

CV

Prof. dr hab. BARBARA NAGANOWSKA

E-mail: bnag@igr.poznan.pl

Telefon: (+48 61) 65 50 231

Zakład Genomiki

Zespół Struktury i Funkcji Genów

Specjalizacja: genetyka, cytogenetyka molekularna roślin, genomika roślin strączkowych

Profil badawczy

- analiza organizacji regionów genomu łubinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius*) zawierających geny związane z ważnymi procesami i cechami użytkowymi,
- filogenetyka molekularna wybranych przedstawicieli z rodzaju *Lupinus*, ocena syntenii w obrębie rodzaju oraz pomiędzy łubinami a innymi gatunkami roślin strączkowych,
- analiza podłoża genetycznego procesu indukcji kwitnienia łubinu wąskolistnego, białego i żółtego,
- cytogenetyczny wgląd w strukturę genomu łubinu wąskolistnego, białego (*L. albus*) i żółtego (*L. luteus*),
- integracja mapy genetycznej i fizycznej *L. angustifolius*,
- generowanie markerów molekularnych sprzężonych z cechami o znaczeniu rolniczym oraz ocena przydatności tych markerów do selekcji pożądanych genotypów w programach hodowlanych.

Projekty badawcze krajowe i międzynarodowe

- **Międzynarodowe**

FP7 (KBBE.2013.1.2-02) Consortium Agreement no: 613551 "LEGumes for the Agriculture of TOmorrow" LEGATO. 29 partnerów z 12 krajów Europy. Wykonawca. 01.01.2014-31.12.2017.

FP5 QLK5-CT-2002-30379 "Centre of Excellence in Plant Agrobiolgy and Molecular Genetics [PAGEN]". Kierownik pakietu WP9. 2003-2006.

- **NCN**

OPUS „Cytomolekularny wgląd w genomy *Lupinus*” nr 2011/03/B/NZ2/01420, Wykonawca. 14.08.2012–13.02.2016.

ETIUDA: „Analiza genetyczno-molekularna wybranych genów uczestniczących w wiązaniu azotu atmosferycznego u łubinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.)” 2013/08/T/NZ2/00796. Opiekun (Kierownik K. Wyrwa). 1.10.2013–30.09.2014.

- **MNiSW**

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”.
Kierownik. 15.09.2010–14.09.2013.

Zad. nr PBZ-MNiSW-2/3/2006/3 „Identyfikacja markerów molekularnych sprzężonych z genem odporności na grzyb patogeniczny *Diaporthe toxica* wywołujący brunatną plamistość łądzy u łubinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.)”.
Wykonawca. 21.08.2007–20.02.2011

N301 084 32/3234 „Analiza struktury regionu genomu *Lupinus angustifolius* zawierającego gen odporności na antraknozę”. Wykonawca. 9.05.2007–8.08.2010.

3 P06A 009 24 „Struktura genomu jądrowego i filogeneza rodzaju *Lupinus* w świetle badań molekularnych i cytogenetycznych”. Kierownik. 31.03.2003-30.03.2006.

- **NCBiR**

PBS 224227 „Sekwencjonowanie nowej generacji i mapowanie asocjacyjne jako metody generowania markerów molekularnych cech użytkowych łubinu wąskolistnego”
SEGEMAS. Wykonawca. 2015-2017.

- **MRiRW**

Postęp Biologiczny Zad. nr 39/2016 „Cecha wczesności kwitnienia u łubinu białego i łubinu żółtego – podstawy genetyczne i molekularne” 1.01.-31.12.2016. Wykonawca.

Postęp Biologiczny Zad. nr 39/2015 „Cecha wczesności kwitnienia u łubinu białego i łubinu żółtego – podstawy genetyczne i molekularne” 1.01.-31.12.2015. Wykonawca.

Postęp Biologiczny Zad. nr 39/2014 „Cecha wczesności kwitnienia u łubinu białego i łubinu żółtego – podstawy genetyczne i molekularne” 1.01.-31.12.2014. Wykonawca.

HOR-hn-801-11/12/13. Zad. nr 79/2013: „Cecha wczesności kwitnienia u łubinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius*) – podstawy genetyczne i molekularne”. 1.01.-31.12.2013. Wykonawca.

Współpraca krajowa

Uniwersytet Śląski w Katowicach, Katedra Anatomii i Cytologii Roślin. Cytomolekularna analiza genomu rodzaju *Lupinus*.

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Biochemii i Biotechnologii. Poznanie sekwencji i organizacji wybranych genów kodujących enzymy szlaku fenylopropanoidów u łubinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.).

Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu, Pracownia Biologii Molekularnej Roślin. Poznanie sekwencji i organizacji genów kodujących enzymy związane z procesem symbiotycznego wiązania azotu i rozwojem brodawki korzeniowej oraz kodujących podjednostki karboksylazy acetylo–koenzymu A u łubinu wąskolistnego.

Uniwersytet im. A. Mickiewicza w Poznaniu, Instytut Biologii Molekularnej, Laboratorium Genomiki Obliczeniowej. Funkcjonalna adnotacja sekwencji końców klonów BAC z biblioteki genomu jądrowego *L. angustifolius* w celu identyfikacji genów kandydujących dla ważnych cech użytkowych.

Partnerzy konsorcjum w projekcie PBS NCBI:

Instytut Fizjologii Roślin PAN

Uniwersytet Rolniczy w Krakowie

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

Poznańska Hodowla Roślin spółka zoo, Oddział Hodowli Roślin Wiatrowo

Hodowla Roślin Smolice sp. zoo - Grupa IHAR, oddział Przebędowo.

Współpraca zagraniczna

- prowadzona w ramach umów

Australia, Department of Agriculture and Food Western Australia, Perth. International Genetic Material Transfer Agreement. Wymiana materiałów roślinnych (populacje mapujące) oraz mapowanie genomu łubinu wąskolistnego i białego.

- prowadzona bez umów

Włochy, Consiglio per la Ricerca e la Sperimentazione in Agricoltura (CRA). Analiza zmienności genetycznej łubinu białego metodą genotypowania przez sekwencjonowanie (GBS). Partner w konsorcjum projektu FP7 EU.

Australia, University of Western Australia Perth. Genetyczne i cytogenetyczne mapowanie genomu oraz badania struktury genu FT, odpowiedzialnego za wczesność kwitnienia u *L. angustifolius*.

Francja, Université de Rennes, UMR CNRS Ecobio. Poznanie genów związanych z procesem nodulacji i symbiozy u łubinów.

Republika Czeska, Institute of Experimental Botany, Olomouc, Laboratory of Molecular Cytogenetics and Cytometry. Konstrukcja biblioteki BAC genomu jądrowego *L. angustifolius*.

Publikacje

Przysiecka Ł., Książkiewicz M., Wolko B., **Naganowska B. (2015)**. Structure, expression profile and phylogenetic inference of chalcone isomerase-like genes from the narrow-leafed lupin (*Lupinus angustifolius* L.) genome. *Frontiers in Plant Science* 6:268.

Książkiewicz M., Zielezinski A., Wyrwa K., Szczepaniak A., Rychel S., Karlowski W., Wolko B., **Naganowska B.** (2015). Remnants of the legume ancestral genome preserved in gene-rich regions: insights from *Lupinus angustifolius* physical, genetic, and comparative mapping. *Plant Mol. Biol. Rep.* 33(1): 84-101.

Książkiewicz M., Wyrwa K., Szczepaniak A., Rychel S., Majcherkiewicz K., Przysiecka Ł., Karlowski W., Wolko B., **Naganowska B.** (2013). Comparative genomics of *Lupinus angustifolius* gene-rich regions: BAC library exploration, genetic mapping and cytogenetics. *BMC Genomics* 14: 79.

Lesniewska K., Książkiewicz M., Nelson M.N., Mahé F., Ainouche A., Wolko B., **Naganowska B.** (2011). Assignment of 3 Genetic Linkage Groups to 3 Chromosomes of Narrow-Leafed Lupin. *J. Hered.* 102 (2): 228-236.

Wolko B., Clements J.C., **Naganowska B.**, Nelson M.N., Yang H. *Lupinus*. In: *Wild Crop Relatives: Genomic and Breeding Resources. Legume Crops and Forages*. Chittaranjan Kole (ed.). Springer-Verlag Berlin Heidelberg 2011, pp. 153-206. DOI 10.1007/978-3-642-14387-8_9.

Strzalka W., Kaczmarek A., **Naganowska B.**, Ziemienowicz A. (2010). Identification and functional analysis of PCNA1 and PCNA-like1 genes of *Phaseolus coccineus*. *J. Exp. Bot.* 61 (3): 873–888.

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: 77-82.

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 (1): 16-24.

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.

Naganowska B., Wolko B., Śliwińska E., Kaczmarek Z., Schifino-Wittmann M. T. (2006). 2C DNA variation and relationships among New World species of the genus *Lupinus* (Fabaceae). *Plant Syst. Evol.* 256: 147-157.

Naganowska B., Zielińska A. (2004). Localisation of rDNA in the *Lupinus* genome during the cell cycle. *J. Appl. Genet.* 45 (2): 189-193.