

## Dr Michał Książkiewicz

adiunkt

email: [mksi@igr.poznan.pl](mailto:mksi@igr.poznan.pl)

tel. (+48 61) 6550 245

### Specjalizacja naukowa

Genetyka molekularna i genomika strukturalna roślin

### Osiągnięcia poznawcze

- Wyselekcjonowanie z biblioteki BAC genomu jądrowego *L. angustifolius* klonów z regionu zawierającego markery genetyczne sprzężone z cechami odporności na antraknozę, brunatną plamistość łodyg i rdzę łąbinu oraz klonów niosących geny uczestniczące w rozwoju symbiozy diazotroficznej,
- Opracowanie i umieszczenie na mapie genetycznej *L. angustifolius*: jedenastu markerów SSR uzyskanych w oparciu o sekwencje intronów z genów *Medicago truncatula*, trzydziestu markerów STS zaprojektowanych na podstawie sekwencji końców insertów klonów BAC i czterech markerów wywodzących się z locus odporności *M. truncatula* na antraknozę,
- Rekonstrukcja struktury i organizacji regionów genomu łąbinu wąskolistnego zawierających sekwencje markerów genetycznych sprzężonych z cechami odporności na niektóre choroby wywoływane przez grzyby patogeniczne,
- Opracowanie markera molekularnego STS do selekcji krajowych materiałów hodowlanych w kierunku cechy odporności na antraknozę i wstępne potwierdzenie przydatności tego markera w puli wybranych rodów, linii i odmian *L. angustifolius* uzyskanych z polskich ośrodków hodowli roślin

### Współpraca krajowa

- Prof. dr hab. Cezary Mądrzak, dr Dorota Narożna, Katedra Biochemii i Biotechnologii, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Wydział Rolniczy. Zastosowanie biblioteki BAC genomu *L. angustifolius* do poznania sekwencji genów kodujących enzymy szlaku fenylpropanoidów i ich mapowania genetycznego na mapie *L. angustifolius*.
- Dr Jan Podkowiński, Instytut Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu. Identyfikacja i charakterystyka genów uczestniczących w procesie symbiotycznego wiązania azotu oraz genów zaangażowanych w syntezę kwasów tłuszczowych, kodujących karboksylazę acetylo-koenzymu A (ACC).
- Prof. dr hab. Wojciech Karłowicz, Instytut Biologii Molekularnej, Wydział Biologii, Uniwersytet im. A. Mickiewicza w Poznaniu. Adnotacja funkcjonalna sekwencji końców klonów BAC z biblioteki genomu *L. angustifolius* w celu identyfikacji genów kandydujących dla odporności na antraknozę.

### Współpraca międzynarodowa

- Dr Hu'an Yang Department of Agriculture and Food Western Australia, Perth, Australia. Wymiana materiałów roślinnych (nasiona odmian, linii rodzicielskich i populacji mapującej łąbinu wąskolistnego) oraz mapowanie genetyczne genomu łąbinu wąskolistnego.
- Dr Matthew Nelson, University of Western Australia Perth, Australia. Konstrukcja mapy genetycznej *L. angustifolius* przy użyciu sekwencyjnie zdefiniowanych markerów molekularnych oraz analiza syntenii genomów *L. angustifolius* i *M. truncatula*.
- Dr Kader Ainouche UMR CNRS ECOBIO 6553, EGS, University of Rennes-1, Francja. Analizy porównawcze regionów homologicznych zawierających gen SymRK związany z procesem symbiozy.

### Staże naukowe

- Biological Research Institute (BRC), Szeged, Węgry. „Practical application of Ce/I enzyme for genotyping plant individuals”, 1 tydzień (2004).
- Department of Agriculture and Food Western Australia, Australia, Perth. „Molecular marker development and implementation in lupin breeding”, 2 tygodnie (2008).

### Udział w projektach krajowych

- Projekt badawczy MNiSW nr N301 084 32/3234 „Analiza struktury regionu genomu *Lupinus angustifolius* zawierającego gen odporności na antraknozę”. IGR PAN 2007-2010, wykonawca.
- Projekt badawczy zamawiany nr PBZ-MNiSW-2/3/2006. Zadanie nr PBZ-MNiSW-2/3/2006/3 „Identyfikacja markerów molekularnych sprzężonych z genem odporności na grzyb patogeniczny *Diaporthe toxica* wywołujący brunatną plamistość łodyg u łąbinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.)”. IGR PAN 2007-2010, wykonawca.

- Projekt badawczy promotorski MNiSW nr N N301 165635 „Struktura i organizacja regionu genomu warunkującego odporność na antraknozę u łąbinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.)” IGR PAN 2008-2010, wykonawca.
- Projekt badawczy MNiSW Nr N N301 391939 „Genom jądrowy *Lupinus angustifolius* L.: struktura wybranych genów, ich lokalizacja genetyczna i fizyczna oraz analiza porównawcza wybranych regionów genomu z innymi gatunkami roślin strączkowych”. IGR PAN 2010-2013, wykonawca.
- Zadanie nr 86 Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi pt.: „Markery molekularne sprzężone z cechami użytkowymi w charakterystyce genotypów łąbinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.)”. IGR PAN 2010, wykonawca.
- Zadanie Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi pt.: „Cecha wczesności kwitnienia u łąbinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius*) – podstawy genetyczne i molekularne”. IGR PAN 2011, wykonawca.

## Ważniejsze publikacje i doniesienia konferencyjne

- Lesniewska K., Książkiewicz M., Nelson M.N., Mahé F., Ainouche A., Wolko B., Naganowska B., 2010. Assignment of 3 Genetic Linkage Groups to 3 Chromosomes of Narrow-Leafed Lupin. *Journal of Heredity* 102(2): 228-236.
- Książkiewicz M., Wolko B., 2010. Structure of *L. angustifolius* genome regions involved in resistance to pathogenic fungi. Abstracts 5<sup>th</sup> International Congress on Legume Genetics and Genomics, July 2-8, Pacific Grove, USA, str. 156.
- Książkiewicz M., Leśniewska K., Mahé F., Naganowska B., Misset M.-T., Ainouche A., Wolko B., 2009. Nodulation *SymRK*-gene region in the narrow leafed lupin genome: localization, structure and annotation. Abstracts 4<sup>th</sup> Conference of Polish Society of Experimental Plant Biology "Experimental Plant Biology. Why not?!", September 21-25, Cracow, Poland. *Acta Biologica Cracoviensia* Vol. 51 suppl. 2, str. 79.
- Mahé F., Leśniewska K., Książkiewicz M., Naganowska B., Misset M.-T., Wolko B., Ainouche A., 2009. Legume Genomics: Comparative analysis of the *SymRK* region among representatives of different papilionoid lineages. Abstracts International Meeting "Evolutionary biology: Phylogenetics, Speciation, Co-Evolution, Development, Genomes, Life Histories, Plasticity... What is new?" June 8 -12, University of Rennes-1, Rennes, Brittany, str. 46.
- Książkiewicz M., Karłowski W., Yang H., Wolko B., 2008. Physical and genetic analysis of genome region conferring the resistance to fungal pathogens in narrow-leafed lupin. W: Palta J.A., Berger J.B. (red.) *Lupins for Health and Wealth*. Proc. 12<sup>th</sup> Int. Lupin Conf., 14-18 Sept., Fremantle, Western Australia. ISBN 0-86476-153-8. International Lupin Association, Canterbury, New Zealand, str. 263-266.
- Książkiewicz M., Wolko B., Kasprzak A., 2007. Sekwencjonowanie regionu genomu łąbinu wąskolistnego warunkującego odporność na antraknozę. Streszczenia II Polski Kongres Genetyki. 18-20 września, Warszawa, str. 88.
- Wolko B., Książkiewicz M., Kasprzak A., 2007. Physical mapping of the *Lupinus angustifolius* genome region containing resistance genes to fungi pathogens. Abstracts 6<sup>th</sup> European Conference on Grain Legumes "Integrating legumes biology for sustainable agriculture". 12-16 November, Lisbon (Portugal), str.158.
- Książkiewicz M., Wolko B., 2006. Analiza struktury i organizacji regionu genomu warunkującego odporność na patogeny grzybowe u łąbinu wąskolistnego. Program i streszczenia prezentacji. Warsztaty Naukowe Polskiego Towarzystwa Łubinowego „Strategie wykorzystania roślin strączkowych”. 25-27 września, Zakopane, str. 24.
- Wolko B., Kasprzak A., Książkiewicz M., 2006. Searching for Clones Containing Disease Resistance Genes in the *Lupinus angustifolius* Nuclear Genome BAC Library. 3<sup>rd</sup> International Conference on Legume Genomics & Genetics. 9-13 kwietnia, Brisbane, Australia, str. 97.
- Nelson M.N., Phan H.T.T., Ellwood S.R., Moolhuijzen P.M., Hane J., Williams A., O’Lone C.E., Fosu-Nyarko J., Scobie M., Cakir M., Jones M.G.K., Bellgard M., Książkiewicz M., Wolko B., Barker S.J., Oliver R.P., Cowling W.A., 2006. The first gene-based map of *Lupinus angustifolius* L. - location of domestication genes and conserved synteny with *Medicago truncatula*. *Theoretical and Applied Genetics* 113(2):225-238.
- Wolko B., Boersma J., Yang H., Książkiewicz M., Susek K., Chudy M., Gawłowska M., Świącicki W.K., 2005. Molecular markers for lupin genome mapping developed on the basis of *Medicago truncatula* and *Pisum sativum* sequence databases. W: van Santen E. and Hill G.D. (red.) *Mexico, Where Old and New World Lupins Meet*. Proc. 11<sup>th</sup> Int. Lupin Conf., May 4-9, Guadalajara, Mexico. ISBN 0-86476-165-1. International Lupin Association, Canterbury, New Zealand, str. 52-56.