

Pracownia Genomiki Strukturalnej

p.o. kierownika: dr hab. Barbara Naganowska, prof. IGR PAN

Skład osobowy:

prof. dr hab. Bogdan Wolko
dr Tomasz Pniewski
dr Michał Książkiewicz
Teresa Szcześniak

Doktoranci:

mgr Marcin Czyż
mgr Anna Dębicka
mgr inż. Łucja Przysiecka
mgr Sandra Rychel
mgr Katarzyna Wyrwa

Zakres aktualnych badań:

- Mapowanie genetyczne genomu *Lupinus angustifolius* (łubinu wąskolistnego) za pomocą sekwencyjnie zdefiniowanych markerów molekularnych zaprojektowanych na podstawie baz danych sekwencji gatunków modelowych *Medicago truncatula* i *Arabidopsis thaliana*,
- Wykorzystanie skonstruowanej biblioteki BAC genomu jądrowego łubinu wąskolistnego (*L. angustifolius*) (Projekt badawczy MNiSW nr 3 P06A 009 24) do badania struktury genów związanych z procesem nodulacji, genów odpowiedzialnych za ekspresję ważnych cech użytkowych (odporność na choroby, wczesność kwitnienia, pękanie strąków) oraz genów kodujących enzymy szlaku syntezy fenylopropanoidów,
- Mapowanie fizyczne regionów genomu *L. angustifolius* związanych z ekspresją genów odporności na grzyby patogeniczne,
- Cytogenetyczna analiza genomu rodzaju *Lupinus* metodą FISH z użyciem klonów biblioteki BAC (BAC-FISH) jako sond molekularnych w celu przypisania wybranych grup sprzężeń mapy genetycznej do poszczególnych chromosomów,
- Lokalizacja krótkich sekwencji w chromosomach roślinnych metodą PRINS,
- Transformacje roślin (tytoń i sałata) w celu produkcji białek o znaczeniu farmaceutycznym i wytworzenie materiałów roślinnych z transgenicznej sałaty i tytoniu zawierających pełen komplet białek antygenów wirusa zapalenia wątroby typu B (S-HBs, M-HBs, L-HBs) dla potrzeb doustnej i iniekcyjnej szczepionki III generacji przeciwko wzwb,
- Prowadzone wspólnie z Instytutem Pasteur'a w Paryżu i INRA w Wersalu badania zmierzające do otrzymania transgenicznych roślin tytoniu wytwarzających antygeny HBV i HIV-1 jako materiałów wyjściowych dla doustnej szczepionki biwalentnej przeciwko wzwb i AIDS.

Najważniejsze osiągnięcia:

- Skonstruowanie mapy genetycznej genomu grochu oraz lokalizacja na mapie i charakterystyka genetyczna loci cech ilościowych (QTL) odpowiedzialnych za ekspresję cech rolniczych związanych ze strukturą plonu i zawartością białka w nasionach grochu.
- Określenie wielkości genomów jądrowych i pokrewieństwa taksonów Starego i Nowego Świata w obrębie rodzaju *Lupinus*.
- Cytogenetyczna lokalizacja 18S-25S i 5S rDNA u 12 gatunków rodzaju *Lupinus* Starego Świata.
- Konstrukcja idiogramu łubinu wąskolistnego na podstawie pomiarów chromosomów oraz lokalizacji specyficznych chromosomowo markerów.
- Konstrukcja biblioteki BAC genomu jądrowego *L. angustifolius* oraz badanie struktury i organizacji regionów genomu zawierających geny odporności na grzyby patogeniczne.
- Opracowanie metody regeneracji *in vitro* i transformacji grochu za pomocą *Agrobacterium tumefaciens*.
- Otrzymanie transgenicznych roślin tytoniu i sałaty wytwarzających białka antygenowe HBV: antygeny powierzchniowe S-HBs, M-HBs i L-HBs oraz antygen rdzeniowy HBcAg. Otrzymane materiały roślinne stanowią komponenty przyszłej doustnej lub iniekcyjnej szczepionki III generacji przeciwko wzwb B.

- Wytworzenie prototypu pochodzącej z roślin szczepionki doustnej przeciwko HBV w formie tabletki, zawierającej S-HBsAg.