

## Prof. dr hab. Bogdan Wolko

Kierownik tematu statutowego IGR PAN: Struktura i organizacja genomów roślinnych

Zastępca dyrektora ds. ogólnych

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

tel. (+48 61) 6550 225

fax. (+48 61) 6550 301



## Specjalizacja naukowa

Genetyka, genomika i hodowla roślin, ze szczególnym uwzględnieniem gatunków roślin strączkowych.

## Zakres badań

- Konstrukcja map sprzężeń markerów molekularnych i morfologicznych dla gatunków *Lupinus angustifolius* i *L. albus*.
- Konstrukcja mapy genetycznej *Pisum sativum* i lokalizacja na niej loci cech ilościowych (QTL) dla elementów struktury plonu i zawartości białka w nasionach.
- Utworzenie biblioteki BAC genomu jądrowego *L. angustifolius*.
- Identyfikacja genów odpowiedzialnych za odporność na choroby wywoływane patogenami grzybowymi u *L. angustifolius*.
- Identyfikacja markerów specyficznych dla chromosomów w celu integracji mapy genetycznej i fizycznej genomu *L. angustifolius*.
- Określenie wielkości genomów wszystkich gatunków łubinów Starego Świata oraz wybranych gatunków łubinów Nowego Świata i wykorzystanie wyników tych badań do dyskusji nad filogenezą i taksonomią rodzaju *Lupinus*.

## Współpraca krajowa

- Bank Genów rodzaju *Pisum* i *Lupinus*, Poznańska Hodowla Roślin, Stacja Hodowli Roślin Wiatrowo. Charakterystyka molekularna genotypów kolekcji Banku Genów rodzaju *Pisum* i *Lupinus*. Markery molekularne sprzężone z cechami użytkowymi do masowej selekcji.
- Prof. dr hab. Cezary Mądrzak, Katedra Biochemii i Biotechnologii, Wydział Rolny AR w Poznaniu. Wykorzystanie biblioteki BAC genomu *L. angustifolius* do określenia sekwencji genów kodujących enzymy szlaku fenylopropanoidów i ich mapowania genetycznego na mapie *L. angustifolius*.
- Dr hab. Wojciech Karłowski, Instytut Biologii Molekularnej, Wydział Biologii, Uniwersytet im. A. Mickiewicza w Poznaniu. Funkcjonalna adnotacja 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. Współpraca w ramach umowy International Genetic Material Transfer Agreement pomiędzy State of Western Australia i IGR PAN obejmująca wymianę materiałów roślinnych (nasiona odmian, linii rodzicielskich i populacji mapującej łubinu wąskolistnego) oraz mapowanie genetyczne genomu łubinu.
- Dr Matthew Nelson, University of Western Australia Perth, Australia. Współpraca dotyczy konstrukcji mapy genetycznej *L. angustifolius* przy użyciu sekwencyjnie zdefiniowanych markerów molekularnych oraz syntenii genomów *L. angustifolius* i *Medicago truncatula*.

- Dr Kader Ainouche UMR CNRS ECOBIO 6553, EGS, University of Rennes-1, Francja. Analizy porównawcze regionów homologicznych zawierających gen SymRK związane z procesem symbiozy.

## Staż naukowe

- Cornell University, New York State Agricultural Experiment Station, Geneva NY, USA - 1987/1988 (13 miesięcy); 1988/1989 (12 miesięcy), 1992 (3 miesięcy). Studia nad zmiennością markerów molekularnych rodzajów *Pisum* i *Lupinus*, mapowanie genów, konstrukcja map sprzężeń.
- PHARE bis, Institut Supérieur Industriel de l'Etat, Huy, Belgia - 1991/1992 (2 miesiące). Staż naukowy w zakresie kultur *in vitro*.

## Udział w projektach krajowych

- Projekt Badawczy Komitetu Badań Naukowych nr 5 S301 014 05 "Konstrukcja map sprzężeń markerów molekularnych w rodzaju *Lupinus*" (1993 - 1996); wykonawca.
- Projekt Badawczy Komitetu Badań Naukowych nr 5 P06A 023 18. "Lokalizacja na mapie chromosomów i genetyczna charakterystyka loci odpowiedzialnych za dziedziczenie cech ilościowych (QTL) związanych ze strukturą plonu u grochu (*Pisum sativum* L.)" (2000 - 2002); kierownik projektu.
- Projekt badawczy KBN nr 3 P06A 009 24: "Struktura genomu jądrowego *Lupinus* w świetle badań molekularnych i cytogenetycznych" (2003 - 2006); wykonawca.
- Projekt badawczy KBN Nr 3 P06 043 24: "Charakterystyka genów kontrolujących cechy białka i struktury plonu u grochu z uwzględnieniem interakcji nieallelicznej" (2003 - 2006); wykonawca.
- Projekt Badawczy KBN nr 2 P06B 001 27 " Ekspresja antygenów HBV w roślinach transgenicznych dla potrzeb rekombinowanej szczepionki nowej generacji przeciwko wirusowemu zapaleniu wątroby typu B" (2004 - 2007); wykonawca.
- Projekt Badawczy MNiI nr 6 P06A 028 28 "Określenie przydatności kultur pylnikowych do otrzymywania podwojonych haploidów marchwi" (2005 - 2008); konsultant.
- Projekt Badawczy MNiI nr 2 P06L 009 28 "Genetyczne zróżnicowanie jodły pospolitej (*Abies alba* Mill.) na podstawie analizy potomstwa czterech populacji rosnących w uprawie testowej z wykorzystaniem markerów morfologiczno-anatomicznych, izoenzymatycznych, cytogenetycznych i molekularnych" (2005 - 2008); konsultant.
- Wielkopolskie Centrum Zaawansowanych Technologii w Poznaniu Reprezentant IGR PAN w Komitecie Koordynacyjnym WCZT (od 2006 r.)
- Projekt badawczy MNiSW nr N301 084 32/3234 „Analiza struktury regionu genomu *Lupinus angustifolius* zawierającego gen odporności na antraknozę” (2007 – 2010); kierownik.
- Zadanie w projekcie badawczym zamawiany MNiSW 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.)" (2007 - 2010); kierownik.
- Projekt badawczy promotorski MNiSW nr N N301 165635 "Struktura i organizacja regionu genomu warunkującego odporność na antraknozę u łąbinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.)" (2008-2009); kierownik.
- Projekt finansowany przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi „Markery molekularne sprzężone z cechami użytkowymi w charakterystyce genotypów łąbinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.) (2008); kierownik.
- Projekt badawczy promotorski MNiSW nr N N301 391939 „Struktura i organizacja wybranych genów oraz ich lokalizacja genetyczna i fizyczna w genomie jądrowym *Lupinus angustifolius* L." (2010-2013), wykonawca.

- Projekt finansowany przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi „Cecha wczesności kwitnienia u łubinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius*) – podstawy genetyczne i molekularne” (2011-2013), kierownik.

## Udział w projektach międzynarodowych

- Projekt II Funduszu Marii Curie-Skłodowskiej nr MR/USDA/95-218 "Generation of a genetic basis for lupin breeding" (1995 - 1998); wykonawca.
- FP5 QLK5-CT-2002-30379 Centre of Excellence in Plant Agrobiolgy and Molecular Genetics PAGEN. (2003 - 2006); koordynator
- IP FP6-2002-FOOD-1-506223 "New strategies to improve grain legumes for food and feed" GRAIN LEGUMES (2004 -2008); wykonawca

## Ważniejsze publikacje

Wolko B., Clements J.C., Naganowska B., Nelson M.N., Yang H. 2011. *Lupinus*. In: Kole C (ed) Wild Crop Relatives: Genomic and Breeding Resources. Chapter 9. Springer-Verlag. 2011 pp. 153-206.

Leśniewska 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.

Pniewski T., Kapusta J., Bociąg P., Wojciechowicz J, Kostrzak A., Gdula M., Fedorowicz-Strońska O., Wójcik P., Otta H., Samardakiewicz S., Wolko B., Płucienniczak A. (2010). Low-dose oral immunization with lyophilized tissue of herbicide-resistant lettuce expressing hepatitis B surface antigen for prototype plant-derived vaccine tablet formulation. *J App Genet*, DOI 10.1007/s13353-010-0001-5.

Nelson M.N., Paula M., Moolhuijzen M., Boersma J.G. Chudy M., Leśniewska K., Bellgard M., Oliver R.P., Święcicki W., Wolko B., Cowling W.A., Ellwood S.R. (2010). Aligning a new reference genetic map of *Lupinus angustifolius* L. with the genome sequence of the model legume, *Lotus japonicus*. *DNA Research* 17: 73–83

Kaczmarek A, Naganowska B, Wolko B. (2009). Karyotyping of the narrow-leafed lupin (*Lupinus angustifolius* L.) by using FISH, PRINS and computer measurements of chromosomes. *J. Appl. Genet.* 50 (2): 77-82.

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. In: *Lupins for Health and Wealth* (Editors: Jairo A. Palta and Jens D. Berger), CSIRO Plant Industry, Wembley, Western Australia, ISBN 0-86476-153-8 pp. 263-266.

Nelson M., Boersma J., Chudy M., Leśniewska K., Ellwood S., Phan H., Moolhuijzen P., Bellgard M., Oliver R., Święcicki W., Wolko B., Cowling W. (2008). A dense reference map of the *Lupinus angustifolius* L. genome: a foundation for building lupin genome research. In: *Lupins for Health and Wealth* (Editors: Jairo A. Palta and Jens D. Berger), CSIRO Plant Industry Wembley, Western Australia, ISBN 0-86476-153-8; pp. 255-258.

Chudy M., Leśniewska K., Wolko B., Święcicki W. (2008). Narrow-leafed lupin (*Lupinus angustifolius* L.) comparative studies. In: *Lupins for Health and Wealth* (Editors: Jairo A. Palta and Jens D. Berger), CSIRO Plant Industry Wembley, Western Australia, ISBN 0-86476-153-8; pp. 332-335.

Kaczmarek A., Naganowska B., Wolko B. (2007). PRINS and C-PRINS: promising tools for the physical mapping of the lupin genome. *Cell. Mol. Biol. Lett.* 12: 16-24.

Nelson M.N., Phan H.T.T., Ellwood S.R., Moolhuijzen P.M., Bellgard M., Hane J., Williams A., Fosu-Nyarko J., Wolko B., Książkiewicz M., Cakir M., Jones M.G.K., Scobie M., O'Lone C.E., 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*. *Theor. Appl. Genet.* 113(2): 225-238.

Kasprzak A., Šafář J., Janda J., Doležel J., Wolko B., Naganowska B. (2006). The bacterial artificial chromosome (BAC) library of the narrow-leafed lupin (*Lupinus angustifolius* L.). *Cell. Mol. Biol. Lett.* 11: 396 – 407.

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.