, z których pierwszy dotyczy wstępnego rozdzielania mieszaniny białek z wykorzystaniem między innymi procesu elektroforezy na nośniku żelowym, zaś następny etap obejmuje identyfikację białek metodami spektrometrii masowej lub krystalografii rentgenowskiej, w odniesieniu do oceny porównawczej struktury białek w bazach danych. Podczas etapu analizy białek używa się także metod immunologicznych oraz pomiarów ilościowych. Zaznaczono przy tym fakt, że w technice proteomiki wykorzystuje się często metody odnoszące się do bioinformatyki oraz badania czynników endogennych i środowiskowych, decydujących o modyfikacjach białek w procesach zachodzących w komórce.

Omówiono również metody wykorzystujące proteomikę w praktyce leśnej, np. dotyczące selekcji, drzew porażonych patogennym szczepem grzyba, kiedy symptomy choroby nie są jeszcze widoczne.

2. Cykl prac – Problematyka roślin genetycznie modyfikowanych Nowakowska, J., Sułkowska, M., Oszako T. 2014. Environmental risk assessment of Genetically Modified Plants (GMO) – challenges and approaches. 2014, *Folia Forestalia Polonica, series A- Forestry*, Vol. 56(3): 113-115. PL ISSN 0071-6677. DOI: 10.2478/ffp-2014-00011.

Omówiono kontrowersyjną problematykę wprowadzania do środowiska organizmów genetycznie zmodyfikowanych, na przykładzie 89 debaty naukowej European Food Safety Authority (EFSA) GMO Panel, w dniach 9-10 kwietnia 2014 r. Debata dotyczyła wykorzystania na szeroką skalę w świecie

odmian soi i rzepaku oraz oszacowania ryzyka wprowadzenia tych organizmów do środowiska i zarządzania ich użytkowaniem jednocześnie w aspektach ich wpływu na zdrowie ludzi i zwierząt.

2.2. **Sułkowska, M.**, Nowakowska, J., Oszako, T. 2014. Możliwości integrowanej ochrony roślin przed szkodnikami. *Leśne Prace Badawcze* 75(4): 429-430.

Przedstawiono problem niekontrolowanych gradacji szkodników/patogenów obcego pochodzenia, które do nowego siedliska zostały wprowadzone przypadkowo przez człowieka. Organizmy takie jak zauważa się powszechnie, nie mają zwykle w środowisku naturalnych wrogów, a ich zwalczanie odbywa się zwykle poprzez stosowanie środków chemicznych, które poza zatruciem środowiska oznaczają także ponoszenie dużych kosztów finansowych.

Omówiono następnie podejmowane na skalę międzynarodową działania dotyczące możliwości poprawy integrowanej ochrony roślin przed szkodnikami. W pracy zwrócono uwagę na możliwość indukowania odporności organizmów, zachowanie różnorodności funkcjonalnej gatunków oraz możliwości ograniczenia żerowania owadów, omówionych jako modelowe *Rhagoletis cerasi* (trześniówki) *R. cingulata*, *Drosophila suzukii* (muszki owocówki).

Jak zauważono rozwiązaniem innowacyjnym w ochronie mogą być organizmy genetycznie zmodyfikowane (GMO). Organizmy takie mogą znaleźć w przyszłości swoje miejsce w leśnictwie przy zachowaniu zasady ostrożności wprowadzania ich do środowiska oraz po przeprowadzonej analizie ryzyka. Procedura wprowadzenia do obrotu takich organizmów jest bardzo złożona, a ich ewentualna obecność w przyrodzie budzi wiele kontrowersji społecznych.

#### **F. Udział w projektach badawczych**

**„Populacyjna zmienność buka zwyczajnego (*Fagus sylvatica* L.) w Polsce (wzrost i rozwój populacji w okresie młodnika), dotyczącym badań proweniencyjnych 45 polskich populacji buka”** – finansowanie GDLP, Nr tematu: BLP-304 (rozpoczęcie 1992 r. i kontynuowany do 2010 r.).

**„Fizjologiczne i biochemiczne aspekty długoterminowego przechowywania generatywnych i wegetatywnych organów i tkanek drzew leśnych”**, finansowany przez Bank Światowy, 1994 – 1997.

**Concerted Action „European Network for evaluation of the genetic resources of beech for appropriate use in sustainable forestry management”** – finansowanie III Program Ramowy, Concerted Action, 1995-1998.

Kontynuowany jako:

**COST E52 „Evaluation of Beech Resources for Sustainable Forestry”** – finansowanie VI Program Ramowy, 2006 –2010.

**Zmienność genetyczna wybranych cech morfologicznych i przyrostowych buka zwyczajnego (*Fagus sylvatica* L.) polskich pochodzeń** – projekt statutowy IBL, Nr tematu: 24.12.01, finansowany ze środków KBN, 1996-1999.

Centre of Excellence **“Proforest: Protection of forest resources in Central Europe”** – VI Program Ramowy, Nr tematu QLK1-CT-2002-30315/ PROFOREST, 2003-2006.

**Genetyczne uwarunkowania zmienności ekotypowej buka zwyczajnego (*Fagus sylvatica* L.) – finansowanie GDLP, Nr tematu: BLP-248, 2003-2007.**

**Zmienność gatunków lasotwórczych na granicy ich naturalnego występowania w Polsce w świetle prawdopodobnych zmian klimatycznych oraz konsekwencje tych zmian dla gospodarki leśnej (etap I – buk zwyczajny *Fagus sylvatica* L.), ocena zmienności genetycznej i charakterystyki hodowlanej gatunku na granicy zasięgu; finansowanie GDLP, Nr tematu: BLP 266, 2004 – 2008.**

Network of Excellence **“Global change and Ecosystems EVOLution of TREEs as drivers of terrestrial biodiversity – EVOLTREE. Biodiversity and ecosystems. Genomics for terrestrial biodiversity and ecosystem research”** – finansowanie VI Program Ramowy, 2006 –2010.

**„TREEBREDEX: of tree improvement for competitive, multifunctional and sustainable European forestry”** – finansowanie VI Program Ramowy, 2006 –2010.

**“Opracowanie i wdrożenie do praktyki leśnej metod identyfikacji wczesnej oceny leśnego materiału rozmnożeniowego w oparciu o markery molekularne”** – finansowany ze środków KBN Nr tematu: 671235, 2007 – 2009.

**„Zróżnicowanie genetyczne czereśni ptasiej (*Cerasus avium* Moench) i jarząbu brekinii (*Sorbus torminalis* (L.) Crantz) w Polsce oraz możliwości ich plantacyjnej uprawy w celu uzyskania wysokowartościowego surowca drzewnego”** – finansowanie GDLP, Nr tematu: BLP 334, 2008 – 2012.

**„Weryfikacja istniejących zasięgów występowania głównych lasotwórczych gatunków drzew w Polsce na podstawie nowych badań”;** finansowanie GDLP, Nr tematu: BLP 358, 2011– 2014.

**„Charakterystyka genetyczna polskich populacji świerka z podzasięgu południowego (Hercyńsko-Karpackiego) na podstawie analiz DNA”** – finansowanie GDLP, Nr tematu: BLP 407, 2014-2017.

#### **G. Referaty wygłoszone na konferencjach naukowych.**

17 września 1994 r. **Sułkowska, M.** 1995: Growth of beech seedlings (*Fagus sylvatica* L.) in provenance trials in Poland. *Proceedings from the 5th Beech Symposium of the IUFRO Project Group P1.10-00, 19 – 24 September 1994, Mogenstrup, Denmark, edited by Soren F. Madsen, Danish Forest and Landscape Institute, Forskningsserien 11:* 69–82. Monografia recenzowana

4 października 1995 r. **Sułkowska, M.** 1995: Ecological and growth characterisation of beech (*Fagus sylvatica* L.) populations in Poland. *“6 Beech Symposium” Lviv, Ukraine, 1-8.10.1995.* str. 15

6 lipca 2004 r. **Sułkowska, M.** 2004: Genetic and ecotype differentiation of *Fagus sylvatica* L. in Poland. *Proceedings of the conference “Biodiversity conservation and ecological education – challenges in the United Europe” Cieszyn, 5–8.07.2004.* str. 22

30 września 2004 r. **Sułkowska, M.** 2004: Zróżnicowanie ekotypowe populacji buka zwyczajnego *Fagus sylvatica* L. w Polsce. Międzynarodowa konferencja nt. „Rola lasu w zachowaniu w zachowaniu różnorodności biologicznej” Poznań–Puszczykowo, 29–31.09.2004. str.: 56–57



4 września 2007 r. **Sułkowska M.**, Charkot, S., Bieniek, B., Przybylski, P. 2007: Markery izoenzymatyczne i DNA w ocenie zmienności i zróżnicowania genetycznego wybranych populacji buka w Polsce. Botanika w Polsce – sukcesy, problemy perspektywy. Streszczenia referatów i plakatów. 54 Zjazd Polskiego Towarzystwa Botanicznego. Szczecin 3-8 września 2007. Str. 45

3 lipca 2007 r. **Sułkowska, M.** 2007: Wild service tree (*Sorbus torminalis* (L.) Crantz) important, disappeared and endangered species in Poland. *Biuletyn Ogródów Botanicznych, Muzeów i Zbiorów*. 2007. Vol. 16A. Str. 29

28 luty 2008 r. **Sułkowska, M.** 2008: Genetic variation of European beech in response to soil differentiation. Workshop on Plasticity and Adaptation in Forest Trees. Madrid, 27th – 29th February 2008. Str. 14

5 marca 2009 r. **Sułkowska, M.**, - „Genetyczna zmienność populacji buka w Polsce (izoenzymy)”. Studium podyplomowe Genetyki i Selekcji Drzew Leśnych. Rok akademicki 2008/2009.

24 maja 2009 r. **Sułkowska, M.**, Wojda, T. 2009: Isoenzyme variability in Polish and Latvian silver birch (*Betula pendula* Roth) provenances. Eurasian Forests – Polish Forests. Materials of the IX International Conference of Young Scientists, dedicated to 145 anniversary from the date of prof. I.K. Paczoski's birth (24-30, May 2009): 162-167

29 maja 2009 r. Wojda, T., **Sułkowska, M.** 2009: Fenologiczna i genetyczna zmienność wybranych proveniencji brzozy brodawkowatej (*Betula pendula* Roth) a regionalizacja leśnego materiału rozmnożeniowego. Konferencja Naukowa „Rozwój hodowli lasu wspólnym osiągnięciem nauki i praktyki leśnej”. Poznań – Zielonka – Łopuchówko 27-29 maja 2009. Przegląd Leśniczego nr 5/2009 (215/XIX): 21

8 kwietnia 2010 r. **Sułkowska, M.** – „Międzypokoleniowe zróżnicowanie genetyczne populacji buka zwyczajnego w Polsce” – seminarium : „Badania genetyczne drzew leśnych na poziomie molekularnym”, Instytut Badawczy Leśnictwa. Seminarium znalazło szerokie omówienie w czasopiśmie leśnych: Trybunie Leśnika nr 5/2010, Głosie Lasu nr 5/2010 oraz Lesie Polskim nr 15-16/2010

4 maja 2010 r. Robson, T.M., Gömöry, D., Rasztovits, E., Mertens, P. Liesebach, M., Zitová, M., Ionita, L., Bozic, G., **Sułkowska, M.**, Alia, R., Forstreuter, M., von Wühlisch, G. – „Influence of provenance origin and site of growth on the timing of leaf flush in beech saplings”. W: Genetic Resources of European Beech (*Fagus sylvatica* L.) for Sustainable Forestry 4-6 May 2010, Burgos, Spain. Book of Abstracts. Str. 47

5 maja 2010 r. **Sułkowska, M.** – “Ecotype variation of European beech in Poland on the basis of soil differentiation. W: Genetic Resources of European Beech (*Fagus sylvatica* L.) for Sustainable Forestry 4-6 May 2010, Burgos, Spain. Book of Abstracts. Str. 55

13 maja 2010 r. **Sułkowska, M.**, Nowakowska J. – “Genetic structure of European beech of mother and progeny stands in Poland on the basis of DNA chloroplast markers. International Conference "Forestry: Bridge to the Future" 13 - 15 May 2010, Park Hotel Moskva, Sofia, Bulgaria. Book of Abstracts. Str. 124

10 czerwca 2010 r. von Wühlisch, G., Alexandrof, A., Alia, R., Bozic, G., Dococouso, A., Fennessy, J., Forstreuter, M., Frydl, J., Geburek, T., Raffaello, G., Gömöry, D., Hansen, J.K., Huber, G., Ivankovic, M., Ionita, L., Liesebach, M., Matyas, C., Mertens, P., Muhs J.H., Parnuta, G., Paule, L., Rasztovits, E., Robson, T.M., Stener, L-G., **Sułkowska, M.**, Urban, O., Vettori, C., de Vries S.M.G., Wesoly, W. – “Evaluation of Genetic Resources of European Beech (*Fagus sylvatica* L.) by International Provenance Trials. W: Forest ecosystem genomics and adaptation. San Lorenzo de El Escorial (Madrid), Spain 9-11 June, 2010. Book of Abstracts. Str. 90

22 czerwca 2010 r. **Sułkowska, M.** – “Characteristics of genetic diversity and differentiation of progeny and mother stands of European beech in Poland” What do large genetic field experimental networks across Europe bring to the scientific community? Sękocin Stary (Poland), June 22–24, 2010.

27 października 2010 r. **Sułkowska, M.** – “Genetic and ecotype characterization of European beech (*Fagus sylvatica* L.) in Poland”. International Scientific Symposium. Fagus 2010. „Is there future for beech – Changes, Impacts and Answers”. October 27th-28th Varaždin, Croatia. Str. 29-31

7 września 2010 r. Nowakowska J., **Sułkowska, M.**, Szczygieł, K. – “Laboratory of Molecular Genetics at the Institute (DNA analysis, isoenzymes, in vitro – Nowakowska J., **Sułkowska, M.**, Szczygieł, K. The 5th FIELD GENETICISTS NETWORK Meeting POLAND, Warszawa, September 6-10, 2010.

27 października 2010r. **Sułkowska, M.** – „Genetic and ecotype characterization of European beech (*Fagus sylvatica* L.) in Poland” – International Scientific Symposium. Fagus 2010. „Is there future for beech – Changes, Impacts and Answers”. October 27th-28th Varaždin, Croatia.

27 stycznia 2012 r. **Sułkowska, M.**, - „Genetic diversity studies and ex-situ conservation methods of *Sorbus torminalis* L. (Crantz.) in Poland”. The utilization of genetic approaches for effective conservation of endangered species *ConGRESS project*, regional workshop, Zvolen, January 25– 27, 2012. Technical University Zvolen, *ConGRESS project*.

1 czerwca 2012 r. **Sułkowska, M.** – “Zmienność genetyczna jarzębu brekinii (*Sorbus torminalis* (L.) Crantz) w Polsce i proponowane metody zachowania jego zasobów genowych. Instytut Badawczy Leśnictwa.

31 stycznia 2013 r. Nowakowska, J., Łukaszewicz, J., Paluch, R., Tereba, A., Pawlak, B., **Sułkowska, M.**, Zajączkowski, P., Borys, M., Konecka, A., Michalska, A., Zawadzka, A., Jakubowski, G., Kopyrk, W., Krajewski, S., Bieniek, J. - „ Struktura genetyczna głównych gatunków lasotwórczych w Polsce na tle współczesnych granic zasięgów ich występowania”. *Biura Nasiennictwa Leśnego*, Warszawa, 31.01.2013 r.

6 czerwca 2013 r. **Sułkowska M.** – “Zróżnicowanie genetyczne jarzębu brekinii na podstawie badań DNA”. Seminarium IBL, Czereśnia ptasia i jarząb brekinia w Polsce – Występowanie, zróżnicowanie genetyczne oraz możliwości uprawy plantacyjnej. Instytut Badawczy Leśnictwa, Sękocin St. **Referat zamawiany**

26 czerwca 2013 r. **Sułkowska M.**, Bednorz L., Bieniek J. - „ Zmienność genetyczna jarzębu brekinii (*Sorbus torminalis* (L.) Crantz) w Polsce i proponowane metody zachowania jego zasobów genowych”. 56 Zjazd Polskiego Towarzystwa Botanicznego, Interdyscyplinarne i aplikacyjne znaczenie

nauk botanicznych, Olsztyn-Kortowo. Polskie Towarzystwo Botaniczne. 24-30 czerwca 2013 roku.  
**Konferencja międzynarodowa**

26 czerwca 2013 r. Nowakowska, J., Aniśko, E., Borys, M., Bieniek, J., Kantorowicz, W., Klisz, M., Kowalczyk, J., Matras, J., Michalska, A., Przyborowski, J., Przybylski, P., Rakowski, K., Szyb-Borowska, I., **Sułkowska, M.**, Szczygieł, K., Zawadzka, A., Zawadzki, M. Zmienność genetyczna polskich populacji sosny zwyczajnej (*Pinus sylvestris* L.) na podstawie markerów mitochondrialnego DNA, 2013 r., 56. Zjazd Polskiego Towarzystwa Botanicznego. **Konferencja międzynarodowa**

8 kwietnia 2014 r. **Sułkowska M.** – „Wstępna ocena zmienności rodowo-prowieniencyjnej wybranych pochodzeń jarzębu brekinii i czereśni ptasiej w Polsce”. Seminarium, IBL; Sękocin St. – 8.04.2014 r.

12 czerwca 2014 r. Wojda T., **Sułkowska, M.**, - Ocena zróżnicowania jarzębu brekinii *Sorbus torminalis* (L.) Crantz. na powierzchniach proveniencyjno-rodowych w Nadleśnictwie Syców i Jamy. Seminarium Naukowo-Szkoleniowe pt. Rozmnażanie cisa pospolitego jako element ochrony i restytucji gatunków drzew leśnych w jednostkach Lasów Państwowych, Stary Sącz – Nawojowa, 11-13.VI.2014 r. RDLP Kraków, WL UR w Krakowie. **Referat zamawiany**

17 kwietnia 2015 r. Nowakowska, J., **Sułkowska, M.**, Tereba, A. - Struktura genetyczna świerka, modrzewia, jodły, buka i dębu bezszypułkowego w Polsce. Konferencja naukowa nt. Weryfikacja istniejących zasięgów występowania głównych lasotwórczych gatunków drzew na podstawie nowych badań. IBL; Sękocin St. – 8.04.2014 r.

25 czerwca 2015 r. **Sułkowska, M.**, Nowakowska, J., Tereba, A., - Utilisation of molecular studies in the conservation of genetic resources of selected forest tree species. Genetic Resources Conservation – Scientific And Social Challenges. 25-June-2015. Karpacz (Poland). **Referat zamawiany**  
**Liczne wystąpienia popularyzujące badania prowadzone w Instytucie Badawczym Leśnictwa lata 1994- 2015**

**oraz:**

lata 2012-2014 organizacja Festiwalu Nauki w miesiącu – wrześniu:

Piknik rodzinny "Tajemnice lasów i borów"

**Sułkowska, M.** „Geografia i biologia w przyrodzie” wykład

**Sułkowska, M.** „Rozpoznawanie gatunków drzew” warsztaty dla dzieci i dorosłych

#### H. Syntetyczne zestawienie osiągnięć naukowych

1. Liczba publikacji i doniesień naukowych ogółem: 86
2. Liczba publikacji po uzyskaniu stopnia doktora: 55
3. Liczba prac w czasopismach z listy JCR: 11
4. Liczba publikacji w czasopismach z bazy JCR po uzyskaniu stopnia doktora: 3  
Liczba pozostałych prac: 75  
    przed doktoratem: 23  
    po doktoracie: 52  
    w tym popularnonaukowych: 15
5. Liczba publikacji indywidualnych: 33

6. Liczba publikacji indywidualnych w czasopismach bazy JCR: 6
7. Liczba publikacji współautorskich – dwóch autorów: 31
8. Liczba publikacji współautorskich – dwóch autorów w czasopismach bazy JCR: 4
9. Liczba publikacji współautorskich – trzech i więcej autorów: 22
10. Liczba publikacji współautorskich – trzech i więcej autorów w czasopismach bazy JCR: 1
- 11. Łączna punktacja za wszystkie publikacje (wg MNiSW z dnia 31 grudnia 2014 r.): 457**  
**Suma punktów MNiSW wg. punktacji zgodnie z rokiem opublikowania: 195**  
**Suma punktów z uwzględnieniem monografii i rozdziałów w monografiach: 305**
- 12. Łączna punktacja za publikacje po uzyskaniu stopnia doktora (wg MNiSW z dnia 31 grudnia 2014 r.): 274**  
**Suma punktów MNiSW wg. punktacji zgodnie z rokiem opublikowania po doktoracie: 244**
- 13. Łączna punktacja za publikacje z bazy JCR (wg MNiSW z dnia 31 grudnia 2014 r.): 190**
- 14. Łączna punktacja za publikacje z bazy JCR (wg MNiSW z dnia 31 grudnia 2014 r.) po uzyskaniu stopnia doktora: 45**
15. Impact factor wszystkich publikacji (wg MNiSW z dnia 31 grudnia 2014 r.): 5,715  
Sumaryczny Impact Factor publikacji zgodnie z rokiem opublikowania: 0,631  
przed doktoratem: 0,261  
po doktoracie: 0,370
16. Łączna liczba cytowań (wg Web of Science stan na dzień 25 lipca 2015 r.): 12
17. Liczba cytowań bez autocytowań (wg Web of Science stan na dzień 25 lipca 2015 r.): 11
18. Indeks Hirsha (wg Web of Science stan na dzień 25 lipca 2015 r.): 1

**I. Syntetyczne zestawienie osiągnięć dydaktycznych popularyzatorskich oraz omówienie współpracy z instytucjami, organizacjami i towarzystwami naukowymi**

1. Uczestnictwo w konferencjach naukowych
  - 1.1. **Sułkowska, M. 2004:** Genetic and ecotype differentiation of *Fagus sylvatica* L. in Poland. Proceedings of the conference "Biodiversity conservation and ecological education – challenges in the United Europe" Cieszyn, 5–8.07.2004. str. 22
  - 1.2. **Sułkowska, M. 2004:** Zróżnicowanie ekotypowe populacji buka zwyczajnego *Fagus sylvatica* L. w Polsce. Międzynarodowa konferencja nt. „Rola lasu w zachowaniu w zachowaniu różnorodności biologicznej” **Poznań–Puszczykowo, 29–31.09.2004: 56–57**
  - 1.3. **Sułkowska, M.,** Charkot, S., Bieniek B., Przybylski, P. 2007: Markery izoenzymatyczne i DNA w ocenie zmienności i zróżnicowania genetycznego wybranych populacji buka w Polsce. Botanika w Polsce – sukcesy, problemy perspektywy. Streszczenia referatów i plakatów. 54 Zjazd Polskiego Towarzystwa Botanicznego. Szczecin 3-8 września 2007. Str. 45
  - 1.4. **Sułkowska, M.** 2007: Wild service tree (*Sorbus torminalis* (L.) Crantz) important, disappeared and endangered species in Poland. Biuletyn Ogrodów Botanicznych, Muzeów i Zbiorów 2007 Vol. 16A. Str. 29
  - 1.5. **Sułkowska, M.** 2008: Genetic variation of European beech in response to soil differentiation. Workshop on Plasticity and Adaptation in Forest Trees. Madrid, 27<sup>th</sup> – 29<sup>th</sup> February 2008. Str. 14
  - 1.6. **Sułkowska, M.,** Wojda, T. 2009: Isoenzyme variability in Polish and Latvian silver birch (*Betula pendula* Roth) provenances. Eurasian Forests – Polish Forests. Materials of the IX

- International Conference of Young Scientists, dedicated to 145 anniversary from the date of prof. I.K. Paczoski's birth (24-30, May 2009): 162-167
- 1.7. Wojda, T., **Sułkowska, M.** 2009: Fenologiczna i genetyczna zmienność wybranych proveniencji brzozy brodawkowatej (*Betula pendula* Roth) a regionalizacja leśnego materiału rozmnożeniowego. Konferencja Naukowa „Rozwój hodowli lasu wspólnym osiągnięciem nauki i praktyki leśnej” . Poznań – Zielonka – Łopuchówko 27-29 maja 2009. Przegląd Leśniczego nr 5/2009 (215/XIX): 21
  - 1.8. **Sułkowska, M.**, Wojda, T. 2014: Znaczenie rodowych powierzchni doświadczalnych w ochronie ex situ jarzębu brekinii (*Sorbus torminalis* L. Crantz XLIII Zjazd Polskich Ogrodów Botanicznych i Ogólnopolska Konferencja p.t. „Różnorodność biologiczna Polski a Światowy Strategiczny Plan dla Bioróżnorodności 2011-2020 – nowe wyzwania i zadania dla ogrodów botanicznych oraz banków genów”, Powsin, 30.VI.-4.VII.2014 r.). str. 41
  - 1.9. Przybylski, P., **Sułkowska, M.**, Szypl-Borowska, I. 2014: The verification of the correctness of clone grafts planting in seeds orchard of Scots Pine (*Pinus sylvestris* L.) in North-eastern Poland. „Forest Tree Breeding” IUFRO Conference Praha (Czechy) 24-31.VIII.2014 r. str. 50
  - 1.10. **Sułkowska, M.K.**, Nowakowska, J.A, Tereba, A. 2015. Utilisation of molecular studies in the conservation of genetic resources of selected forest tree species. Genetic Resources Conservation – Scientific And Social Challenges. 25-June-2015. Karpacz (Poland).str. 51-52
2. Uczestnictwo w komitetach organizacyjnych konferencji naukowych
    - 2.1. Organizacja warsztatów w ramach Proforest Centrum Doskonałości (Centre of Excellence) – “Analysis of microsatellite sequences in Scots pine”, Sękocin St. 24-27.08.2004 r. – Sekretarz
    - 2.2. Organizacja spotkania grupy COST E52 “Evaluation of the Genetic Resources of Beech for Sustainable Forestry” Joint Working Groups and Management Committee Meeting. Rzeszów-Jasionka. 06-10.2008 r. – Główny Organizator
    - 2.3. Konferencja szkoleniowa: Metody identyfikacji leśnego materiału rozmnożeniowego w oparciu o markery molekularne DNA. Sękocin Stary IBL - 27. 11. 2009 r. Współorganizator.
    - 2.4. Międzynarodowa konferencja naukowa: What do large genetic field experimental networks across Europe bring to the scientific community? Sękocin Stary (Poland), June 22–24, 2010. Współorganizator.
    - 2.5. Sesje naukowe Oddziału Warszawskiego Polskiego Towarzystwa Botanicznego w okresie od października 2006 do chwili obecnej – Sekretarz Oddziału, Vice-Przewodniczący Oddziału
    - 2.6. Zjazdy Polskiego Towarzystwa Botanicznego: Wrzesień 2010 – Warszawa – Główny Organizator, Czerwiec 2013 – Olsztyn – Protokolant
  3. Recenzje w czasopismach z bazy JCR
    - 3.1. Efficient plantlet regeneration and flow cytometry analysis of nuclear DNA content in brinjal (*Solanum melongena* L.) var. Mattu and Perampalli Gulla - unique varieties in Udipi, Karnataka. India. *Acta Physiologiae Plantarum*. Rok 2012.
    - 3.2. In vitro propagation of the medicinal plant *Solanum nigrum* in liquid media and evaluation of its antioxidant property. *Acta Physiologiae Plantarum*. Rok 2013.

1. Recenzja doktoratu: wykonana dla Białoruskiej Akademii Nauk, Institut Počvovedenia i Agrochemii NAN Białarusi: doktorat – Viktorii Leonidownej Andreewy nt. Ocenka počzvenno-resursnovo potencjala tipov zemel Białarusi na primere Berezinskovo biosfernovo zapowiednika i Nacionalnovo parka „Braslawskie oзера” – obrona doktoratu 10 kwietnia 2006 r.
2. Recenzja książki: **Sułkowska, M. 2007**: Zachowanie i zarządzanie leśnymi zasobami genowymi w Europie [Thomas Gburek & Jozef Turok editors. Conservation and Management of Forest Genetic Resources in Europe. Arbora Publisher, 2005]. *Leśne Prace Badawcze* 2007(3): 147-148
3. Recenzja doktoratu: **Sułkowska, M. 2008**: Zmienność genetyczna polskich wybranych populacji sosny zwyczajnej (*Pinus sylvestris* L.) na podstawie analiz polimorfizmu DNA [J. A. Nowakowska. Prace Instytutu Badawczego Leśnictwa, Rozprawy i Monografie, Sękocin, 2007]. *Leśne Prace Badawcze* Vol. 69(1): 77-78
4. Opinia dla Generalnej Dyrekcji Ochrony Środowiska, Departament Ochrony Przyrody, dotycząca restytucji jarzębu brekinii na terenie Polski Zachodniej przez Arboretum Leśne w Sycowie. Kwiecień 2009 r.

Recenzje – kwalifikacje do druku artykułów jako redaktor działowy (genetyka) w *Leśnych Pracach Badawczych IBL*, recenzje w *Folia Forestalia Polonica Series A – Forestry*

2011 r.

1. The effect of Light on seedlings increment in regeneration gaps in pure beech Forests (Case Study: Iran- Mazandaran - Liresar Forest). *Folia Forestalia Polonica, Series A – Forestry*
2. The effect of forest treefall gap on humus forms in mixed *Fagus orientalis* Lipsky (Oriental Beech) forest. *Folia Forestalia Polonica, Series A – Forestry*
3. Polimorfizm izoenzymów i wzrost wybranych pochodzeń świerka pospolitego [*Picea abies* (L.) Karst.] doświadczenia IPTNS-IUFRO 1964/68 w Krynicy. *Prace Instytutu Badawczego Leśnictwa*
4. Wzrost szczepów lipy drobnolistnej (*Tilia cordata* Mill.) na plantacji nasiennej w Nadleśnictwie Susz. *Prace Instytutu Badawczego Leśnictwa*
5. Markery RAPD sprzężone z genami cech ilościowych sosny zwyczajnej (*Pinus sylvestris* L.). *Prace Instytutu Badawczego Leśnictwa*
6. Wartość hodowlana wyselekcjonowanych rodów modrzewia europejskiego (*Larix decidua* Mill.) z pochodzenia sudeckiego na przykładzie powierzchni doświadczalnej w Zwierzyńcu Lubelskim. *Prace Instytutu Badawczego Leśnictwa*
7. Analiza wybranych cech jodły pospolitej (*Abies alba* Mill.) na powierzchni proveniencyjnej w Rogowie. *Prace Instytutu Badawczego Leśnictwa*

2012 r.

8. Genetic structure of selected Norway spruce [*Picea abies* (L.) Karst.] provenances tested in IPTNS-IUFRO 1964/68 experiment in Krynica. *Folia Forestalia Polonica, Series A – Forestry*

**2013 r.**

9. Growth of Scots pine (*Pinus silvestris* L.) on forest and former agricultural lands in Krynki Forest District *Folia Forestalia Polonica, Series A – Forestry*
10. The effective factors on diversity of natural regeneration and herbaceous vegetation in forest corral area in northern forests of Iran. Forest District *Folia Forestalia Polonica, Series A – Forestry*
11. Diversity of flora in the undergrowth of parks' afforestations, rural plantings and oak-hornbeam forests. Forest District *Folia Forestalia Polonica, Series A – Forestry*
12. *Sorbus hornadensis* Mikoláš (Rosaceae, Pyraeae), a new hybridogenous species of *Sorbus hazslinskyana* agg. from eastern Slovakia THAISZIA - Journal of Botany

**2014 r.**

13. Comparative evaluation of development of spruce climatotypes in 33-year old provenance trial of Russia. Forest District *Folia Forestalia Polonica, Series A – Forestry*
4. Wykłady i ćwiczenia ze studentami (godz./rok w latach xxx-xxx)

**Sułkowska M.** prowadzone zajęcia dydaktyczne w formie wykładów i ćwiczeń laboratoryjnych na I i II semestrze Studium Podyplomowego Genetyki i Selekcji Drzew Leśnych w roku akademickim 1999/2000, 2000/2001, 2005/2006 i 2008/2009.

Wykłady:

- Genetyczna zmienność populacji gatunków liściastych – 2 godz.
- Genetyczna zmienność populacji buka w Polsce (izoenzymy) – 2 godz.

Ćwiczenia laboratoryjne

- analizy DNA świerka i markery izoenzymowe buka – 2 godz.

5. Opracowania cykli wykładów i ćwiczeń z zakresu XXXX

Zakres tematyczny wykładów i ćwiczeń z zakresu genetyki drzew leśnych i metod oceny zróżnicowania genetycznego świerka z wykorzystaniem techniki DNA i analiz izoenzymatycznych został przygotowany jako wykłady autorskie **M. Sułkowskiej** i wymiar godzin dydaktycznych został ustalony na wniosek ówczesnego Kierownika Studium śp. prof. dr hab. Janusza Sabora i za zgodą Rady Wydziału Leśnego Uniwersytetu Rolniczego im. H. Kołłątaja w Krakowie.

6. Publikacje popularyzujące wiedzę

- 6.1. Rybacki, S., **Sułkowska, M.** 1998: Drzewo drzewu nierówne. *Poznajmy Las*: 3: 6-9.
- 6.2. Rybacki, S., **Sułkowska, M.** 1999: Pokrywa na talerzu. *Poznajmy Las*: 5: 13-15.
- 6.3. **Sułkowska, M.**, Rybacki, S. 1999: Śpiący las. *Poznajmy Las*: 1: 3-7.
- 6.4. **Sułkowska M.**, Rybacki S. 1999: Nowa Arka Noego. *Poznajmy Las*: 3: 3-6.
- 6.5. Rybacki S., **Sułkowska M.** 1999: Chemiczne wojny roślin. *Poznajmy Las*: 4: 4-7.
- 6.6. **Sułkowska, M.**, Rybacki, S. 1999: Drewniane kalendarze. *Poznajmy Las*: 6: 3-6.
- 6.7. **Sułkowska, M.** 2000: Monitoring czyli czuwanie. *Poznajmy Las*: 1: 3-6.

- 6.8. Rybacki, S., **Sułkowska, M.** 2000: Leśne zegary. *Poznajmy Las*: 2: 22-24.
- 6.9. **Sułkowska, M.**, Rybacki, S. 2000: Kwitnący las. *Poznajmy Las*: 3: 7-9.
- 6.10. **Sułkowska, M.**, Rybacki, S. 2001: Goście w lesie. *Poznajmy Las*: 1: 10-12.
- 6.11. **Sułkowska, M.**, Rybacki, S. 2001: W sieci... czyli rzecz o pająkach. *Poznajmy Las*: 3: 18-19.
- 6.12. **Sułkowska, M.**, Rybacki, S. 2001: Sowy - nocni łowcy. *Poznajmy Las*: 4: 7-9.
- 6.13. **Sułkowska, M.** 2003: Wiosna w lesie. *Poznajmy Las*: 3: 16-17.
- 6.14. Skrzyszewska, K., **Sułkowska M.**, 2012. Prof. dr hab. Janusz Sabor (1946-2012) – distinguished geneticist-forester, critical observer, nature and arts lover. *Folia Forestalia Polonica, series A, Forestry*. Vol. 54 (3), 202–204.
- 6.15. Skrzyszewska, K., **Sułkowska M.**, 2012. Janusz Sabor (1946-2012). Wspomnienie pośmiertne. *Leśne Prace Badawcze*, Vol. 73, 3: 263-265.

