



Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu  
ul. Wojska Polskiego 28  
60-637 Poznań  
tel. +48 61 848 70 01  
e-mail: rektorat@up.poznan.pl

1.07.2022 r.

Prof. UPP dr hab. Michał Kwiatek  
Katedra Genetyki i Hodowli Roślin  
Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii  
Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu  
ul. Dojazd 11, 60-637 Poznań

Recenzja rozprawy doktorskiej **mgr Magdaleny Senderowicz**  
pt.: „**Struktura i ewolucja kariotypu w rodzaju *Crepis***”

Przedstawiona mi do recenzji rozprawa doktorska przygotowana przez Panią mgr Magdalenę Senderowicz została zrealizowana w Zespole Cytogenetyki i Biologii Molekularnej Roślin, w Instytucie Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska na Wydziale Nauk Przyrodniczych Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach, a jej promotorem jest Pani dr hab. Bożena Kolano, prof. UŚ. Praca ta ma postać komentarza do trzech artykułów naukowych, opublikowanych w prestiżowych czasopismach z listy filadelfijskiej, które są spójne tematycznie i stanowią podstawę dysertacji, co dopuszcza art. 13 Ustawy o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. z 2017 r. poz. 1789). Prezentowane badania finansowane były przez Narodowe Centrum Nauki, w ramach projektu badawczego typu OPUS-14, nr DEC-2017/27/B/NZ8/01478 pt.: „Ewolucja kariotypu w rodzaju *Crepis*”, którego kierownikiem była Pani dr hab. Bożena Kolano.

Prace naukowe będące przedmiotem niniejszej rozprawy doktorskiej:

- Borowska-Zuchowska, N.; **Senderowicz, M.**; Trunova, D.; Kolano, B. Tracing the evolution of the angiosperm genome from the cytogenetic point of view. *Plants* 2022, 11, 784. <https://doi.org/10.3390/plants11060784>
- **Senderowicz, M.**; Nowak, T.; Rojek-Jelonek, M.; Bisaga, M.; Papp, L.; Weiss-Schneeweiss, H.; Kolano, B. Descending dysploidy and bidirectional changes in genome size accompanied *Crepis* (Asteraceae) evolution. *Genes* 2021, 12, 1436. <https://doi.org/10.3390/genes12091436>
- **Senderowicz, M.**; Nowak, T.; Weiss-Schneeweiss, H.; Papp, L.; Kolano, B. Molecular and cytogenetic analysis of rDNA evolution in *Crepis Sensu Lato*. *International Journal of Molecular Sciences*. 2022, 23, 3643. <https://doi.org/10.3390/ijms23073643>

zostały opublikowane w latach 2021-2022 a ich sumaryczny wskaźnik wpływu Impact Factor wg Journal of Citation Reports wynosi 13,922 punktów a suma punktów wg punktacji Ministerstwa Edukacji i Nauki to 310 punktów wg obowiązującego Komunikatu Ministra Edukacji i Nauki w sprawie wykazu czasopism naukowych i recenzowanych materiałów z konferencji



**Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu**  
ul. Wojska Polskiego 28  
60-637 Poznań  
tel. +48 61 848 70 01  
e-mail: rektorat@up.poznan.pl

międzynarodowych wraz z przypisaną liczbą punktów. Według oświadczenia zamieszczonego na stronach 143 - 159 manuskryptu, wkład Pani mgr Magdaleny Senderowicz w powstanie przedstawionych prac naukowych polegał na napisaniu manuskryptów, przygotowaniu figur, przygotowaniu materiału roślinnego, analizach cyto-molekularnych i filogenetycznych; co zostało potwierdzone przez pozostałych współautorów ocenianych prac w rozdziale VI. „Oświadczenia autorów”.

Artykuły naukowe wchodzące w skład niniejszej rozprawy doktorskiej zostały już recenzowane na etapie zatwierdzania publikacji do druku. Moja rola jako recenzenta niniejszej rozprawy doktorskiej sprowadza się do oceny formalnej rozprawy doktorskiej a także oceny merytorycznej badań zawartych w rozprawie oraz ich spójności a także oceny tekstu rozprawy doktorskiej, który został przygotowany samodzielnie przez Autorkę.

Praca doktorska Pani mgr Magdaleny Senderowicz zawiera 159 stron i jest uporządkowana według następującego podziału:

- Autoreferat rozprawy, w którego skład wchodzi następujące podrozdziały: Wprowadzenie, Cel pracy doktorskiej, Materiał i metody, Wyniki i dyskusja oraz Literatura;
- Publikacje wchodzące w skład rozprawy;
- Podsumowanie i wnioski;
- Streszczenie w języku polskim i angielskim;
- Oświadczenia autorów.

Rozdział Wprowadzenie zawarty na siedmiu stronach tekstu prezentuje stan wiedzy dotyczący badań nad ewolucją genomu roślinnego oraz kształtowaniem struktury kariotypów. Ta część pracy napisana jest obszernie i stanowi doskonałą bazę informacji, przygotowującą czytelnika do analizy wyników otrzymanych w ramach pracy doktorskiej. Autorka powołując się na najnowsze doniesienia naukowe scharakteryzowała genom roślinny, opisując dokładnie rodzaje poszczególnych sekwencji DNA oraz zakresy ich udziału w całkowitym genomowym DNA wielu istotnych gatunków roślin. Płynnie nawiązała do możliwości zastosowania technik związanych z fluorescencyjną hybrydyzacją *in situ* w celu analizy wspomnianych typów sekwencji DNA w badaniach ewolucyjnych. Autorka skoncentrowała się na szczegółowym opisie powtarzalnych elementów DNA. Te sekwencje są głównym składnikiem genomu organizmów eukariotycznych, który może stanowić nawet 90% całej informacji genetycznej. Z racji tak dużego udziału w całkowitym genomowym DNA, sekwencje te są doskonałym indykatorem zmian jakie zaszły w genomach roślinnych w toku ewolucji. Są to sekwencje niekodujące i dlatego z początku określano je mianem ‘śmieciowego DNA’. Powtarzalne elementy DNA można podzielić na krótkie i długie sekwencje, których powtórzenia mogą być rozproszone lub ułożone w sposób tandemowy. Pośród powtarzalnych sekwencji DNA rozróżniamy:



- elementy ruchome (transpozony i retrotranspozony),
- geny rRNA,
- sekwencje satelitarne.

Wszystkie powyższe typy zostały bardzo dokładnie opisane przez Autorkę. W dalszej części, Pani mgr M. Senderowicz opisała procesy ewolucyjne kształtujące kariotypy organizmów roślinnych. Szeroko przedstawiła aberracje chromosomowe o charakterze liczbowym i strukturalnym. Podsumowując pierwszą część rozprawy doktorskiej muszę stwierdzić, że Autorka kompleksowo przybliżyła czytelnikowi podjęty przez siebie temat badawczy.

W rozdziale I.2. Autorka scharakteryzowała cztery hipotezy badawcze, choć w zdaniu wprowadzającym wspomniała tylko o trzech. Testowano następujące hipotezy:

1. Dysploidalne zmiany liczby chromosomów, które są rezultatem rearanżacji chromosomowych, pojawiały się wielokrotnie w toku ewolucji rodzaju *Crepis*;
2. Poszczególne linie ewolucyjne *Crepis* wykazywały różne trendy w ewolucji podstawowej liczby chromosomów (ang. *descending*, *ascending*, *bidirectional dysploidy*);
3. Redukcja wielkości genomu jest dominującym trendem w ewolucji rodzaju *Crepis*
4. Linie ewolucyjne *Crepis* różnią się między sobą kierunkiem (symetryczny versus asymetryczny) ewolucji kariotypu.

Wg mojej oceny hipoteza nr 2 charakteryzuje się dużym stopniem ogólności i można rozważyć pominięcie tego założenia lub jego przeredagowanie.

Cel pracy został określony przejrzysto w postaci trzech punktów:

1. Zrekonstruowanie zależności filogenetycznych między badanymi gatunkami *Crepis*, które umożliwią badania nad ewolucją kariotypu i wielkości genomu;
2. Poznanie trendów w ewolucji wielkości genomu i ewolucji podstawowej liczby chromosomów w rodzaju *Crepis*;
3. Porównanie organizacji chromosomowej *loci* rDNA w rodzaju *Crepis*.

Rozdział „Materiały i metody” liczy pięć i pół strony i w moim odczuciu nie jest opisany w sposób wyczerpujący. Moje uwagi dotyczą metod użytych do analiz filogenetycznych. Dla zestawu danych nrITS stosowano model TIM3e + G4, dla zestawu danych cpDNA model TVM + F + G4. Natomiast w analizach filogenetycznych sekwencji 5S rDNA NTS stosowano model K2P + G4 dla linii ewolucyjnej *Lagoseris*, a dla linii ewolucyjnej *Crepis* s.s. model K3P + G4. Z racji braku opisu tych narzędzi we wprowadzeniu, jako recenzent mam następujące pytanie:



Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

ul. Wojska Polskiego 28

60-637 Poznań

tel. +48 61 848 70 01

e-mail: rektorat@up.poznan.pl

- **Co to za modele, czym się różnią i dlaczego akurat te zostały wybrane do analiz?**

Znalazłem też kilka uproszczeń i określeń żargonowych, np. określenie „ukorzeniane drzew” – odnoszące się do analiz filogenetycznych (strona 13), lub „uprawa rośliny” (Czy była tylko jedna? Strona 13.)

Wyniki i dyskusja zostały połączone przez Autorkę w jeden podrozdział (I.4.) liczący osiem stron. Jego treść zasadniczo w pełni oddaje istotę opublikowanych badań, które przedstawiają analizę ewolucji struktury kariotypu w rodzaju *Crepis*, wyniki badań nad wielkością genomu w analizowanym rodzaju oraz analizy organizacji i ewolucji loci rDNA w gatunkach *Crepis* sp. Autorka opisała i przeanalizowała wyniki analiz filogenetycznych, przeprowadzonych w oparciu o trzy zestawy danych: markery jądrowe nrITS i 5S rDNA NTS oraz cztery markery plastydowe. Analizy oparte o marker nrITS i markery chloroplastowe umożliwiły wyróżnienie dwóch linii ewolucyjnych: *Lagoseris* i *Crepis sensu stricto*. W linii ewolucyjnej *Crepis s.s.* wyróżniła cztery klady blisko spokrewnionych gatunków. Natomiast analiza filogenetyczna markera 5S rDNA NTS nie pozwoliła na wyciągnięcie jednoznacznych wniosków, ze względu na duży międzygatunkowy polimorfizm sekwencji nukleotydów. Przeprowadzone badania wykazały duże zróżnicowanie podstawowej liczby chromosomów oraz formuł kariotypów w tym rodzaju. Badania ewolucji podstawowej liczby chromosomów wykazały, że w rodzaju *Crepis* dominującym trendem była dysploidalność zstępująca. Przeprowadzono również analizę ewolucji wielkości genomu, która wykazała, że ewolucji rodzaju *Crepis* towarzyszyły zarówno wzrosty, jak i redukcje wielkości genomu, co znajduje potwierdzenie w najnowszej literaturze tematu. Z obowiązku recenzenta muszę nadmienić, iż niektóre narzędzia badawcze, wspomniane w rozdziale „Wyniki i dyskusja” nie zostały opisane w rozdziale poświęconym opisowi metodyki, np. zastosowanie programu IqTree. Stąd moje pytanie:

- **Do czego służy i jak bardzo pomocny okazał się być ww. program (IqTree).**

Ponadto, moim zdaniem bardzo brakowało graficznego przedstawienia dynamiki ewolucji kariotypu gatunków należących do rodzaju *Crepis*. Co prawda figury ilustrujące przebieg tego procesu znajdują się w publikacjach stanowiących podstawę niniejszej pracy doktorskiej, jednakże uważam, że taka grafika znacznie ułatwiłaby analizę i zrozumienie tekstu autoreferatu.

Wnioski z pracy przedstawiono w postaci 7 punktów i w moim odczuciu zostały dobrze przemyślane. Mam pewne zastrzeżenia do wniosku nr 6, który ma charakter wyniku, a nie konkluzji.

Od strony językowej praca nie budzi moich zastrzeżeń. Odnotowałem znikomą liczbę błędów edycyjnych, co świadczy o staranności przygotowania manuskryptu.



**Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu**

ul. Wojska Polskiego 28

60-637 Poznań

tel. +48 61 848 70 01

e-mail: rektorat@up.poznan.pl

Oceniana rozprawa spełnia według mnie wymagania ustawowe wobec prac doktorskich [art. 179 ustawy z dnia 3 lipca 2018 r. Przepisy wprowadzające ustawę – Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 30 sierpnia 2018 r. poz. 1669, z późn. zm.) ].

Pragnę zaznaczyć, iż wymienione przeze mnie w niniejszej recenzji uwagi oraz komentarze mają charakter dyskusyjny i w żadnym stopniu nie obniżają wartości pracy, którą oceniam bardzo wysoko.

Wniosuję do Rady Wydziału Biologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach o dopuszczenie mgr Magdaleny Senderowicz do dalszych etapów przewodu doktorskiego.

Poznań, dnia 1 lipca 2022 roku