

Ocena osiągnięcia naukowego dr Katarzyny Joanny Jasienieckiej-Gazarkiewicz pt.: „Charakterystyka funkcji fizjologicznej oraz roli wybranych acylotransferaz acylo-CoA:lizofosfolipid w remodelowaniu fosfolipidów różnych organizmów”

Dane personalne Kandydatki

Dr Katarzyna Joana Jasieniecka-Gazarkiewicz obecnie pracuje w Międzyuczelnianym Wydziale Biotechnologii UG i GU Med, Uniwersytet Gdański, ul. Abrahama 58, 80-307. Uzyskała stopień Magistra Biologii specjalność nauczycielska biologia z przyrodą w Akademii Pomorskiej w Słupsku (obecnie Uniwersytet Pomorski w Słupsku); Słupsk, Polska. Tytuł pracy: „Wpływ aloksydymu na aktywność lipooksygenaz w korzeniach pszenicy”. Promotorem pracy był: prof. dr hab. Antoni Banaś z Międzyuczelnianego Wydziału Biotechnologii UG GUMed. Stopień doktora nauk biologicznych, w zakresie biochemii. Kandydatka uzyskała obronę pracy pt.: „Charakterystyka specyficzności substratowej oraz określanie funkcji fizjologicznych wybranych acylotransferaz acylo-CoA:lizofosfolipid,”. Stopień doktora został nadany Kandydatce w Międzyuczelnianym Wydziale Biotechnologii UG i GUMed. Promotorem pracy był tak jak w pracy magisterskiej prof. dr hab. Antoni Banaś.

Dr Katarzyna Joana Jasieniecka-Gazarkiewicz jest zatrudniona w Zakładzie Biochemii Roślin, Międzyuczelnianego Wydziału Biotechnologii UG GUMed., najpierw od 2009 r. jako asystent a od 2015 r. jako adiunkt i nauczyciel akademicki. W okresie kariery zawodowej Kandydatka przebywała na urlopie zdrowotnym (3 miesiące) i macierzyńskim (9 miesięcy) na przełomie lat 2019/2020.

Dane bibliometryczne Kandydatki

Dr Katarzyna Joana Jasieniecka-Gazarkiewicz posiada stosunkowo bardzo dobry dorobek naukowy. Łącznie jest współautorką 21 artykułów w czasopismach naukowych. 19 z 21 artykułów zostało opublikowanych po obronie pracy doktorskiej. Jej sumaryczny współczynnik wpływu (ΣIF) = 104,4 a liczba cytowań publikacji Kandydatki bez autocytowań wynosi ponad 300 z indeksem Hirscha ($H = 11$).

Ocena osiągnięcia naukowego Kandydatki

Jako osiągnięcia naukowe Dr Katarzyna Joana Jasieniecka-Gazarkiewicz wskazała: „Charakterystyka funkcji fizjologicznej oraz roli wybranych acylotransferaz acylo

CoA:lizofosfolipid w remodelowaniu fosfolipidów różnych organizmów”. Wymienione osiągnięcie naukowe zostało opisane w dwóch komplementarnych i oryginalnych cyklach publikacji: (Osiągnięcie I) opublikowane w dwóch powiązanych tematycznie publikacjach, przedstawiających subkomórkową lokalizację acylotransferaz acylo-CoA:lizofosfatydyloetanoloamina (LPEAT) oraz opisanie wpływu deregulacji ekspresji genów kodujących te enzymy na wzrost i rozwój rośliny oraz na wybrane procesy fizjologiczne (w tym proces autofagii) u rzodkiewnika. Osiągnięcie II) składa się z trzech powiązanych tematycznie prac w których opisano biochemiczną charakterystykę acylotransferaz acylo-CoA:lizofosfatydylocholina (LPCAT) i acylo-CoA:kwasy lizofosfatydowy (LPAAT) z drożdży, rzodkiewnika i okrzemki oraz określono ich zdolności remodelowania fosfolipidów. Prace te opublikowano w latach 2021-2025. We wszystkich pracach składających się na osiągnięcie naukowe Kandydatki jest ona wiodącym lub równorzędnie wiodącym autorem oraz we wszystkich pięciu pracach jest autorką korespondencyjną. Żadna z publikacji wchodząca w skład Osiągnięcia I lub II nie została wcześniej wykorzystana w postępowaniu o nadanie stopnia doktora lub doktora habilitowanego. Pozostałe osiągnięcia naukowe Kandydatka opisała pokrótce w pkt 4.4 (Pozostałe osiągnięcia naukowe) oraz pkt 5 (Informacja o wykazywaniu się istotną aktywnością naukową realizowaną w więcej niż jednej uczelni) autoreferatu.

PUBLIKACJA 1 Subcellular localization of acyl-CoA:lysophosphatidylethanolamine acyltransferases (LPEATs) and the effects of knocking-out and overexpression of their genes on autophagy markers level and life span of *A. thaliana*. Jasieniecka-Gazarkiewicz K.*, Demski K., Gidda S.K., Klińska S., Niedojadło J., Lager I., Carlsson A.S., Minina E.A., Mullen R.T., Bozhkov P.V., Szymne S., Banaś A. International Journal of Molecular Sciences, 2021;22 *autor korespondencyjny

Kandydatka na stronie 3 autoreferatu opisuje swój zasadniczy wkład w tą publikację, jednak nie wyszczególnia które tabele i ryciny zostały samodzielnie przez nią przygotowane. W artykule tym Kandydatka proponuje hipotezę, że poziom ekspresji genów LPEAT oraz ich produktów może pośrednio regulować poziom ekspresji genów kodujących białka ATG8, wpływając na ilość tych białek w komórkach. Obniżony poziom wszystkich form ATG8 u mutantów *lpeat* mógłby w konsekwencji prowadzić do zmniejszenia intensywności autofagii u tych mutantów. Tym samym poziom ekspresji genów LPEAT może stanowić nowy mechanizm regulacji intensywności autofagii u roślin. Hipoteza ta została częściowo potwierdzona przez analizę poziomu białka ATG8 i obserwacje ultrastrukturalne komórek

mezofilu liści roślin typu dzikiego oraz podwójnego mutantu *lpeat1 lpeat2*. W wakuolach roślin typu dzikiego (WT) stwierdzono znacznie więcej różnorodnych struktur błoniastych niż w wakuolach podwójnych mutantów *lpeat1 lpeat2*. Wśród nich struktury pęcherzykowe (MVS) oraz struktury wielowarstwowe (MLS) występowały w większej liczbie niż w wakuolach podwójnych mutantów *lpeat1 lpeat2*. Razem te rezultaty sugerują pośredni udział poziomu LPEAT w regulacji autofagii. Autofagia to szlak regulowanej degradacji makrocząsteczek, który umożliwia recykling uszkodzonych lub w danych warunkach niepożądanych materiałów komórkowych (głównie białek) podczas stresu lub podczas określonych procesów rozwojowych i fizjologicznych. W ciągu ostatnich dekad wiedza o autofagii znacznie się zwiększyła (przyznana Nagroda Nobla w 2016 r.: Yoshinori Ohsumi otrzymał nagrodę za odkrycie mechanizmów autofagii, czyli procesów „recyklingu” wewnątrzkomórkowego, które chronią komórki przed śmiercią i pozwalają im radzić sobie ze stresem oraz starzeniem).

Kandydatka konkluduje w tej pracy, że mechanizmy regulacji wzrostu roślin w następstwie zmian ekspresji genów *LPEAT* lub aktywności LPEAT wydają się bardzo złożone i obejmują regulację zawartości PE oraz lizofosfolipidów w komórkach, regulację intensywności autofagii, a także prawdopodobnie wiele innych procesów biochemicznych. Wyłączenie (knock-out) genów kodujących LPEAT zdaje się inicjować kaskadę zdarzeń biochemicznych; jednakże kolejność tych zdarzeń oraz ich przyczyny wymagają wyjaśnienia w dalszych badaniach.

PUBLIKACJA 2 Physiological and biochemical effects of different expression acyl-CoA: lysophosphatidylethanolamine acyltransferases encoding genes observed in Arabidopsis plants cultivated under low and standard temperatures. By Jasieniecka-Gazarkiewicz K.*, Klińska-Bąchor S., Banaś A. BMC Plant Biology, 2025; 25 *autor korespondencyjny

Kandydatka w tej publikacji stwierdza, że jednym z najczęstszych stresorów abiotycznych dla roślin jest stres chłodu, a głównym mechanizmem adaptacji komórek roślinnych do tego czynnika jest modyfikacja płynności błon. W badaniach przeprowadzonych w ramach tej pracy Kandydatka analizowała rolę acylotransferaz acylo-CoA:lizofosfatydyloetanoloaminy (LPEAT) – enzymów uczestniczących w resyntezie i przebudowie fosfolipidów – w procesie adaptacji roślin *Arabidopsis* do niskiej temperatury (do chłodu). Rośliny kontrolne *Arabidopsis* oraz mutanty zerowe (knockouty) lub transgeniczne rośliny ze zwiększonym poziomem ekspresji genów kodujących *AtLPEAT1* i *AtLPEAT2* uprawiano w warunkach niskiej (4°C) i standardowej (21°C) temperatury,

monitorując ich rozwój. Obie linie wykazujące nadekspresję tych genów wytwarzały większą biomasa rozet niż rośliny kontrolne (typu dzikiego; WT), natomiast rozety mutantów *lpeat2* oraz *lpeat1xlpeat2* były znacznie mniejsze niż u roślin typu dzikiego (WT). Co zaskakujące, mutant *lpeat1* wytwarzał większe rozety niż rośliny WT. Wszystkie mutanty *lpeat* charakteryzowały się opóźnionym starzeniem się liści rozety oraz późniejszym rozpoczęciem kwitnienia w porównaniu z roślinami WT. W przeciwieństwie do warunków standardowych, w niskiej temperaturze linia *LPEAT1-OE* oraz linie mutantów *lpeat2* i *lpeat1xlpeat2* przybierały barwę żółtozieloną, podczas gdy liście roślin WT, linii *LPEAT2-OE* oraz linia mutantu *lpeat1* miały kolor ciemnozielony. Analizy biochemiczne barwników fotosyntetycznych wykazały większe różnice w ich zawartości i składzie u badanych linii *Arabidopsis* hodowanych w niskiej temperaturze niż w warunkach standardowych. U wszystkich mutantów *lpeat* stwierdzono spadek ilości wszystkich analizowanych klas lipidów w przeliczeniu na jednostkę świeżej masy; zmiany te były jednak najbardziej wyraźne w przypadku fosfatydyloglicerolu (PG) i monogalaktozylodiacylloglicerolu (MGDG). Odnotowano silną korelację między zróżnicowanym poziomem ekspresji genów kodujących enzymy LPEAT w badanych liniach roślin a aktywnością LPEAT i LPGAT (gdzie odpowiednio lizofosfatydyloetanolamina i lizofosfatydyloglicerol pełnią funkcję akceptorów kwasów tłuszczowych). Zależność ta dotyczyła również intensywności przebudowy fosfatydyloetanolaminy (PE) i PG. Badania te wykazały, że obserwowane wcześniej skutki nadekspresji i wyłączenia ekspresji genów *LPEAT* występują niezależnie od warunków uprawy, że enzymy AtLPEAT1 i AtLPEAT2 pod wpływem zmian temperatury otoczenia modyfikują swoją specyficzność substratową w stosunku do kwasów tłuszczowych i mogą regulować przebudowę kwasów tłuszczowych zarówno PE jak i PG.

Związek między przemianą fazową lipidów błonowych a wrażliwością roślin na chłód został po raz pierwszy postulowany na początku lat 70. XX wieku przez Raisona (1973) i Lyonsa (1973). Zaproponowali oni, że tworzenie przez lipidy fazy żelowej (lub stałej) w błonach biologicznych w temperaturach chłodzenia indukuje uszkodzenia niektórych tkanek roślinnych, co może prowadzić do obumarcia rośliny. Argumentowano, że lipidy błonowe roślin wrażliwych na chłód przechodzą w fazę żelową w temperaturach chłodzenia, podczas gdy lipidy roślin odpornych na chłód pozostają w fazie ciekłokrystalicznej. Ponieważ faza fizyczna każdego glicerolipidu błonowego zależy od rodzaju polarnej grupy głowy, od długości składowika tłuszczowego. W latach 80 i 90 Murata i jego zespół udowodnili że saturacja i desaturacja wiązań C-C w łańcuchach kwasów tłuszczowych ma zasadniczy

wpływ na płynność membran i na przemieszczanie się białek w tych membranach oraz na ich integralność., co ma wpływ na funkcjonowanie chloroplastów, mitochondriów i ich membran. Dziwi mnie fakt, że Kandydatka nie nawiązała do tych prac i faktów naukowych w swoich badaniach, szczególnie do regulacji śmierci komórki zależnej od integracji membran chloroplastów i mitochondriów.

Moja konstruktywna ale i zasadniczą krytyką badań Kandydatki i interpretacji rezultatów tych badań jest częściowo nieprawidłowe zrozumienie wykorzystania w tych badaniach narzędzi genetyki molekularnej tzw. „forward i reverse genetics” w określeniu i definiowaniu funkcji genów. Nie tylko Kandydatka ale i wielu innych młodych badaczy nieprawidłowo interpretuje obserwowane fenotypy mutantów roślin. Opisując fenotyp mutantu, należy pamiętać, że opisuje się dysfunkcję (nienormalność w stosunku do WT) genu a nie jego funkcję. Na podstawie fenotypu mutantu i jego dysfunkcji dedukuje się funkcję genu w dzikim typie (WT) w którym wszystkie geny są funkcjonalne. Kandydatka napisała „Wszystkie mutanty *lpeat* charakteryzowały się opóźnionym starzeniem się liści rozety oraz późniejszym rozpoczęciem kwitnienia w porównaniu z roślinami WT. „ Potem stwierdziła „W przeciwieństwie do warunków standardowych, w niskiej temperaturze linia *LPEAT1-OE* oraz linie mutantów *lpeat2* i *lpeat1xlpeat2* przybierały barwę żółtozieloną, podczas gdy liście roślin WT, linii *LPEAT2-OE* oraz linia mutantu *lpeat1* miały kolor ciemnozielony.” Te dwie obserwacje wykluczają się nawzajem, jeśli liście w mutantach przybierały barwę żółto-zieloną to w warunkach chłodu miały przyspieszony a nie opóźniony proces starzenia, nieprawdaż? Dlatego autofagia reguluje i opóźnia proces starzenia w warunkach stresu chłodu.

W publikacji Int. J. Mol. Sci. 2021, 22, 3006 Na stronie 17 w paragrafie dyskusji Kandydatka pisze „3.4. Life Span of Tested Arabidopsis Lines. In earlier works it has been shown that in stress conditions Arabidopsis mutants with impaired autophagy undergo an earlier senescence; the length of the major stages of life cycle is reduced compared to the control [12,30]. It was even shown that such a lifespan reduction also occurs at normal growth conditions [12]. Thus, we expected that our lpeat mutants will also display earlier senescence symptoms than the control plants. However, the results were surprising; instead of earlier senescence the lpeat mutants showed a prolonged lifespan. It was pronounced especially in the case of “rosette senescence time” which was up to 55% longer in case of lpeat1 lpeat2 double mutant. A similar tendency was also observed in other parameters characterizing plant development like “flowering time”, “number of days from sowing to flowering cessation”, or “number of days from sowing to total yellow leaves”. In case of plants overexpressing

LPEAT1 or LPEAT2 some of the stages of the life cycle were reduced in time or were similar compared to the control.”

Ponownie ta interpretacja na podstawie obserwowanego fenotypu jest nieprawidłowa. To, że mutanty są bardziej zielone i mniejsze (niedorozwinięte) (Ryc. 11 powyżej cytowanej pracy) to nie oznacza, że mają się lepiej bo mają wydłużony cykl życiowy z powodu przyhamowania autofagi. Mutanty wyraźnie mają zaburzony (przyhamowany) rozwój, przez co mają opóźnione kwitnienie i dojrzewanie nasion, przez co nie wydają potomstwa (nasion) w optymalnym czasie, w takim jaki obserwujemy w WT. OE wydaje tych nasion więcej w porównaniu do WT w tym samym czasie. Dlatego autofagia u roślin ma na celu optymalizację cyklu życiowego i przetrwania gatunku a nie wydłużenie życia osobnika (przyhamowanie cyklu komórkowego – podziałów komórkowych), który obserwujemy w mutantach *lpat* i które z punktu widzenia przetrwania gatunku jest negatywne. Natomiast funkcjonalne geny *LPEAT1* i *LPEAT2* są niezbędne dla tej optymalizacji. Proszę też pomyśleć o wykorzystaniu narzędzi „reverse genetics” to jest o odwróceniu fenotypu mutantów (np. *lpat*) do typu WT poprzez mutację w innych genach. Tę konstruktywną krytykę, daję jako odpowiedź dla przyszłych badań i ich prawidłowej interpretacji.

PUBLIKACJA 3 Efficiency of phospholipid remodeling via acyl-CoA:lysophospholipid acyltransferases action is modified by acyl-CoAs. Jasieniecka-Gazarkiewicz K.*, Klińska-Bąchor S., Banaś A. European Journal of Lipid Science and Technology, 2023;125 *autor korespondencyjny

W publikacji tej Kandydatka kontynuowała prace dotyczące remodelowania lipidów przez acylotransferazy typu LPLAT drożdży i rzodkiewnika. Kandydatka skupiła się na zbadaniu wpływu różnych czynników, w tym obecność i skład acylo-CoA, na intensywność przebudowy fosfolipidów w wyniku działania acylotransferaz typu ScLPLAT: ALE1 i SLC1 (kodowanych przez geny drożdżowe) oraz AtLPCAT2 (kodowanej przez gen rzodkiewnika). W eksperymentach wykorzystwała frakcje mikrosomalne z drożdżowego zmutowanego szczepu drożdży Δ ALE1, transformowanego niezrekombinowanym (pYES2) lub zrekombinowanym plazmidem zawierającym geny kodujące AtLPCAT bądź ALE1. Wykazano, że zastosowane w eksperymentach acylo-CoA w różny sposób wpływało na intensywność przebudowy PC i PE, katalizowanej przez badane acylotransferazy. Ponadto każde z użytych acylo-CoA wywierało odmienny wpływ na poszczególne badane acylotransferazy. Zastosowanie inhibitora reakcji odwrotnej katalizowanej przez LPLAT

wykazały, że przebudowa PC i PE przez enzymy LPLAT może zachodzić również w drodze reakcji innych niż reakcja odwrotna katalizowana przez te enzymy, a obecność acylo-CoA w mieszaninie reakcyjnej wpływała na przebieg tych procesów. Badania Kandydatki wskazują, że acylotransferazy acylo-CoA:lizofosfolipid (LPLAT) odgrywają kluczową rolę w procesie przebudowy fosfolipidów. Kandydatka wykazała, że powstawanie lizofosfolipidów – pierwszy etap przebudowy fosfolipidów – zachodzi nie tylko w trakcie reakcji odwrotnej, lecz także w wyniku innych procesów katalizowanych przez LPLAT.

PUBLIKACJA 4 Biochemical Properties and Substrate Specificity of Two Acyl-CoA:Lysophosphatidic Acid Acyltransferases (PtATS2a and PtATS2b) from Diatom *Phaeodactylum tricornutum*. Jasieniecka-Gazarkiewicz K.*, Połomska A., Gong Y., Banaś A. International Journal of Molecular Sciences, 2025; 26 *autor korespondencyjny

W PUBLIKACJI 4 Kandydatka wykonała charakterystyki biochemiczne enzymów PtATS2a i PtATS2b z okrzemek. Zbadała aktywności tych enzymów w różnym zakresie pH i w różnych temperaturach oraz w obecności wybranych jonów a także zbadała specyficzność substratową wobec różnych acylo-CoA. Podobnie jak w pracach nad LPLATami z roślin, również w tym wypadku Kandydatka wykorzystała heterologiczną ekspresję badanych genów kodujących te enzymy w systemie drożdżowym *S. cerevisiae* z wyłączonym genem *ale1* kodującym główną drożdżową acylotransferazę. Wykazała, że w przypadku zastosowania sn-1-18:1-LPA i [14C]16:0-CoA jako egzogennych substratów, oba enzymy – PtATS2a i PtATS2b – miały najwyższą aktywność w temperaturze 23°C (w badanym zakresie temperatur od 10 do 60°C). Oba enzymy osiągały maksimum aktywności w środowisku zasadowym: dla PtATS2a było to pH 10, a dla PtATS2b – pH 11. Przy pH 6 i pH 12 aktywność obu enzymów była bardzo niska. Oba enzymy wykazywały dwa piki aktywności: w pH obojętnym równym 7 (PtATS2a) i pH równym 8 (PtATS2b) oraz w pH zasadowym równym 10 (PtATS2a) i pH równym 11 (PtATS2b). Jony wapnia w stężeniach 0,05–1 mM drastycznie obniżały aktywność obu enzymów. Jony magnezu w stężeniu 0,05 mM miały niewielki wpływ na aktywność obu enzymów, natomiast wyższe stężenia (0,5 mM i 1 mM) znacząco hamowały ich aktywność. W celu zbadania swoistości substratowej wykorzystano siedemnaście różnych acylo-CoA w połączeniu z sn-1-[14C]18:1-LPA. PtATS2a wykazywał największą preferencję wobec 18:4-CoA n-3, podczas gdy PtATS2b – wobec 18:1-CoA. Wzorce wykorzystania pozostałych badanych acylo-CoA również różniły się między tymi dwoma enzymami.

Kandydatka zasugerowała, że wprowadzenie genów kodujących PtATS2a lub PtATS2b do roślin nie tylko zmodyfikuje specyficzność substratową ich LPAATów, ale może również zwiększyć aktywność LPAAT u tych roślin w temperaturach poniżej 20 °C. Może to być szczególnie ważne w przypadku gatunków roślin uprawianych w klimacie zimnym i umiarkowanym.

Przedstawione badania po raz pierwszy scharakteryzowały enzymy typu LPAAT pochodzące z okrzemek – organizmów naturalnie wytwarzających wielonienasycone kwasy tłuszczowe o bardzo długim łańcuchu (VLC-PUFA). Analizy Kandydatki oraz dane literaturowe pozwoliły na wnioskowanie, że LPAATy z różnych organizmów reagują w podobny sposób z jonami wapnia i magnezu; jony wapnia zawsze hamują ich aktywność (przynajmniej w badanych stężeniach), a jony magnezu mogą mieć działanie stymulujące, neutralne lub hamujące, w zależności od stężeń użytych w teście.

Aby zbadać czy badane enzymy z okrzemek mogłyby znaleźć potencjalne zastosowanie w ulepszaniu składu kwasów tłuszczowych w roślinach uprawnych, dr Katarzyna Jasieniecka-Gazarkiewicz przeprowadziła testy specyficzności substratowej PtATS2a i PtATS2b dla różnych acylo-CoA. Wyniki tych testów prezentowane w PUBLIKACJI 4 pokazały, że oba enzymy z okrzemka akceptowały kwasy tłuszczowe ze szlaku biosyntezy EPA jednak enzymy te wykazywały różne preferencje wobec różnych donorów kwasów tłuszczowych.

PUBLIKACJA 5 Acyl-CoA: lysophosphatidylcholine acyltransferase from diatom *P. Tricornutum* efficiently remodels phosphatidylcholine containing polyunsaturated fatty acids. Jasieniecka-Gazarkiewicz K.*, Połowska A., Gong Y., Banaś A. Scientific Reports, 2024;14
*autor korespondencyjny

Kandydatka w pracy tej przedstawia charakterystykę aktywności enzymu PtLPCAT1 (acylotransferaza acylo-CoA:lizofosfatydylocholina) z okrzemki w procesie przebudowy fosfolipidów. Jako źródło badanego enzymu wykorzystano frakcje mikrosomalne drożdżowego mutantu $\Delta ale1$, wykazującego nadekspresję PtLPCAT1. W testach oceniających przebudowę różnych fosfolipidów przez PtLPCAT1 Kandydatka użyła niezmodyfikowanych frakcji mikrosomalnych badanych drożdży. Enzym najintensywniej modyfikował skład kwasów tłuszczowych mikrosomalnej fosfatydylocholiny (PC), jednakże był również zdolny do przebudowy fosfatydyloetanolaminy (PE) i kwasu fosfatydowego (PA). W celu zbadania zdolności enzymu do przebudowy cząsteczek PC zawierających kwasy tłuszczowe ze szlaku biosyntezy VLC-PUFA, badane mikrosomy wzbogacono biochemicznie o następujące

związki: sn-1-18:1-sn-2-18:3(n-3)-PC, sn-1-18:1-sn-2-18:3(n-6)-PC, sn-1-18:1-sn-2-18:4(n-3)-PC, sn-1-18:1-sn-2-20:4(n-3)-PC oraz sn-1-18:1-sn-2-20:5(n-3)-PC. Wykazano, że PtLPCAT1 przebudowywał PC w tak zmodyfikowanych mikrosomach z większą intensywnością niż PC w mikrosomach niezmodyfikowanych. Na wydajność procesu przebudowy katalizowanej przez PtLPCAT1 wpływały również donory kwasów tłuszczowych; proces przebiegał najefektywniej w obecności acylo-CoA zawierających nienasycone kwasy tłuszczowe. W badaniach porównawczych Kandydatka przeanalizowała właściwości enzymów AtLPCAT1 z **Arabidopsis** oraz ALE1 z drożdży. Zbadała również wpływ temperatury i wartości pH na aktywność PtLPCAT1 w procesie przebudowy.

W ramach badań opisanych w PUBLIKACJI 5 Kandydatka wykazała, że na intensywność remodelowania PC wpływał rodzaj donora kwasów tłuszczowych. Dokonała biochemicznej modyfikacji badanych frakcji mikrosomalnych, wzbogacając je o „nowe” cząsteczki PC, syntetyzowane de novo przez endogenne PtLPCAT1 w reakcjach typu forward z dostarczonych egzogennych substratów. Modyfikacje te dokonywane były bezpośrednio przed testami sprawdzającymi intensywność remodelowania PC tak zmienionych frakcji mikrosomalnych. Tego typu nowatorskie podejście pozwoliło Kandydatce badać remodelowanie PC zawierające kwasy tłuszczowe ze szlaku biosyntezy EPA.

Z punktu widzenia wiedzy ogólnej, badania Kandydatki w ramach drugiego osiągnięcia dostarczają nowych dowodów na sposób działania enzymów PtLPCAT. Poznanie specyficzności substratowej enzymów PtLPLAT pozwoliło wytypować PtATS2a jako ten o właściwościach szczególnie pożądanym dla późniejszego zastosowania w biotechnologicznej ameliacji roślin uprawnych. Z kolei badanie właściwości biochemicznych enzymów i ich aktywności w różnym pH czy w różnych temperaturach jest kluczowe dla potencjalnych zastosowań praktycznych.

Pozostała naukowa aktywność Kandydatki

Prace doświadczalne z pierwszym autorstwem, włączone przez Kandydatkę do dwóch cykli artykułów powiązanych tematycznie na potrzeby postępowania habilitacyjnego, stanowią jedynie części jej aktywności naukowej po uzyskaniu stopnia doktora. W tym okresie Kandydatka była również współautorem 14 innych publikacji z prac doświadczalnych, nieuwzględnionych w Osiągnięciu I i Osiągnięciu II. Dwie spośród 14 prac: Jasieniecka-Gazarkiewicz i wsp., 2017 oraz Jasieniecka-Gazarkiewicz i wsp., 2016, publikowane po obronie doktoratu, zawierają wyniki z rozprawy doktorskiej i nie zostały włączone do postępowania habilitacyjnego.

Dodatkowo poza charakterystyką LPLATów z okrzemki, drożdży i rzodkiewnika, badania Kandydatki dotyczyły również charakterystyki tych enzymów w innych gatunkach roślin użytkowych będących jednocześnie roślinami modelowymi jak *Camelina sativa* czy *Nicotiana benthamiana*. Poza badaniami acylotransferaz syntetyzujących głównie lipidy membranowe, Kandydatka brała również udział w poznaniu funkcji acylotransferaz odpowiedzialnych za syntezę lipidów zapasowych. Prace dotyczące enzymu DGAT, acylującego DAG do formy TAG (cząsteczka acylu pochodzi z acylo-CoA) skupiały się na charakterystyce biochemicznej izoform DGAT podczas rozwoju nasion we frakcjach mikrosomalnych dwóch odmian rzepaku ozimego: jadalnego MONOLIT o niskiej zawartości kwasu erukowego (22:1) i niejadalnego MAPLUS o wysokiej zawartości kwasu erukowego. Ponadto Kandydatka uczestniczyła w badaniach specyficzności acylo-CoA wszystkich izoform DGAT z rzepaku ozimego we frakcjach mikrosomalnych komórek drożdży heterologicznie ekspresjonujących te enzymy.

W ostatnich latach w ramach współpracy z UMK Kandydatka prowadzi również analizy lipidów w łubinie żółtym (*Lupinus luteus* L.), poddanym działaniu różnych czynników stresowych. W ramach tych badań wnioskowano, że zwiększona ekspresja genu *desturazy* Δ 12 i zwiększona aktywność fosfolipazy D (PLD) prowadzi do wyższego poziomu kwasu linolowego (18:2), który jest następnie utleniany przez lipooksygenazy (LOX), co powoduje uszkodzenia błon komórkowych korzeni łubinu w warunkach suszy. Obecnie w ramach współpracy z dr hab. Emilią Wilmowicz, prof. UMK Kandydatka prowadzi badania dotyczące odpowiedzi roślin łubinu żółtego na infekcje patogenami.

Opisane w ramach Osiągnięcia I i Osiągnięcia II badania oraz inne badania Kandydatki wymagały ścisłej współpracy z specjalistami z zakresu biologii komórki (Department of Molecular and Cellular Biology University of Guelph, Kanada) i autofagii (Department of Molecular Sciences of Swedish University of Agricultural Sciences, Szwecja) z zagranicy. Duże znaczenie dla realizacji celów Osiągnięcia I miała współpraca z prof. Peterem Bozkovem ze Szwedzkiego Uniwersytetu Nauk Rolniczych (SLU), z Linnean Center for Plant Biology; Department of Molecular Sciences (Uppsala, Szwecja), gdzie Kandydatka odbyła kilkudniową wizytę studyjną w roku (2016) w celu poznania metod związanych z pomiarem efektywności autofagii w roślinach. W wyniku tej współpracy Kandydatka wprowadziła i zaadoptowała metody dotyczące pomiaru markerów autofagii w *Arabidopsis thaliana* w Zakładzie Biochemii Roślin MWB UG i GUMed.

Kluczowe dla prac zawartych w Osiągnięciu I była współpraca z naukowcami z Kanady i Szwecji. W tym ostatnim ośrodku - Swedish University of Agricultural Sciences

(SLU); Department of Plant Breeding and Biotechnology (Alnarp Szwecja), Kandydatka odbyła ponad roczny staż w latach 2011-2012 dzięki któremu to poznała metody związane z genetyką i biologią komórkową roślin i drożdży. Odbyty w SLU staż przyczynił się również do opanowania i wprowadzenia do laboratorium, w którym pracuje, techniki transformacji roślin. Kandydatka również współpracowała z profesorem Stenem Stymne, który był wówczas jej mentorem z zakresu biochemii lipidów roślinnych i nauczył jej technik syntez podstawowych substratów wykorzystywanych w reakcjach katalizowanych przez LPLATy w tym syntezę lizolipidów o konkretnym składzie kwasów tłuszczowych oraz syntezę znakowanych i nieznakowanych ^{14}C acylo-CoA. W ramach współpracy z SLU, Kandydatka uczestniczyła w kilkudniowych warsztatach dotyczących biochemii i biotechnologii roślin, organizowanych przez zespół profesora Stena Stymne (Alnarp, Szwecja; marzec, 2016) w ramach których wygłosiła wykład dotyczący jej badań nad AtLPEAT. W wyniku współpracy z SLU (Szwecja) Kandydatka opublikowała wiele wspólnych prac (podanych w autoreferacie).

Osiągnięcia dydaktyczne, organizacyjne oraz popularyzujące naukę.

Pierwsze doświadczenie Kandydatki z dydaktyką dotyczyło jeszcze zajęć ze studentami w ramach Studium Doktoranckiego (lata 2009-2015). W tym czasie prowadziła zajęcia z „Roślinnych kultur in vitro” oraz z „Biochemiczno-biofizycznych podstaw rozwoju roślin”. Jeszcze jako asystent (zatrudniona w niepełnym wymiarze godzin) brała aktywny udział w opracowaniu treści oraz przygotowaniu nowego kursu: „Biochemiczno-biofizycznych podstaw rozwoju roślin”. Efektem tej pracy było również współautorstwo Kandydatki w napisaniu skryptu do tego przedmiotu. Po obronie pracy doktorskiej w 2015 roku kontynuowała swoją pracę dydaktyczną na stanowisku asystenta w Międzyuczelnianym Wydziale Biotechnologii Uniwersytetu Gdańskiego i Gdańskiego Uniwersytetu Medycznego (MWB UG i GUMed). Od czasu zatrudnienia na stanowisku adiunkta (2018) w Zakładzie Biochemii Roślin była koordynatorem obowiązkowego przedmiotu: „Biochemiczno i biofizyczne podstawy rozwoju roślin”, który był skierowany do studentów trzeciego roku studiów licencjackich na MWB UG i GUMed. Kandydatka podaje, że od 2021 roku przedmiot ten został zmodyfikowany i jest prowadzony pod nazwą „Organizacja budowy, wzrost i fizjologia roślin” w bloku przedmiotów „Organizmy wielokomórkowe” na drugim roku studiów licencjackich. W ramach tego przedmiotu prowadzi zarówno część wykładów, jak również grupy ćwiczeniowe. Jako koordynator przedmiotu, jest odpowiedzialna za przygotowanie materiałów dydaktycznych oraz ciągle doskonalenie treści przedstawianych

studentom. Ponadto prowadzi laboratoria z „Biomolekuł - budowa, synteza i właściwości” dla I roku studiów pierwszego stopnia na kierunku Biotechnologia (MWB UG i GUMed). W latach 2017/2018 prowadziła również seminaria z „Roślin transgeniczných” (I rok, biotechnologia drugiego stopnia). Jako nauczyciel akademicki pełni również funkcję członka komisji na egzaminach magisterskich i licencjackich na MWB. Prowadziła i prowadzi również pracownię licencjacką i magisterską. Pełni rolę promotora pomocniczego w trzech przewodach doktorskich i opiekuje się również studentami z Erasmusa. Pełniła rolę opiekuna stażu dwóch studentów z UMK realizujących diamentowy grant. Kandydatka jest współautorem skryptu dwujęzycznego: Banaś A., Jasieniecka-Gazarkiewicz K., Demski K. Przewodnik do ćwiczeń z biochemiczno-biofizycznych podstaw rozwoju roślin. Laboratory workshop guide for biochemical and biophysical basis of plant development. (Wydawnictwo Uniwersytetu Gdańskiego, Gdańsk 2017, ISBN 978-83-7865-558-9). Kandydatka ma również znaczące osiągnięcia organizacyjne i popularyzujące naukę.

Udział w projektach i grantach badawczych:

Dr Katarzyna Joanna Jasieniecka-Gazarkiewicz uzyskała następujące granty w ramach konkursu na Uniwersytecie Gdańskim:

- i) 2011 r., „Fizjologiczne efekty wyłączenia genów kodujących białka o aktywności acylotransferaz acylo-CoA: lizofosfatydyloetanolamina (LPEAT) u *A. thaliana*” (538-M033-0738-1); kierownik i wykonawca projektu
- ii) 2014 r., „Rola acylotransferaz lizofosfolipid:acylo-CoA (LPLAT) w remodelowaniu fosfolipidów i modyfikowaniu puli wolnego acylo-CoA” (538-M033-B422-14); kierownik i wykonawca projektu
- iii) 2016 r., „Wpływ stresu abiotycznego na rozwój mutantów *A. thaliana* z wyłączonymi genami kodującymi acylotransferazy acylo CoA:lizofosfatydyloetanolamina oraz mutantów z nadekspresją tych genów” (538 M033-B178-16); kierownik i wykonawca projektu
- iv) 2018 r., „Mechanizm remodelowania fosfolipidów przez drożdżową i roślinną acylotransferazę acylo-CoA:lizofosfatydylocholina” kierownik i wykonawca projektu (538-M033-B032-18);

Udział Kandydatki w projektach krajowych finansowanych przez Narodowe Centrum Nauki:

- i) 2018 - 2022 r., „Rola acylotransferaz acylo-CoA:lizofosfatydyloetanolamina (LPEAT) w regulacji wzrostu roślin.” (OPUS 13) - wykonawca
- ii) 2024 - 2025 r., „Wpływu stresu abiotycznego na wzrost i rozwój mutantów *A. thaliana* z

wyłączonym genem kodującym enzym PSAT”. (MINIATURA 8) - kierownik i wykonawca
W ramach projektu Kandydatka była odpowiedzialna za opracowanie i przeprowadzanie eksperymentów, analizę oraz interpretację uzyskanych wyników oraz sporządzenie raportu dla NCN.

Udział w projektach międzynarodowych:

- 2008 - 2013 r., Grant Agreement 211400/ICON „Industrial Crops producing added value oils for Novel chemicals" (ICON) realizowany w ramach 7. Programu Ramowego Unii Europejskiej, Projekt realizowany we współpracy z ośrodkami naukowymi z Europy oraz Kanady – Kandydatka była wykonawcą w tym projekcie; Badania koncentrowały się na modyfikacjach dwóch gatunków roślin oleistych: kataranu abisyńskiego i gorczycy etiopskiej w celu wprowadzenia zmian w szlaku biosyntezy triacylogliceroli, tak aby uzyskać produkcję wosków.
- 2019 - 2024 r., „Specyficzność substratowa LPCATów z fotosyntetyzujących glonów jednokomórkowych akumulujących oleje, w reakcjach do przodu i do tyłu oraz charakterystyka ich funkcji w edycji grup acylowych. (SHENG1)” - wykonawca

Dr Katarzyna Joanna Jasieniecka-Gazarkiewicz jest również autorką/współautorką ponad 50 wystąpień (głównie postery i prezentacje ustne) na konferencjach międzynarodowych oraz krajowych. Uzyskała również liczne nagrody i stypendia.

Wnioski

Podsumowując osiągnięcia naukowe przedstawione w dziele i innych pracach z udziałem habilitanta nie omawianych w tym dziele oraz osiągnięcia dydaktyczne, projektowe i popularyzujące naukę oceniam, że dr Katarzyna Joanna Jasieniecka-Gazarkiewicz spełnia wszelkie ustawowe wymagania, aby uzyskać stopień doktora habilitowanego.

Z poważaniem

Prof. Stanisław M. Karpiński



Signed by /
Podpisano przez:

Stanisław Mariusz
Karpiński

Date / Data: 2026-
08-27 10:06

Podpis elektroniczny/certyfikat został usunięty podczas anonimizacji dokumentu.