



Instytut Genetyki Roślin
Polskiej Akademii Nauk



SPRAWOZDANIE

z działalności naukowo-badawczej
w 2021 roku

SPIS TREŚCI

INFORMACJE OGÓLNE O INSTYTUCIE	4
SAMODZIELNI PRACOWNICY NAUKOWI	4
RADA NAUKOWA	5
JEDNOSTKI ORGANIZACYJNE	7
STRUKTURA ZATRUDNIENIA	8
UPRAWNIENIA.....	8
INFORMACJA FINANSOWA	9
INFORMACJE O DZIAŁALNOŚCI INSTYTUTU I DOROBKU NAUKOWYM	11
SPRAWOZDANIE Z REALIZACJI BADAŃ	12
Zakład Regulacji Ekspresji Genów	12
Zakład Fizjologii Roślin.....	15
Zakład Biometrii i Bioinformatyki.....	21
Zakład Fenomiki Zbóż	26
Zakład Biotechnologii Roślin.....	31
Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin	35
Zakład Interakcji Roślina-Patogen	40
Zakład Mikrobiomiki Roślin.....	44
Zakład Genomiki Roślin Strączkowych.....	47
Zakład Struktury i Funkcji Genów	52
Zakład Zintegrowanej Biologii Roślin	56
Zakład Biologii Roślin i Nanotechnologii	59
Zakład Nanotechnologii Roślin.....	63
Laboratorium Multiomiki.....	64
WSPÓŁPRACA KRAJOWA	66
Współpraca z krajowymi placówkami naukowymi	66
Współpraca z podmiotami gospodarczymi	70
WSPÓŁPRACA Z ZAGRANICĄ	72

Współpraca prowadzona w ramach umów.....	72
Współpraca prowadzona bez formalnych umów	72
WYMIANA OSOBOWA	75
KONFERENCJE I SPOTKANIA NAUKOWE – ORGANIZACJA I UDZIAŁ .	76
REFERATY WYGŁOSZONE W KRAJU I ZA GRANICĄ, NA ZAPROSZENIE INSTYTUCJI NAUKOWYCH.....	80
LISTA PROJEKTÓW REALIZOWANYCH W 2021 r.....	81
WYKAZ PUBLIKACJI	85
Artykuły w czasopismach naukowych.....	85
Wykaz publikacji w wydawnictwach publikujących recenzowane monografie naukowe	89
KONSORCJA I SIECI.....	90
OCHRONA WŁASNOŚCI INTELEKTUALNEJ	91
NAGRODY I WYRÓŻNIENIA	91
ROZWÓJ KADRY NAUKOWEJ	92
KSZTAŁCENIE DOKTORANTÓW	96
UCZESTNICTWO W KOMITETACH REDAKCYJNYCH CZASOPISM NAUKOWYCH	97
UCZESTNICTWO Z WYBORU W DZIAŁALNOŚCI EKSPERCKIEJ, STOWARZYSZENIACH NAUKOWYCH i in.	98
DZIAŁALNOŚĆ DYDAKTYCZNA, POPULARYZATORSKA I DORADCZA	100
Zajęcia dydaktyczne.....	100
Organizacja przedsięwzięć promujących i popularyzujących wyniki badań naukowych.....	102
DZIAŁALNOŚĆ WYDAWNICZA	103

INFORMACJE OGÓLNE

dyrektor	- prof. dr hab. Paweł Krajewski
z-ca dyrektora ds. naukowych	- prof. dr hab. Barbara Naganowska
z-ca dyrektora ds. administracyjnych	- mgr Joanna Dutkiewicz
główna księgową	- mgr Kinga Chałupniczak

e-mail: office@igr.poznan.pl
web: www.igr.poznan.pl
tel.: (61) 655 02 00 (portiernia)
tel.: (61) 655 02 55, 655 02 75 (sekretariat)
fax: (61) 655 03 01

SAMODZIELNI PRACOWNICY NAUKOWI

Prof. dr hab. Małgorzata Jędrzycka
Prof. dr hab. Arkadiusz Kosmała
Prof. dr hab. Piotr Kachlicki
Prof. dr hab. Paweł Krajewski
Prof. dr hab. Barbara Naganowska
Prof. dr hab. Tomasz Pniewski
Prof. dr hab. Łukasz Stępień
Prof. dr hab. Wojciech Święcicki, *czł. rzecz. PAN*
Prof. dr hab. Halina Wiśniewska
Prof. dr hab. Bogdan Wolko
Dr hab. Lidia Błaszczuk
Dr hab. Gregory Franklin, prof. IGR PAN
Dr hab. Katarzyna Głowacka
Dr hab. Agnieszka Kiełbowicz-Matuk
Dr hab. Grzegorz Koczyk
Dr hab. Michał Książkiewicz
Dr hab. Anetta Kuczyńska, prof. IGR PAN
Dr hab. Robert Malinowski, prof. IGR PAN
Dr hab. Izabela Pawłowicz
Dr hab. Karolina Susek

RADA NAUKOWA

Prezydium Rady Naukowej:

Przewodnicząca – Prof. dr hab. Zofia SZWEYKOWSKA-KULIŃSKA, *czł. koresp. PAN*

Zastępca Przewodniczącej – Prof. dr hab. Małgorzata MAŃKA, *czł. koresp. PAN*

Zastępca Przewodniczącej – Prof. dr hab. Łukasz STĘPIEŃ

Sekretarz – Dr Justyna LALAK-KAŃCZUGOWSKA / Dr Krzysztof MIKOŁAJCZAK

Zastępca Sekretarza – Dr Katarzyna CZYŻ

Przewodnicząca Komisji ds. Rozwoju Kadry Naukowej – Prof. dr hab. Iwona BARTKOWIAK-BRODA

Przewodniczący Komisji ds. Badań Naukowych – Prof. dr hab. Cezary MĄDRZAK

Przewodniczący Komisji Dyscyplinarnej – Prof. dr hab. Wojciech ŚWIĘCICKI, *czł. rzec. PAN*

Rzecznik Dyscyplinarny – prof. dr hab. Tomasz PNIEWSKI

Członkowie PAN wskazani do udziału w pracach Rady przez Wydział II Nauk Biologicznych i Rolniczych PAN:

Czł. koresp. prof. dr hab. Zbigniew W. KUNDZEWICZ

Czł. rzec. prof. dr hab. Stefan MALEPSZY

Czł. koresp. prof. dr hab. Małgorzata MAŃKA

Czł. rzec. prof. dr hab. Marian SANIEWSKI

Czł. rzec. prof. dr hab. Wojciech ŚWIĘCICKI

Czł. koresp. prof. dr hab. Marek ŚWITOŃSKI

Osoby z tytułem naukowym lub stopniem naukowym doktora habilitowanego aktualnie zatrudnione w Instytucie w pełnym wymiarze czasu pracy:

Dr hab. Lidia BŁASZCZYK

Dr hab. Franklin GREGORY, prof. IGR PAN

Prof. dr hab. Małgorzata JĘDRYCZKA

Dr hab. Agnieszka KIEŁBOWICZ-MATUK

Dr hab. Grzegorz KOCZYK

Prof. dr hab. Arkadiusz KOSMAŁA

Prof. dr hab. Paweł KRAJEWSKI

Dr hab. Michał KSIĄŻKIEWICZ

Dr hab. Anetta KUCZYŃSKA, prof. IGR PAN

Dr hab. Robert MALINOWSKI, prof. IGR PAN

Prof. dr hab. Barbara NAGANOWSKA

Dr hab. Izabela PAWŁOWICZ

Prof. dr hab. Tomasz PNIEWSKI

Prof. dr hab. Łukasz STĘPIEŃ

Dr hab. Karolina SUSEK

Prof. dr hab. Halina WIŚNIEWSKA

Osoby z tytułem naukowym lub stopniem naukowym doktora habilitowanego i wybitni specjaliści nie zatrudnieni w Instytucie albo zatrudnieni w nim w niepełnym wymiarze czasu pracy:

Prof. dr hab. Iwona BARTKOWIAK-BRODA – Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin-PIB, Poznań

Prof. dr hab. Paweł BEDNAREK – Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Poznań

Prof. dr hab. Franciszek DUBERT – Instytut Fizjologii Roślin PAN, Kraków

Prof. dr hab. Jolanta FLORYSZAK-WIECZOREK – Uniwersytet Przyrodniczy, Poznań

Prof. dr hab. Robert HASTEROK – Uniwersytet Śląski, Katowice

Prof. dr hab. Cezary MĄDRZAK – Uniwersytet Przyrodniczy, Poznań

Dr hab. Beata MYŚKÓW, prof. ZUT – Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny, Szczecin

Prof. dr hab. Waclaw ORCZYK – Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin-PIB, Radzików

Prof. dr hab. Monika RAKOCZY-TROJANOWSKA – Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Warszawa

Prof. dr hab. Maria SURMA (prof. emeryt.) – Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań

Prof. dr hab. Agnieszka SZALEWSKA-PAŁASZ – Uniwersytet Gdański, Gdańsk

Prof. dr hab. Zofia SZWEYKOWSKA-KULIŃSKA – czł. koresp. PAN, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Poznań

Dr hab. Krystyna WINIARCZYK, prof. UMCS – Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Lublin

Prof. dr hab. Marian WIWART – Uniwersytet Warmińsko-Mazurski, Olsztyn

Prof. dr hab. Zbigniew ZWIERZYKOWSKI (prof. emeryt.) – Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań

Wybrani przedstawiciele innych pracowników naukowych zatrudnionych w Instytucie w pełnym wymiarze czasu pracy:

Dr Katarzyna CZYŻ
Dr Justyna LALAK-KAŃCZUGOWSKA
Dr Krzysztof MIKOŁAJCZAK

Przedstawiciel doktorantów w Radzie Naukowej:

Mgr inż. Katarzyna MIKOŁAJCZAK

JEDNOSTKI ORGANIZACYJNE

1. Zakład Regulacji Ekspresji Genów

kierownik: dr hab. Agnieszka Kielbowicz-Matuk

2. Zakład Fizjologii Roślin

kierownik: prof. dr hab. Arkadiusz Kosmala

3. Zakład Biometrii i Bioinformatyki

kierownik: dr hab. Grzegorz Koczyk

4. Zakład Fenomiki Zbóż

kierownik: dr hab. Anetta Kuczyńska, prof. IGR PAN

5. Zakład Biotechnologii Roślin

kierownik: prof. dr hab. Tomasz Pniewski

6. Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin

kierownik: prof. dr hab. Małgorzata Jędrzycka

7. Zakład Interakcji Roślina-Patogen

kierownik: prof. dr hab. Łukasz Stępień

8. Zakład Mikrobiomiki Roślin

kierownik: dr hab. Lidia Błaszczuk

9. Zakład Genomiki Roślin Strączkowych

kierownik: prof. dr hab. Wojciech Święcicki, czł. rzecz. PAN

10. Zakład Struktury i Funkcji Genów

kierownik: dr hab. Michał Książkiewicz

11. Zakład Zintegrowanej Biologii Roślin

kierownik: dr hab. Robert Malinowski, prof. IGR PAN

12. Zakład Biologii Roślin i Nanotechnologii

kierownik: dr hab. Franklin Gregory, prof. IGR PAN

13. Zakład Nanotechnologii Roślin

kierownik: dr Dibyendu Mondal

14. Laboratorium Multiomiki

kierownik: prof. dr hab. Piotr Kachlicki

STRUKTURA ZATRUDNIENIA

(stan na 31 grudnia 2021 r.)

Grupy pracowników	Liczba osób	Liczba etatów
Profesorowie i profesorowie IGR PAN	14	13
Adiunkci	29	28,25
Asystenci	17	17
Badawczo-techniczni	4	4
Inżynierijni z wyższym wykształceniem	5	5
Techniczni	4	4
Administracja	6	6
Biblioteka i informacja naukowa	1	1
Robotnicy + obsługa	4	4
Razem	84	82,25

Osoby pobierające stypendia doktoranckie: **9** osób.
Liczba doktorantów (razem z pracownikami): **15** osób.

UPRAWNIENIA

Instytut posiada uprawnienia do nadawania stopnia:

- doktora - Zarządzenie Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 30 lipca 1987 roku w sprawie wykazu jednostek organizacyjnych uprawnionych do nadawania stopni naukowych (Dz. U. z 1985 r. Nr 42, poz. 202).
- doktora habilitowanego nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo - postanowienie Centralnej Komisji do Spraw Stopni i Tytułów z 27 października 2008 r. (nr BCK-III-U-421/2008).

INFORMACJA FINANSOWA

I. Przychody	(zł)
Subwencja	6 192 400
Projekty badawcze	
Projekty finansowane ze środków zagranicznych	578 283
MEiN	728 502
Projekty NCN	3 920 136
Projekty NCBiR	132 176
Projekty i programy finansowane przez MRiRW	1 542 008
Projekty NAWA	4 000
Projekty NCN POLS	74 705
Usługi na rzecz podmiotów zewnętrznych	298 326
Razem projekty	7 278 136
Działalność gospodarcza	250 186
Przychody ogółem	13 720 722
II. Przychody z projektów w % subwencji	117,0
Osobowy fundusz płac w subwencji (zł)	4 911 786
- w % subwencji	79,0
- w % przychodów ogółem	35,0
Koszty ogrzewania i energii elektrycznej (% subwencji)	15,0

III. Rok 2021 to nadal stan pandemii zakaźnej choroby COVID-19 wywołanej przez koronawirusa SARS-CoV-2. Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk odczuł skutki wpływu pandemii na sytuację makroekonomiczną Polski i Europy, przede wszystkim poprzez ograniczenie mobilności pracowników naukowych. Wybuch, pod koniec lutego 2022 roku, wojny pomiędzy Rosją a Ukrainą to także ryzyko negatywnego wpływu na działalność Instytutu, poprzez dalsze ograniczenie mobilności pracowników naukowych, ryzyko cięć budżetowych w zakresie nauki w Polsce oraz wzrost inflacji w Polsce.

IV. Pomimo zagrożeń opisanych w punkcie III Instytut Genetyki Roślin zakłada w 2022 roku kontynuację działalności na podobnym poziomie, przy założeniu spadku negatywnego wpływu pandemii na poziom przychodów jednostki oraz szybkiego zakończenia działań wojennych i ich minimalnego wpływu na mobilność pracowników i gospodarkę Europy i Polski. Wartość subwencji na 2022 rok zakłada się na poziomie około 6.285.000 zł .

V. Jednostka nie dokonała nabycia udziałów własnych w 2021 roku, nie dokonała zbycia tych udziałów. Jednostka nie posiada nabytych ani zatrzymanych udziałów własnych.

VI. Instytut nie posiada oddziałów.

VII. Instytut nie jest narażony na ryzyko zmiany cen, ryzyko kredytowe oraz ryzyko istotnych zakłóceń przepływów środków pieniężnych z uwagi na sposób finansowania działalności. Jednostka do roku 2018 otrzymywała dotację statutową na utrzymanie potencjału badawczego (od roku 2019, w związku ze zmianą przepisów, jest to subwencja), w 12 miesięcznych ratach, co zabezpiecza ją w istotny sposób przed utratą płynności finansowej, natomiast badania naukowe finansowane są również przez NCN, NCBiR, KE oraz Ministerstwo Edukacji i Nauki i Ministerstwo Rolnictwa. Jednostki te przekazują środki na badania w transzach, z góry, co zapobiega ryzyku braku środków na finansowanie badań.

Czasowo wolne środki jednostka lokuje, w zakresie środków, które mogą podlegać lokowaniu, na lokatach typu overnight w Banku Gospodarstwa Krajowego.

VIII. Instytut nie jest w sposób szczególny narażony na ryzyko walutowe, w związku z czym nie stosuje szczególnych metod zarządzania ryzykiem walutowym.

IX. Kluczowymi niefinansowymi wskaźnikami efektywności związanymi z działalnością Instytutu Genetyki Roślin PAN są liczba i jakość publikacji. Wskaźniki te zostały szczegółowo podane w niniejszym sprawozdaniu.

INFORMACJE O DZIAŁALNOŚCI INSTYTUTU I DOROBKU NAUKOWYM

PUBLIKACJE (szczegóły str. 84)

Prace opublikowane w 2021 roku:

– artykuły w czasopismach naukowych i recenzowanych materiałach z konferencji międzynarodowych wraz z przypisaną liczbą punktów	48
– publikacje w innych czasopismach (w tym branżowych i popularno-naukowych)	10
– autorstwo rozdziału w monografii w j. angielskim	4

PROJEKTY BADAWCZE (szczegóły str. 80)

Finansowane przez:

– UE	4
– międzynarodowy-bilateralny	-
– rządowe	-
– NCN/NCBR	31 / 2
– MRiRW	6
– inne	2
Ogółem	45

KONFERENCJE I SPOTKANIA NAUKOWE (szczegóły str. 75)

Konferencje, warsztaty i seminaria zorganizowane przez Instytut:

krajowe i międzynarodowe **6**

Udział pracowników w konferencjach:

konferencje krajowe 14

konferencje międzynarodowe 11

Ogółem 31

WSPÓŁPRACA Z ZAGRANICĄ (szczegóły: str. 71-74)

Realizowano: 2 tematy w ramach umów międzynarodowych,
25 tematów z instytucjami w ramach współpracy bezumownej.

Przyjęto 2 gości zagranicznych na pobyt długoterminowy,
zrealizowano 2 wyjazdy krótkoterminowe pracowników IGR PAN,
4 osoby przebywały na stażach długoterminowych.

SPRAWOZDANIE Z REALIZACJI BADAŃ

ZAKŁAD REGULACJI EKSPRESJI GENÓW

Kierownik Zakładu *dr hab. Agnieszka Kielbowicz-Matuk*
Skład Zakładu *dr Anna Kasprzewska*
mgr inż. Magdalena Biegańska
mgr Klaudia Grądzka (stypendystka)
mgr inż. Urszula Talar (doktorantka)

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MNiSW (komunikat Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 18 grudnia 2019 r.)	1
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	1

Projekty wykonywane w Zakładzie

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zakładzie (także kierownictwo zespołu/pakietu w konsorcjum)		Udział jako wykonawca w projektach innych Zakładów IGR PAN i zewnętrznych w 2021 r.
	2021	2022	
UE			
Inny międzynarodowy			
NCN	1	1	1
NCBiR			
MRiRW			
Inny			
Ogółem	1	1	1

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2021

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu, kwota finansowania	Kierownik; Wszyscy wykonawcy, osoby spoza IGR	Kontynuacja w 2022 r. TAK/NIE
	Narodowe Centrum Nauki Typ projektu: OPUS 15 Tytuł: „Funkcja białka jądrowego StBBX20 w regulacji czasu kwitnienia i tuberyzacji u ziemniaka uprawnego”, Nr 2018/29/B/NZ9/01457	A. Kielbowicz-Matuk; M. Biegańska, K. Grądzka, A. Kasprzewska	TAK

Okres realizacji: 1.03.2019 – 1.03.2022 1 096 240 zł		
---	--	--

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2021

Celem uzyskania wyników wstępnych niezbędnych dla aplikowania w bieżącym roku o projekt badawczy związany z funkcją białka StBBX22 w rozwoju ziemniaka uprawnego, uzyskano rośliny transgeniczne *S. tuberosum*, cv. Desiree z mutacją typu knock-out dla genu *StBBX22* oraz z nadekspresją genu *StBBX22*. Dodatkowo, celem identyfikacji kompleksów białkowych, z którymi oddziałuje białko StBBX22 przeprowadzono przejściową ekspresję białka GFP-BBX22 w liściach tytoniu *N. benthamiana*. Uzyskane ekstrakty białkowe z liści transformowanych oraz nietransformowanych (kontrola) zostały poddane sekwencjonowaniu.

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów.

Jednym z głównych kierunków badań prowadzonych obecnie w Zespole jest poznanie mechanizmów regulacji czasu kwitnienia i tuberyzacji u *Solanum tuberosum*. Prace zasadniczo koncentrują się na poznaniu biologicznej funkcji białek zawierających palce cynkowe typu B-box, takich jak StBBX20, StBBX4, StBBX22 oraz czynnika StZPR1 w procesach wzrostu i rozwoju ziemniaka uprawnego.

NCN OPUS15 „Funkcja białka jądrowego StBBX20 w regulacji czasu kwitnienia i tuberyzacji u ziemniaka uprawnego”.

Cel badań: Poznanie roli białka StBBX20 w regulacji czasu kwitnienia i procesie tworzenia bulw u ziemniaka uprawnego *Solanum tuberosum* L., cv. Desiree.

Prace Zespołu Regulacji Ekspresji Genów mają charakter wieloletni i są kontynuacją badań zainicjowanych w latach wcześniejszych.

Najważniejsze prace w 2021 roku:

Analiza fenotypowa roślin transgenicznych *S. tuberosum* z nadekspresją genów *StBBX20*, *StBBX4*, *StBBX22* i *StZPR1*. Analiza zmian w transkryptomie roślin z nadekspresją genu *StBBX20* i *StBBX4* oraz roślin *S. tuberosum* typu dzikiego.

Uzyskanie roślin transgenicznych *S. tuberosum*, cv. Desiree z mutacją typu knockout we wszystkich czterech allelach genu *StBBX22*. Celem identyfikacji kompleksów białkowych, z którymi oddziałuje białko StBBX22 przeprowadzono przejściową ekspresję białka GFP-BBX22 w liściach tytoniu *N. benthamiana*. Uzyskane ekstrakty białkowe z liści transformowanych oraz nietransformowanych (kontrola) zostały poddane sekwencjonowaniu.

Uzyskanie 5 linii transgenicznych *S. tuberosum*, cv. Desiree z mutacją typu knock-out dla genu *StBBX4* i 9 linii transgenicznych *Solanum tuberosum* L., cv. Desiree z mutacją typu knock-out dla genu *StBBX20*. We wszystkich liniach potwierdzono obecności transgeny, w tym sekwencji dla nukleazy Cas9 oraz wybranych guide RNA, wraz z rejonami promotorami. Nie odnotowano natomiast mutacji w obrębie sekwencji genu *StBBX4* i *StBBX20*. W przyszłości planowane jest użycie innej pary guide RNA w celu osiągnięcia stabilnej mutacji typu knockout dla obu genów oraz wykonanie przejściowej transformacji protoplastów *Solanum tuberosum* z zastosowaniem wektora wektor pERaRb-TUCas9, przygotowanego w naszym Zakładzie. Wektor ten poza dwoma miejscami do klonowania guide RNA ma także jednostkę transkrypcyjną kodującą nukleazę Cas9.

Celem wykazania czy białko StBBX4 jest aktywne transkrypcyjnie, przeprowadzono analizę trans-aktywacji dla genu *StBBX4* w komórkach drożdżowych.

NCN HARMONIA (kierownik prof. dr hab. P. Krajewski) pt.: „Regulacja ekspresji genu półkarłowatości *sdw1/denso* u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.) i jej związek z architekturą i fizjologią roślin”.

Cel badań: Wiązanie czynników transkrypcyjnych YABBY7 i YABBY8 do rejonów promotorowych genów kodujących oksydazy giberelinowe u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.).

W ramach współpracy w projekcie Harmonia, wyselekcjonowano dwa czynniki transkrypcyjne YABBY7 i YABBY8, które potencjalnie mogą wiązać się do rejonów promotorowych genów *HvGA20ox1*, *HvGA20ox2* (*sdw1*) i *HvGA20ox3*. Sekwencja kodująca wybranych czynników transkrypcyjnych została wykorzystana do wybrania unikatowych rejonów, które wykorzystano do produkcji specyficznych przeciwciał poliklonalnych przeciwko obu białkom. Przeciwciała zostały wyprodukowane przez firmę Eurogentec. Weryfikacja specyficzności uzyskanych przeciwciał została przeprowadzona metodą Western blot w różnych organach trzytygodniowych roślin *H. vulgare*.

Celem przeprowadzenia analizy wiązania wybranych czynników transkrypcyjnych do DNA, przeprowadzono immunoprecypitację chromatyny z wykorzystaniem traktowanego 1% formaldehydem materiału roślinnego *H. vulgare*. Następnie DNA poddawano losowej fragmentacji za pomocą sonikacji. Uzyskano związane z białkami fragmenty DNA, które przy użyciu przeciwciał specyficznych dla badanych białek posłużyły do immunoprecypitacji związanych z nimi fragmentów. Fragmenty DNA zostały oczyszczone z białek. Tak przygotowane biblioteki zostały poddane wysokoprzepustowemu sekwencjonowaniu.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2021 r.

Talar, U., Kielbowicz-Matuk, A. (2021). Beyond Arabidopsis: BBX Regulators in Crop Plants. *International Journal of Molecular Sciences*. 22: 2906. DOI: 10.3390/ijms22062906; MNiSW 140; IF₂₀₂₀ 5,924

ZAKŁAD FIZJOLOGII ROŚLIN

Kierownik Zakładu *prof. dr hab. Arkadiusz Kosmala*
 Skład Zakładu *dr hab. Izabela Pawłowicz*
 dr Danuta Babula-Skowrońska
 dr Joanna Majka
 dr Katarzyna Lechowicz
 dr Dawid Perlikowski
 mgr inż. Włodzimierz Zwierzykowski
 mgr Natalia Żyła (doktorantka)
 mgr inż. Adrianna Czapiewska (doktorantka od 1.10.2021)
 prof. dr hab. Zbigniew Zwierzykowski (profesor emerytowany)

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MNiSW (komunikat Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 18 grudnia 2019 r.)	6
Poza listą	
Monografie i rozdziały	3
Inne	1
Ogółem	10

Projekty wykonywane w Zakładzie

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zakładzie (także kierownictwo zespołu/pakietu w konsorcjum)		Udział jako wykonawca w projektach innych Zakładów IGR PAN i zewnętrznych w 2021 r.
	2021	2022	
UE			
Inny międzynarodowy			1
NCN	3	2*	2
NCBiR			
MRiRW	1	1	1
Inny			
Ogółem	4	3*	4

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2021

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu, kwota finansowania	Kierownik; Wszyscy wykonawcy, osoby spoza IGR	Kontynuacja w 2022 r. TAK/NIE
1	NCN; OPUS 12 „Wgląd w molekularne mechanizmy tolerancji deficytu wody i regeneracji po jego ustąpieniu u wybranych gatunków i mieszańców traw pastewnych	A. Kosmala; I. Pawłowicz, K. Lechowicz, D. Perlikowski, M. Arasimowicz-Jelonek (UAM, Poznań);	NIE

	kompleksu <i>Lolium-Festuca</i> ”, nr 2016/23/B/NZ9/00820, 2017-07-03; 2021-07-02; 796 283 zł		
2	NCN; OPUS 12 „Plastyczność odpowiedzi poliploidów na stresy środowiskowe: zbadanie regulonu ABI1/HB6 w warunkach stresów solnego i suszy u rzepaku (<i>Brassica napus</i> L.)”, nr 2016/23/B/N29/02175, 2017-07-26; 2021-12-25; 975 450 zł	D. Babuła-Skowrońska; N. Żyła, T. Cegielska-Taras (IHAR, Poznań), L. Szała (IHAR, Poznań), A. Ludwików (UAM, Poznań), A. Cieśla (UAM, Poznań)	NIE
3	NCN; OPUS 20 „Charakterystyka rodziny lipokalin oraz ich funkcja w stabilizowaniu aparatu fotosyntetycznego podczas stresu oksydacyjnego u <i>Festuca glaucescens</i> ”, nr 2020/39/B/NZ9/02488, 2021-07-02; 2025-07-01; 1 615 994 zł	I. Pawłowicz; A. Kosmala, K. Lechowicz, D. Perlikowski, A. Czapiewska	TAK
4	MRiRW; Postęp biologiczny w produkcji roślinnej: „Mechanizmy odporności na abiotyczne i biotyczne stresy środowiskowe u form introgresywnych życicy wielokwiatowej i życicy trwałej z genami kostrzewy łąkowej lub kostrzewy trzcinowej”, projekt nr 17, 2021-01-01; 2026-12-31; 250 000 zł (rok 2021)	A. Kosmala; K. Lechowicz, D. Perlikowski, I. Pawłowicz, W. Zwierzykowski, L. Błaszczuk, A. Płażek (UR w Krakowie), M. Rapacz (UR w Krakowie), G. Żurek (IHAR-PIB), E. Małuszyńska (IHAR-PIB), M. Staniak (IUNG-PIB), E. Paszkowski (DANKO HR), K. Szwarz (GRUNWALD HR)	TAK

*nowy projekt (realizacja rozpocznie się w 2022 r.) NCN; OPUS 21 „Kompleksowa analiza mechanizmów mrozoodporności w sekwencji procesów hartowania w chłodzie, rozhartowywania i ponownego hartowania, u traw pastewnych”, kierownik: D. Perlikowski

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2021

Wykazano, że akumulacja triacylogliceroli (TAG) w warunkach deficytu wodnego może chronić komórki traw kompleksu *Lolium/Festuca* przed wyższą akumulacją toksycznych, wielonienasyconych wolnych kwasów tłuszczowych, powstających w wyniku uszkodzenia błon biologicznych. Ponadto wykazano, że TAG mogą być również źródłem substratów (m.in. kwasów tłuszczowych) do regeneracji błon po ustaniu deficytu wody.

NCN; OPUS 12 „Wgląd w molekularne mechanizmy tolerancji deficytu wody i regeneracji po jego ustąpieniu u wybranych gatunków i mieszańców traw pastewnych kompleksu *Lolium-Festuca*”, nr 2016/23/B/NZ9/00820, 2017-07-03; 2021-07-02;

Perlikowski D., Lechowicz K., Skiryecz A., Michaelis A., Pawłowicz I., Kosmala A. (2021). The role of triacylglycerol in the protection of cells against lipotoxicity under drought in *Lolium multiflorum/Festuca arundinacea* introgression forms. *Plant and Cell Physiology* (praca zaakceptowana).

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów

Projekty kierowane w Zakładzie

NCN; OPUS 12 „Wgląd w molekularne mechanizmy tolerancji deficytu wody i regeneracji po jego ustąpieniu u wybranych gatunków i mieszańców traw pastewnych kompleksu *Lolium-Festuca*”; celem prowadzonych badań było poznanie odpowiedzi fizjologicznej oraz reakcji aparatu fotosyntetycznego i systemu antyoksydacyjnego na warunki deficytu wody oraz ponownego nawodnienia u gatunków *F. arundinacea* i *F. glaucescens* oraz u form introgresywnych *L. multiflorum/F. arundinacea*. W obrębie każdej grupy badane były rośliny o zróżnicowanym poziomie tolerancji suszy. W 2021 r. prowadzono badania związane z metabolizmem tlenu azotu w odniesieniu do aktywności fotosyntetycznej i antyoksydacyjnej w warunkach stresu suszy u *F. arundinacea* i *F. glaucescens* oraz analizę profili akumulacji lipidów u *L. multiflorum/F. arundinacea*. Wykazano m.in. że u obu gatunków *Festuca* nastąpił wzrost zawartości NO w liściach w warunkach stresowych, a zawartość ta była wyższa u roślin o niższym poziomie tolerancji suszy. Ponadto wykazano, że po zastosowaniu zmiatacza NO (2-phenyl-4,4,5,5-tetramethylimidazoline-1-oxyl-3-oxide, PTIO) i obniżeniu zawartości NO w liściach, u obu gatunków nastąpiło opóźnienie w zamykaniu aparatów szparkowych i wzrost poziomu asymilacji CO₂ w warunkach deficytu wodnego.

NCN; OPUS 12 „Plastyczność odpowiedzi poliploidów na stresy środowiskowe: zbadanie regulonu ABI1/HB6 w warunkach stresów solnego i suszy u rzepaku (*Brassica napus* L.)”; celem projektu było zbadanie komórkowej sieci interakcji genów kontrolowanych przez układ ABI1/HB6 u *Brassica napus* w warunkach stresowych. Zidentyfikowano i określono strukturę 4 kopii genu *BnaHB6* należących do rodziny specyficznych dla roślin czynników transkrypcyjnych HD-Zip klasy I. Pomimo wysokiej homologii sekwencji kodującej geny te wykazują zróżnicowany wzór ekspresji w cyklu dobowym oraz w warunkach stresu solnego i suszy. Analiza aktywności promotorów tych genów pokazała różnice na różnych etapach rozwoju rośliny i w różnych organach. Również 6 zidentyfikowanych kopii genu *BnaABI1* (kodującego fosfatazę białkową 2C) ujawniło różnice w cyklu dobowym, na różnych etapach rozwoju oraz w warunkach stresu solnego i suszy. Wykazano koekspresję *BnaA01ABI1* i *BnaA09HB6* w stresie zasolenia oraz *BnaC07ABI1* and *BnaA04HB6* w suszy. Analiza interakcji między kodowanymi przez te geny białkami ujawniła ich fizyczne oddziaływania. Geny *BnaC07ABI1* i *BnaA09HB6* oraz *BnaA01ABI1* i *BnaA04HB6* pokazały odmienne wzory ekspresji, odpowiednio w stresie zasolenia i suszy. Białka kodowane przez te geny nie wykazały interakcji między sobą.

U gatunków z rodziny Brassicaceae wykazano konserwatywność genów kodujących grupę A fosfataz białkowych 2C (PP2CA), w rejonie kodującym domenę katalityczną. Ponadto, wykazano na przykładzie genu *BnaABI1*, że u gatunków rodzaju *Brassica* po duplikacji całego genomu nastąpił proces dywergencji funkcjonalnej genów kodujących PP2CA na drodze neofunkcjonalizacji poprzedzonej subfunkcjonalizacją. Mechanizm ten opierał się na zmianach w sekwencjach promotorowych i kodujących (poza rejonem kodującym domenę katalityczną) tych genów. Babula-Skowrońska D. (2021). Functional divergence of *Brassica*

napus BnaABI1 paralogs in the structurally conserved PP2CA gene subfamily of Brassicaceae. Genomics 113: 3185-3197.

NCN; OPUS 20 „Charakterystyka rodziny lipokalin oraz ich funkcja w stabilizowaniu aparatu fotosyntetycznego podczas stresu oksydacyjnego u *Festuca glaucescens*”; W 2021 r. uzyskano populację roślin *F. glaucescens* i przygotowano próby DNA do sekwencjonowania genomu tego gatunku.

MRiRW; Postęp biologiczny w produkcji roślinnej: „Mechanizmy odporności na abiotyczne i biotyczne stresy środowiskowe u form introgressywnych życicy wielokwiatowej i życicy trwałej z genami kostrzewy łąkowej lub kostrzewy trzcinowej”; celem projektu jest poznanie mechanizmów tolerancji suszy, zimotrwałości i odporności na choroby u form introgressywnych *L. perenne*/*F. pratensis* i *L. multiflorum*/*F. arundinacea*. W 2021 r. wyselekcjonowano diploidalne i tetraploidalne formy *L. perenne*/*F. pratensis* o stosunkowo wysokim i stosunkowo niskim poziomie tolerancji stresów abiotycznych i biotycznych.

Projekty realizowane we współpracy

UEB CAS „Genomic dominance as a force shaping evolution of plant wide hybrids“, nr 20-10019S, 2020-02-12;2021-12-31; David Kopecký (Institute of Experimental Botany of the Academy of Sciences of the Czech Republic, Olomouc). Celem projektu jest analiza mechanizmów dominacji (sub)-genomu u mieszańców międzygatunkowych kompleksu *Festuca-Lolium*, tj. otrzymanych w wyniku krzyżowania *F. pratensis*, *L. multiflorum*, *F. glaucescens* oraz u mieszańców *Allium cepa* × *Allium roylei*. W drugim roku projektu kontynuowano badanie struktury genomów nowo otrzymanych mieszańców, ze szczególnym uwzględnieniem analizy przebiegu mejozy u mieszańców pokolenia F₁ *L. multiflorum* × *F. pratensis*. Dla wybranych mieszańców przeprowadzono eksperymenty immunoGISH, na podstawie których określono częstotliwość i moc przyczepu włókien α -tubuliny do kinetochorów chromosomów z rozróżnieniem genomów rodzicielskich; J. Majka

NCN; OPUS 16 "Wpływ tlenu azotu na stan acetylacji białek histonowych u *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary", nr 2018/31/B/NZ9/00355, 2019-07-08; 2022-07-07; M. Arasimowicz-Jelonek (UAM w Poznaniu). Badania mają na celu wyjaśnienie nowego aspektu metabolizmu NO u patogenicznego łęgniowca *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary związanego z zaangażowaniem tej cząsteczki w regulację stopnia acetylacji białek histonowych. Członkowie zespołu z IGR PAN biorą udział w analizie ekspresji genów kodujących acetylotransferazy histonowe (HATs) oraz deacetylazy histonowe (HDACs); A. Kosmala, D. Perlikowski

NCN; OPUS 15 „Funkcja białka jądrowego StBBX20 w regulacji czasu kwitnienia i tuberyzacji u ziemniaka uprawnego”, nr 2018/29/B/NZ9/01457, 2019-03-01; 2022-02-28; kierownik A. Kielbowicz-Matuk. Pracownik Zakładu Fizjologii Roślin bierze udział w analizie ekspresji genów (RT-qPCR); I. Pawłowicz

MRiRW; Postęp biologiczny w produkcji roślinnej: „Identyfikacja markerów molekularnych sprzężonych z genami warunkującymi odporność na suchą zgniliznę kapustnych (*Leptosphaeria* spp.), z wykorzystaniem zaawansowanych technik molekularnych”, projekt nr 27, 2021-01-01; 2026-12-31; J. Niemann (UP w Poznaniu).

Członek zespołu z IGR PAN bierze udział w analizie ekspresji wybranych genów (*Rlm3*, *Rlm4* i *Rlm7*) związanych z odpornością na suchą zgniliznę kapustnych; I. Pawłowicz

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2021 r.

Stefanowicz, K., Szymanska-Chargot, M., Truman, W., Walerowski, P., Olszak, M., **Augustyniak, A.**, **Kosmala, A.**, Zdunek A., Malinowski R. (2021). *Plasmodiophora brassicae*-Triggered Cell Enlargement and Loss of Cellular Integrity in Root Systems Are Mediated by Pectin Demethylation; *Frontiers in Plant Science* 12: 711838; DOI 10.3389/fpls.2021.711838; MNiSW 100; IF₂₀₂₀ 5,754

Blicharz, S., Beemster, G.T.S., Ragni, L., De Diego, N., Spíchal, L., Hernández, A.E., Marczak, Ł., Olszak, M., **Perlikowski, D.**, **Kosmala, A.**, Malinowski, R. (2021). Phloem exudate metabolic content reflects the response to water deficit stress in pea plants (*Pisum sativum* L.); *The Plant Journal* 106: 1338-1355; DOI 10.1111/tpj.15240; MNiSW 140; IF₂₀₂₀ 6,486

Yang, F, Fernández Jiménez, N, **Majka, J.**, Pradillo, M, Pecinka, A (2021) SMC5/6 complex is necessary for tetraploid genome stability in *Arabidopsis thaliana*; *Frontiers in Plant Science* 12: 748252, DOI 10.3389/fpls.2021.748252; MNiSW 100; IF₂₀₂₀ 5,754

Perincherry, L., Urbaniak, M., **Pawłowicz, I.**, Kotowska, K., Waśkiewicz, A., Stępień, Ł. (2021). Dynamics of *Fusarium* Mycotoxins and Lytic Enzymes during Pea Plants' Infection; *International Journal of Molecular Sciences* 22: 9888; DOI 10.3390/ijms22189888; MNiSW 140; IF₂₀₂₀ 5,924

Glombik, M., Copetti, D., Bartoš, J., Stočes, S., **Zwierzykowski, Z.**, Ruttink, T., Wendel, J.F., Duchoslav, M., Doležel, J., Studer, B., Kopecký, D. (2021). Reciprocal allopolyploid grasses (*Festuca* × *Lolium*) display stable patterns of genome dominance; *The Plant Journal* 107: 1166-1182; DOI 10.1111/tpj.15375; MNiSW 140; IF₂₀₂₀ 6,486

Babula-Skowrońska, D. (2021). Functional divergence of *Brassica napus* BnaABI1 paralogs in the structurally conserved PP2CA gene subfamily of Brassicaceae; *Genomics* 113(5): 3185-3197; DOI 10.1016/j.ygeno.2021.06.031; MNiSW 100; IF₂₀₂₀ 5,736

Żyła, N., Fidler, J., Babula-Skowrońska, D. (2021) Economic and Academic Importance of *Brassica oleracea*. In: Liu S., Snowdon R., Kole C. (eds.), *The Brassica oleracea Genome. Compendium of Plant Genomes*. Springer, Cham., pp. 1-6. DOI: 10.1007/978-3-030-31005-9_1

Fidler, J., Żyła, N., Babula-Skowrońska, D. (2021). Impact of the *Brassica oleracea* Genome on Breeding and Crop Improvement. In: Liu S., Snowdon R., Kole C. (eds.), *The Brassica oleracea Genome. Compendium of Plant Genomes*. Springer, pp. 107-133. DOI: 10.1007/978-3-030-31005-9_10

Zwierzykowski Z., Kopecký D. (2021). A brief history and (nearly) complete bibliography of *Festulolium*. In: *Festulolium – from the Nature to Modern Breeding*, D. Kopecký, A. Kosmala (eds.). Palacký University, Olomouc, pp. 241-279

Perlikowski D., Pawłowicz I., Lechowicz K., Augustyniak A., Skiryecz A., Kosmala A. (2021). Alterations in leaf lipidome under water deficit and re-watering in *Lolium multiflorum*/*Festuca arundinacea* introgression forms distinct in drought tolerance. In: Hurtmann S., Bachmann-Pfabe S., Byrne S., Feuerstein U., Julier B., Kölliker R., Kopecky D., Roldan-Ruiz I., Ruttink T., Sampoux J.-P., Studer B., Vleugels T. (eds.), Exploiting genetic diversity of forages to fulfil their economic and environmental roles; Palacký University Olomouc, pp. 150-152. DOI: 10.5507/vup.21.24459677.35

ZAKŁAD BIOMETRII I BIOINFORMATYKI

Kierownik Zakładu **dr hab. Grzegorz Koczyk**
 Skład Zakładu *prof. dr hab. Paweł Krajewski*
 dr Katarzyna Czyż
 dr inż. Hanna Ćwiek-Kupczyńska
 dr inż. Monika Mokrzycka
 mgr Michał Kawalilo (doktorant)
 mgr Maria Nuc (doktorantka)

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MNiSW (komunikat Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 18 grudnia 2019 r.)	9
Poza listą	1
Monografie i rozdziały	1
Inne	
Ogółem	11

Projekty wykonywane w Zakładzie

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zakładzie (także kierownictwo zespołu/pakietu w konsorcjum)		Udział jako wykonawca w projektach innych Zakładów IGR PAN i zewnętrznych w 2021 r.
	2021	2022	
UE	1		
Inny międzynarodowy			
NCN	3	3	
NCBiR	1	1	
MRiRW			1
Inny			
Ogółem	5	4	1

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2021

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu; kwota finansowania	Kierownik; Wszyscy wykonawcy, osoby spoza IGR	Kontynuacja w 2022 r. TAK/NIE
1	Horyzont 2020; H2020-INFRAIA-2016-1; European Plant Phenotyping Network 2020 (Akronim: EPPN2020); 731013; 2017-05-01; 2021-10-30; koord. Tardieu Francois (INRA; Francja); 279 376 zł (udział IGR PAN)	P. Krajewski H. Ćwiek-Kupczyńska	NIE

2	NCN; HARMONIA 8; Regulacja ekspresji genu półkarłowatości sdw1/ denso u jęczmienia (<i>Hordeum vulgare</i> L.) i jej związek z architekturą i fizjologią roślin; 2016/22/M/NZ9/00251; 2017-04-17; 2022-04-16; 923 780 zł	P. Krajewski A. Kielbowicz-Matuk, K. Mikołajczak, A. Daszkowska-Golec (UŚ Katowice), K. Kaufmann (HU Berlin)	TAK
3	NCBiR; BIOSTRATEG; Zintegrowana strategia dla reaktywacji polskiej hodowli pszenicy heterozyznej (Akronim: HYBRE); BIOSTRATEG3/343665/6/NCBR/2017; 2017-08-21; 2022-12-31; koord. Malepszy Stefan, Monika Rakoczy-Trojanowska (SGGW); 265 675 zł (udział IGR PAN)	P. Krajewski M. Mokrzycka	TAK
4	NCN; OPUS 11; Geneza i rozpowszechnienie zdolności do biosyntezy oraz metabolizmu makrolaktonów wśród grzybów wyższych; 2016/21/B/NZ9/01875; 2017-03-07; 2022-03-06; 762 800 zł	G. Koczyk J. Lalak-Kańczugowska, M. Kawaliło, N. Witaszak, D. Kruska	TAK
5	NCN; SONATA 11; Dynamika zmian genomu w ewolucji i utrzymaniu zdolności symbiotycznego wiązania azotu; w świetle starych ewolucyjnie linii roślin strączkowych; 2016/21/D/NZ8/01300; 2017-03-03; 2022-03-02; 493 800 zł	K. Czyż	TAK

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2021

W ramach badań zmierzających do opracowania strategii dla realizacji programu polskiej hodowli pszenicy heterozyznej oceniono strukturę genetyczną populacji ponad 500 odmian i form hodowlanych pszenicy ozimej znajdujących się w doborze krajowym oraz wykorzystywanych przez firmy hodowlane. W pracach wykorzystano ok. 40 000 markerów genetycznych typu SNP i SilicoDArT. Wyniki znajdują zastosowanie m.in. w doborze form rodzicielskich dla otrzymywania mieszańców. Badania były prowadzone w ramach konsorcjum Biostrateg HYBRE (BIOSTRATEG3/343665/6/NCBR/2017) koordynowanego przez SGGW w Warszawie (prof. Stefan Malepszy, prof. Monika Rakoczy-Trojanowska).

Tyrka, M., Mokrzycka, M., Bakera, B., Tyrka, D., Szeliga, M., Stojalowski, S., Matysik, P., Rokicki, M., Rakoczy-Trojanowska, M., Krajewski, P. (2021). Evaluation of genetic structure in European wheat cultivars and advanced breeding lines using high-density

genotyping-by-sequencing approach; BMC Genomics 22 (1): 81; DOI 10.1186/s12864-020-07351-x; MNiSW 140; IF₂₀₂₀ 3.969

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów.

EPPN2020:

Celem projektu jest rozwój technologii fenotypowania roślin w warunkach kontrolowanych, m.in. poprzez udostępnianie platform do fenotypowania wysokoprzepustowego i opracowanie metod zarządzania danymi. W 2021 r. opracowano wymagania i metodologię oraz zebrano wyniki wieloplatformowego doświadczenia, mającego na celu zademonstrowanie proponowanych w projekcie rozwiązań standaryzacyjnych i dobrych praktyk badawczych. Dla partnerów projektu prowadzono szkolenia w zakresie opisu danych eksperymentalnych zgodnie z zasadami FAIR i standardem dziedzinowym MIAPPE oraz realizowano wsparcie w ich wdrażaniu. Ponadto, we współpracy z grupą ELIXIR Plant Community przeprowadzono ewaluację cyklu zarządzania danymi doświadczalnymi i niezbędnych usprawnień tego cyklu (publikacja w recenzji).

NCBiR; BIOSTRATEG HYBRE:

Wśród naturalnych mechanizmów wykorzystywanych w hodowli mieszańcowej pszenicy najbardziej pożądanym jest system łączący cytoplazmatyczną męskosterylność żeńskiego rodzica z genami Rf przywracającymi płodność męskiego rodzica. Celem tego badania była identyfikacja genów kandydujących Rf w genomie pszenicy na podstawie RNA-seq i paralogów. Z 36912 genów o zróżnicowanej ekspresji (DEG), zostało wybranych 21 kodujących znane białka przywracające płodność. Aby wzbogacić pulę kandydatów Rf, uwzględniono w analizie 52 paralogi (PAG). Profile ekspresji większości DEG i PAG były zgodne z oczekiwaniami: miały podwyższoną ekspresję w co najmniej jednej odmianie przywracającej płodność. Wyniki te były tylko częściowo zgodne z danymi ilościowymi PCR. Promotory DEG i PAG zawierały wspólne elementy cis-regulatorowe. Na podstawie uzyskanych wyników wyznaczono 7 genów kandydujących na geny Rf, z których 6 zidentyfikowano po raz pierwszy w tych badaniach (Tyrka M., Bakera B. i in., 2021)

NCN; HARMONIA 8:

Celem projektu jest poznanie mechanizmów molekularnych odpowiedzialnych za regulację poziomu giberelin u jęczmienia w stadium krzewienia roślin. W roku 2021 kontynuowano badania dotyczące wiązania czynników transkrypcyjnych do elementów cis-regulatorowych. Szczegółowy opis prac jest przedstawiony w sprawozdaniu Zakładu Regulacji Ekspresji Genów (dr hab. Agnieszka Kielbowicz-Matuk).

NCN; OPUS 11:

Celem projektu jest identyfikacja gatunków grzybów posiadających zdolność do biosyntezy makrolaktonów i scharakteryzowanie ewolucyjnych źródeł tejże zdolności. W roku 2021, zakończono analizy genomów *Mucoromycotina* (N=157), ostatecznie odrzucając hipotezę roboczą o możliwym występowaniu klastrów biosyntezy makrolaktonów. Jednocześnie w sposób wyczerpujący opisano dominację (pod względem częstości występowania) oraz strukturę klastrów biosyntezy terpenoidów u grzybów niższych, a także liczną reprezentację genów biosyntezy aktywowanych metabolitów, kodujących enzymy adenylujące zbliżone do nierybosomalnych syntetaz peptydowych (NRPS-like). (publikacja: Koczyk G., Pawłowska J., Muszewska A. 2021)

Zbadano wzorce ekspresji genów głównych biosyntezy laktonów, w odpowiedzi na stresory chemiczne, u workowców. Potwierdzono aktywność genów biosyntezy w izolatach grzybów reprezentujących rodzaje: *Curvularia*, *Fusarium*, *Ilyonectria* i *Talaromyces*; kontynuowane są prace nad przedstawicielami rodzajów: *Diaporthe*, *Leucostoma* i *Pochonia*. Prowadzono również analizy wytworzonych w 2020 zasobów genomowych, poprzez rekonstrukcje filogenezy oraz opis syntenii klastrów biosyntezy, z wykorzystaniem ponad 1000 dostępnych referencyjnych genomów modelowych grzybów wyższych (publikacja w przygotowaniu).

NCN; SONATA 11:

Celem projektu jest wyjaśnienie przemian ewolucyjnych prowadzących do wykształcenia zdolności biologicznego wiązania azotu w obrębie rodziny *Fabaceae*. W roku 2021 kontynuowano analizy transkryptomów 10 niemodelowych gatunków roślin strączkowych wykazujących różną zdolność biologicznego wiązania azotu (*C. mimosoides*, *P. stipulacea*, *F. albida*, *D. cinerea*, *D. velutinus*, *S. obtusifolia*, *C. sturtii*, *G. dioicus*, *C. siliqua*, *A. pechuelii*). Analiza porównawcza 75 genomów i transkryptomów roślinnych pozwoliła na wytypowanie 26 rodzin genowych (6 nadreprezentowanych, 8 o zubożonej reprezentacji, 12 pozbawionych reprezentacji), istotnie różnicujących gatunki zdolne do tworzenia brodawek korzeniowych. Na podstawie uzyskanych wyników i dalszych analiz (kopijności/ekspresji genów) można wnioskować, że selektywna utrata genów była nieodzowną składową umożliwiającą stabilizację zdolności do symbiotycznego wiązania azotu wśród licznych linii zróżnicowanych ewolucyjnie roślin bobowatych (publikacja w przygotowaniu).

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2021 r.

Czepiel, K., **Krajewski, P.**, Wilczura, P., Bielecka, P., Swiecicki, W., Kroc, M. (2021). Expression Profiles of Alkaloid-Related Genes across the Organs of Narrow-Leafed Lupin (*Lupinus angustifolius* L.) and in Response to Anthracnose Infection; International Journal of Molecular Sciences 22 (5): 2676; DOI 10.3390/ijms22052676; MNiSW 140; IF₂₀₂₀ 5,924

Ksiazkiewicz, M., Rychel-Bielska, S., Plewinski, P., **Nuc, M.**, Irzykowski, W., Jedryczka, M., **Krajewski, P.** (2021). The Resistance of Narrow-Leafed Lupin to *Diaporthe toxica* Is Based on the Rapid Activation of Defense Response Genes; International Journal of Molecular Sciences 22 (2): 574; DOI 10.3390/ijms22020574; MNiSW 140; IF₂₀₂₀ 5,924

Sawikowska, A., Piasecka, A., Kachlicki, P., **Krajewski, P.** (2021). Separation of Chromatographic Co-Eluted Compounds by Clustering and by Functional Data Analysis; Metabolites 11 (4): 214; DOI 10.3390/metabo11040214; MNiSW 70; IF₂₀₂₀ 4,932

Tyrka, M., Bakera, B., Szeliga, M., Swiecicka, M., **Krajewski, P.**, **Mokrzycka, M.**, Rakoczy-Trojanowska, M. (2021). Identification of Rf Genes in Hexaploid Wheat (*Triticum aestivum* L.) by RNA-Seq and Paralog Analyses; International Journal of Molecular Sciences 22 (17): 9146; DOI 10.3390/ijms22179146; MNiSW 140; IF₂₀₂₀ 5,924

Tyrka, M., **Mokrzycka, M.**, Bakera, B., Tyrka, D., Szeliga, M., Stojalowski, S., Matysik, P., Rokicki, M., Rakoczy-Trojanowska, M., **Krajewski, P.** (2021). Evaluation of genetic structure in European wheat cultivars and advanced breeding lines using high-density genotyping-by-sequencing approach; BMC Genomics 22 (1): 81; DOI 10.1186/s12864-020-07351-x; MNiSW 140; IF₂₀₂₀ 3,969

Winkelmuller, T.M., Entila, F., Anver, S., Piasecka, A., Song, B.X., Dahms, E., Sakakibara, H., Gan, X.C., Kulak, K., Sawikowska, A., **Krajewski, P.**, Tsiantis, M., Garrido-Oter, R., Fukushima, K., Schulze-Lefert, P., Laurent, S., Bednarek, P., Tsuda, K. (2021). Gene expression evolution in pattern-triggered immunity within *Arabidopsis thaliana* and across Brassicaceae species; *Plant Cell* 33 (6): 1863-1887; DOI 10.1093/plcell/koab073; MNiSW 200; IF₂₀₂₀ 11,277

Koczyk, G., Pawłowska, J., Muszewska, A. (2021). Terpenoid Biosynthesis Dominates among Secondary Metabolite Clusters in Mucoromycotina Genomes. *Journal of fungi* (Basel, Switzerland), 7(4), 285; DOI 10.3390/jof7040285; MNiSW 20, IF₂₀₂₀ 5,816

Brizuela, A. M., Lalak-Kańczugowska, J., **Koczyk, G.**, Stępień, Ł., **Kawalilo, M.**, Palmero, D. (2021). Geographical Origin Does Not Modulate Pathogenicity or Response to Climatic Variables of *Fusarium oxysporum* Associated with Vascular Wilt on *Asparagus*. *Journal of fungi* (Basel, Switzerland), 7(12), 1056. DOI 10.3390/jof7121056; MNiSW 20, IF₂₀₂₀ 5.816

Mieldzioc A, **Mokrzycka M**, Sawikowska A. (2021). Identification of Block-Structured Covariance Matrix on an Example of Metabolomic Data. *Separations* 8(11):205. DOI: <https://doi.org/10.3390/separations8110205>; MNiSW 20 ; IF₂₀₂₀ 2,777

Filipiak K., Klein D., **Mokrzycka M.** (2021). Separable covariance structure identification for doubly multivariate data. In: Filipiak, K., Markiewicz, A., von Rosen, D. (Eds.) *Multivariate, Multilinear and Mixed Linear Models*, Springer. DOI: https://doi.org/10.1007/978-3-030-75494-5_5

Ćwiek-Kupczyńska, H., **Krajewski, P.** (2021). Polish network of research infrastructure for plant phenotyping; *Research Ideas and Outcomes* 7: e73858; DOI 10.3897/rio.7.e73858

ZAKŁAD FENOMIKI ZBÓŻ

Kierownik Zakładu *dr hab. Anetta Kuczyńska, prof. IGR PAN*
 Skład Zakładu *dr inż. Krzysztof Mikołajczak*
dr Piotr Ogródowicz
dr inż. Sławomir Franaszek (do 10.12.2021)
mgr Renata Trzeciak
Alina Anioła
Renata Holewińska
mgr Michał Kempa (doktorant)
mgr Martyna Bodzak (doktorantka, od 1.10.2021)

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MNiSW (komunikat Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 18 grudnia 2019 r.)	2
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	2

Projekty wykonywane w Zakładzie

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zakładzie (także kierownictwo zespołu/pakietu w konsorcjum)		Udział jako wykonawca w projektach innych Zakładów IGR PAN i zewnętrznych w 2021 r.
	2021	2022	
UE			
Inny międzynarodowy	3		
NCN	5	6	1
NCBiR			1
MRiRW	1	1	
Inny			
Ogółem	9	7	2

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2021

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu, kwota finansowania	Kierownik; Wszyscy wykonawcy, osoby spoza IGR	Kontynuacja w 2022 r. TAK/NIE
1.	European Plant Phenotyping Network 2020, 2 nd Call; Horizon 2020 research and	K. Mikołajczak; A. Kuczyńska, P. Ogródowicz, F. Cellini, A. Petrozza (ALSIA-	NIE

	innovation programme under grant agreement No 731013; Drought effects on roots developmental aspects in spring barley population differentiated in the <i>sdw1/denso</i> locus; ID 154; 2018.09.06; 2020.01.21	Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy)	
2.	European Plant Phenotyping Network 2020, 3 rd Call; Horizon 2020 research and innovation programme under grant agreement No 731013; The architecture and development of the roots system in barley plants grown under drought conditions in relation to flowering acceleration; ID 206; 2018.09.06; 2021.04.30	P. Ogrodowicz; A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, J. Doonan, F. Corke, K. Williams (The National Plant Phenomics Center (NPPC), Institute of Biological, Environmental and Rural Sciences at Aberystwyth University, UK)	NIE
3.	European Plant Phenotyping Network 2020, 5 th Call; Horizon 2020 research and innovation programme under grant agreement No 731013; High-throughput phenotyping of barley varieties response to drought for understanding crops adaptation to arid climate; ID 426; 2020.03.12; 2021.10.31	K. Mikołajczak; A. Kuczyńska, P. Ogrodowicz, F. Cellini (ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy), A. Petrozza (ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy)	NIE
4.	NCN; MINIATURA 4; Identyfikacja wysokocząsteczkowych (HMW-GS) i niskocząsteczkowych (LMW-GS) oraz wstępna ocena jakościowa ziarna pszenjęczmienia (<i>Tritordeum</i>); 2020/04/X/NZ9/02217; 2020-12-11; 2021-12-10; 44 105 zł	S. Franaszek	NIE
5.	NCN; OPUS 12; Wyjaśnianie współdziałania hormonów i jego roli w kształtowaniu architektury roślin jęczmienia (<i>Hordeum vulgare</i> L.); 2016/23/B/NZ9/03548; 2017-09-06; 2022-09-05; 1 123 942 zł (udział IGR PAN)	A. Kuczyńska; P. Krajewski, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, H. Ćwiek-Kupczyńska, M. Kempa, N. Witaszak, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak, I. Szarejko, A. Daszkowska-Golec, D. Gruszka (Uniwersytet Śląski, Katowice), M. Pérez-Llorca, S. Munné-Bosch (University of Barcelona, Hiszpania)	TAK

6.	NCN; OPUS 18; Melatonina jako nadrzędny czynnik w kształtowaniu architektury korzenia i adaptacji do suszy przez regulację współdziałania fitohormonów u jęczmienia (<i>Hordeum vulgare</i> L.); 2019/35/B/NZ9/00208; 2020-07-27; 2023-07-26; 1 848 480 zł	A. Kuczyńska; P. Krajewski, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Mokrzycka, M. Kempa, M. Bodzak, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak, E. C. Bergua (Institute For Plant Molecular And Cell Biology, Polytechnic University of Valencia, Hiszpania)	TAK
7.	NCN; SONATA 12; Czynnik transkrypcyjny HvGAMYB w regulacji kwitnienia i jego związek z odpowiedzią fotoperiodyczną w warunkach stresu suszy u jęczmienia jarego (<i>Hordeum vulgare</i> L.); 2016/23/D/NZ9/00042; 2017-08-10; 2022-02-09; 435 150 zł	P. Ogrodowicz; P. Krajewski, A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, M. Kempa, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak, K. Wojciechowicz (UAM, Poznań)	TAK
8.	NCN; SONATA 12; Zmiany ekspresji genów na poziomie całego genomu liścia flagowego jęczmienia pod wpływem stresów abiotycznych działających symultanicznie; 2016/23/D/NZ9/00043; 2017-08-10; 2022-02-09; 621 140 zł	K. Mikołajczak; P. Krajewski, A. Kuczyńska, P. Ogrodowicz, M. Kempa, N. Witaszak, M. Nuc, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak	TAK
9.	MRiRW; Postęp Biologiczny; Badania asocjacyjne oraz molekularne uwarunkowania odporności jęczmienia jarego na stesy środowiskowe; Zad. 14; 2021-2025; 279 600 (rok 2021)	A. Kuczyńska; P. Krajewski, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, S. Franaszek, M. Kempa, M. Bodzak, M. Mokrzycka, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak, F. Cellini, A. Petrozza (ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy)	TAK

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2021

Na podstawie automatycznego fenotypowania (kamery RGB i NIR) zbadano dynamikę rozwoju systemu korzeniowego populacji RIL jęczmienia jarego w okresie wegetacji w warunkach okresowej suszy. Wyznaczono linie o większym potencjale wzrostu korzeni na długość podczas suszy. Zidentyfikowano QTL-e dla biomasy korzeni zarówno o stabilnych (np. QTL związany z SNP 12_10847), jak i zmiennych efektach (np. QTL sprzężony z SNP 11_10129) w warunkach optymalnych i suszy. Projekt EPPN2020 BAIMRoot ID154.

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów.

W ramach dwóch projektów wyłonionych w konkursie międzynarodowym przez **European Plant Phenotyping Network 2020** zakończono badania obejmujące analizy architektury systemu korzeniowego jęczmienia jarego w warunkach zróżnicowanej wilgotności podłoża z zastosowaniem najnowszych technik nieinwazyjnego obrazowania korzeni w czasie rzeczywistym, tzn. przy użyciu systemu kamer o różnej długości fali. Wyselekcjonowane genotypy o intensywnym wzroście korzeni w warstwach powierzchniowych podłoża, jak i genotypy o zwiększonym przyroście korzeni na długość w warunkach deficytu wody mogą stanowić źródło genów w programach hodowlanych ukierunkowanych na opracowanie odmian o wydajnym systemie korzeniowym i tym samym zwiększonej odporności na suszę.

W zakończonym również projekcie **NCN MINIATURA 4** przeprowadzono identyfikację wysokocząsteczkowych (HMW-GS) i niskocząsteczkowych podjednostek gluteninowych (LMW-GS) w ziarniakach pszenjęczmienia oraz dokonano oceny jakościowej ziarna. Badania pozwoliły na wytypowanie pszenjęczmienia charakteryzującego się korzystnym układem HMW-GS i LMW-GS przy jednoczesnych najlepszych cechach technologicznych. Zboże to ma korzystne cechy agronomiczne, wysoką zawartość białka i beta-karotenu, lepsze przyswajanie azotu niż pszenica oraz zwiększoną odporność na stres biotyczny i abiotyczny. Z powyższego względu wyselekcjonowane genotypy stanowią cenny materiał roślinny w kolejnym projekcie, którego celem będzie poznanie genetycznego podłoża odpowiedzi pszenjęczmienia, wykazującego korzystny skład białek zapasowych, na suszę oraz genetycznych uwarunkowań kształtujących ważne cechy agronomiczne w środowisku o ograniczonej wilgotności podłoża.

W badaniach w ramach projektu **NCN OPUS 12** „Wyjaśnianie współdziałania hormonów i jego roli w kształtowaniu architektury roślin jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.)” podjęto analizy związane z półkarłowymi mutantami jęczmienia wykazującymi defekty w sygnalizacji lub biosyntezie brassinosteroidów (BR) mogące służyć jako alternatywa w programach hodowlanych, a także stanowić cenne narzędzie do badania mechanizmu działania tych hormonów w reakcji na warunki stresowe, m.in. suszę. Przeprowadzono doświadczenia, w których ekspresję wybranych genów kandydackich mierzono w roślinach kontrolnych oraz traktowanych egzogennymi hormonami, co pozwoli na określenie możliwości kompensacyjnych różnych szlaków syntezy.

Na podstawie doświadczenia pilotażowego w projekcie **NCN OPUS 18** „Melatonina jako nadrzędny czynnik w kształtowaniu architektury korzenia i adaptacji do suszy przez regulację współdziałania fitohormonów u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.)” dokonano oceny wpływu egzogennej melatoniny (wraz z wyborem odpowiedniego jej stężenia do doświadczenia głównego) na kształtowanie się systemu korzeniowego jęczmienia w warunkach optymalnych oraz suszy. Wpływ MLT na reakcję jęczmienia w różnych warunkach środowiska oceniano zarówno poprzez obserwacje morfologiczne korzeni na różnym etapie ich rozwoju, jak i poprzez analizę ekspresji genów MLT- (*HvCOMT1*) i BRs-zależnych (*HvBRD*, *HvBR11*).

Projekt **NCN SONATA 12** „Zmiany ekspresji genów na poziomie całego genomu liścia flagowego jęczmienia pod wpływem stresów abiotycznych działających symultanicznie” dostarczył informacji dla siedmiu genotypów jęczmienia o zmianach ekspresji genów na poziomie transkryptomu (RNA-Seq) oraz proteomu (LC-MS Q Exactive Orbitrap) indukowanych stresem abiotycznym (susza, wysoka temperatura oraz ich kombinacja).

W projekcie **NCN SONATA 12** „Czynnik transkrypcyjny HvGAMYB w regulacji kwitnienia i jego związek z odpowiedzią fotoperiodyczną w warunkach stresu suszy u jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.)” zbadano wpływ stresu niedoboru wody na rozwój pylników oraz pyłku genotypów jęczmienia wyselekcjonowanych na podstawie zróżnicowania w osiąganiu określonych faz rozwojowych. Układ doświadczalny (przyspieszenie lub opóźnienie dojrzewania roślin za pomocą biostymulantów) pozwolił na analizę ekspresji genu *HvGAMYB* w kontekście zaburzeń rozwojowych obserwowanych w warunkach stresów środowiskowych.

Celem projektu **MRiRW** (zadanie 14) jest ocena reakcji form jęczmienia jarego, będącego w kolekcji polskich firm hodowlanych, na stres niedoboru wody w połączeniu z badaniami podatności jęczmienia na fuzariozę kłosów, powodowaną przez grzyby z rodzaju *Fusarium* oraz na plamistość siatkową jęczmienia wywołowaną przez *Pyrenophora teres*. W pierwszym roku trwania projektu przeprowadzono: i) charakterystykę badanych genotypów w doświadczeniu polowym z zastosowaniem inokulacji zarodnikami grzybów (I rok doświadczeń; doświadczenia w warunkach polowych powtórzone zostaną w kolejnych dwóch latach), ii) ultraprzepustowe genotypowanie SNP oraz iii) standaryzację doświadczenia i optymalizację warunków wysokoprzepustowego fenotypowania automatycznego.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2021 r.

Franaszek, S., Salmanowicz, B. (2021). Composition of low-molecular-weight glutenin subunits in common wheat (*Triticum aestivum* L.) and their effects on the rheological properties of dough; *Open Life Sciences* 16 (1): 641-652; DOI 10.1515/biol-2021-0059; MNiSW 40; IF₂₀₂₀ 0,938

Ogrodowicz, P., Mikołajczak, M., Kuczyńska, A., Kaczmarek, Z., Ćwiek-Kupczyńska, H., Surma, M., Adamski, T., Święcicki, W.K., Barzyk, P., **Trzeciak, R., Kempa, M.** (2021). *In vitro* culture of white lupin embryos as a stage for SSD technique; *Polish Journal of Agronomy* 44: 9-14; DOI 10.26114/pja.iung.432.2021.44.02; MNiSW 20

ZAKŁAD BIOTECHNOLOGII ROŚLIN

Kierownik Zakładu *prof. dr hab. Tomasz Pniewski*
 Skład Zakładu *dr hab. Katarzyna Głowacka*
 dr inż. Joanna Ceraży-Waliszewska
 dr Karolina Sobańska
 dr Benita Ortega Berlanga (od 15.09.2021)
 mgr Hanna Pudelska
 Katarzyna Beczek
 mgr inż. Martyna Przewoźnik (doktorantka, od 11.01.2021)

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MNiSW (komunikat Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 18 grudnia 2019 r.)	1
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	1

Projekty wykonywane w Zakładzie

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zakładzie (także kierownictwo zespołu/pakietu w konsorcjum)		Udział jako wykonawca w projektach innych Zakładów IGR PAN i zewnętrznych w 2021 r.
	2021	2022	
UE			
Inny międzynarodowy			
NCN	5	5	
NCBiR			
MRiRW			
Inny			
Ogółem	5	5	

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2021

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu, kwota finansowania	Kierownik; Wszyscy wykonawcy, osoby spoza IGR	Kontynuacja w 2022 r. TAK/NIE
1	NCN, POLS, „Immunogenność otrzymywanych w roślinach chimericznych cząstek wirusopodobnych formowanych przez HBcAg prezentujący epitopy HBsAg do potencjalnej terapii	B. Ortega Berlanga; T. Pniewski	TAK

	chronicznego zapalenia wątroby typu B”, UMO-2020/37/K/NZ7/02387. 2021-09-15; 2023-09-14; 877 125 zł		
2	NCN, OPUS 19, „Odpowiedź immunologiczna po iniekcyjno-doustnej ko-immunizacji antygenami HBV pochodzenia roślinnego polaryzującymi odpowiedź w kierunku Th1 lub Th2, w kontekście potencjalnej terapii chronicznego wzwb”, UMO-2020/37/B/NZ6/02334; 2021-02-22; 2025-02-21; 793 800 zł (udział IGR PAN)	Kierownik konsorcjum: T. Pniewski H. Pudelska, A. Wesołowska (IP PAN, Warszawa), M. Kęsik-Brodacka (NIL)	TAK
3	NCN, OPUS 18, „Wpływ płci żywiciela na odpowiedź immunologiczną i protekcję po doustnej immunizacji proteazą cysteinową <i>Fasciola hepatica</i> i zarażeniu tym pasożytem” UMO-2019/35/B/NZ6/04002; 2020-09-10; 2024-09-09; 613 200 (udział IGR PAN)	Kierownik konsorcjum: M. Kęsik-Brodacka (NIL, Warszawa); A. Wesołowska (IP PAN, Warszawa); Kierownik pakietu w IGR PAN: T. Pniewski H. Pudelska, M. Przewoźnik	TAK
4	NCN, PRELUDIUM 15, „Wpływ zmian w profilu ekspresji genów kodujących białka CesA, PAL i WAK podczas stresu chłodu na skład i strukturę ściany komórkowej <i>Miscanthus sinensis</i> ”, UMO-2018/29/N/NZ9/00854; 2019-01-02; 2023-01-02; 140 000 zł	K. Sobańska J. Ceraży-Waliszewska, T. Pniewski, A. Basińska-Barczak, D. Kruska, K. Głowacka (konsultant)	TAK
5	NCN, MINIATURA 3, „Ocena wzrostu i fotosyntezy dwóch rodzajów sadzonek wybranych ekotypów <i>Miscanthus</i> × <i>giganteus</i> w warunkach stresu zanieczyszczenia gleby arsenem”, 019/03/X/NZ9/00064; 2019-11-07; 2021-03-06; 50 000 zł	J. Ceraży-Waliszewska	NIE (Badania kontynuowane w projekcie OPUS 21)

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2021

Wykazano, że miskant w znacznym stopniu toleruje zanieczyszczenie gleby arsenem (As), co potwierdza możliwość jednoczesnej fitoremediacji i produkcji biomasy użytkowej. Największy efekt na wzrost i fizjologię wywiera As(III), następnie As(V) i dimetyloarsen (DMA). Niezależnie od formy wyjściowej, As w miskancie ulega przemianie do DMA

i innych form organicznych. Uzyskane wyniki stanowią podstawę szczegółowych badań nad przemianami form As i wpływem tego metaloidu na procesy życiowe miskanta.

Badania prowadzone w ramach projektu NCN MINIATURA 3, Nr 2019/03/X/NZ9/00064, „Ocena wzrostu i fotosyntezy dwóch rodzajów sadzonek wybranych ekotypów *Miscanthus × giganteus* w warunkach stresu zanieczyszczenia gleby arsenem”

Publikacja złożona do Ind. Crop Prod. na podstawie ww. wyników (w recenzji): „The effect of uptake of various arsenic species on selected elements accumulation, physiological processes, yield traits and bioethanol production in *Miscanthus × giganteus* genotypes”.

Projekt przyznany na podstawie ww. wyników: NCN OPUS 21, Nr 2021/41/B/NZ9/04123, „Molekularne i fizjologiczne mechanizmy sezonowego transportu i fitoekstrakcji różnych form arsenu u traw wieloletnich na przykładzie miskanta olbrzymiego (*Miscanthus × giganteus*)”.

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów.

Prace badawcze Zakładu Biotechnologii Roślin prowadzone są w dziedzinie biopharmingu – wytwarzania biofarmaceutyków w roślinnych systemach ekspresyjnych (projekty OPUS 18, OPUS 19 i POLS) oraz poznania biologicznych podstaw wykorzystania miskanta dla potrzeb produkcji biomasy użytkowej oraz fitoremediacji (PRELUDIUM 15 i MINIATURA 3).

NCN, OPUS 18, „Wpływ płci żywiciela na odpowiedź immunologiczną i protekcję po doustnej immunizacji proteazą cysteinową *Fasciola hepatica* i zarażeniu tym pasożytem” UMO-2019/35/B/NZ6/04002. Celem projektu jest uzyskanie cząstek wirusopodobnych (Virus-Like Particles, VLPs), złożonych z HBcAg prezentującego immunodominującą domenę proteiny cysteinowej (CPFhW) *F. hepatica* jako potencjalnej szczepionki. Chimeryczne VLPs będą otrzymane metodą ekspresji przejściowej w *Nicotiana benthamiana* oraz w transgenicznych i transplastomicznych roślinach sałaty (*Lactuca sativa*) jako komponenty szczepionki, odpowiednio iniekcyjny i doustny, do późniejszej immunizacji zwierząt i określenia typu odpowiedzi immunologicznej. W roku 2021 zaprojektowano optymalizowaną (codon usage) sekwencję nośnikowego białka – antygen rdzeniowego HBV (HBcAg) umożliwiającą w zależności od potrzeb, tworzenie VLPs monoepitopowych HBcAg-CPFhW lub mozaikowych z heterodimeru HBcAg-CPFhW/HBcAg, z usuwalną sekwencją TLM (translocation motif, wg literatury ułatwiająca VLPs wnikanie do limfocytów), razem umożliwiające modułową konstrukcję poszczególnych wariantów wektorów. Wektory skonstruowane przez zespół dr hab. M. Kęsik-Brodackiej (NIL), lidera projektu, wprowadzono do komórek *Agrobacterium tumefaciens*. Wykonano transformację sałaty za pomocą *A. tumefaciens* i obecnie prowadzone są kolejne etapy procedury zmierzające do regeneracji roślin transgenicznych. Rozpoczęto także przygotowania do przeprowadzenia I serii ekspresji przejściowej. W kolejnych pracach zaprojektowano wektory do transformacji chloroplastów, które obecnie są w fazie konstrukcji.

NCN, OPUS 19, „Odpowiedź immunologiczna po iniekcyjno-doustnej ko-immunizacji antygenami HBV pochodzenia roślinnego polaryzującymi odpowiedź w kierunku Th1 lub Th2, w kontekście potencjalnej terapii chronicznego wzwb”, UMO-2020/37/B/NZ6/02334. Celem projektu jest uzyskanie VLPs złożonych z HBcAg i S-HBsAg metodą ekspresji przejściowej oraz w roślinach transgenicznych i transplastomicznych jako dwuantygenowych komponentów szczepionki, odpowiednio iniekcyjnego i doustnego, do późniejszej immunizacji zwierząt i określenia typu odpowiedzi immunologicznej. Zaprojektowano wektory do ekspresji HBcAg i S-HBsAg w transgenicznych roślinach

sałaty i ekspresji przejściowej, które przekazano do konstrukcji zespołowi dr hab. M. Kęsik-Brodackiej (NIL) – konsorcjantowi projektu.

NCN, POLS, „Immunogenność otrzymanywanych w roślinach chimerycznych cząstek wirusopodobnych formowanych przez HBcAg prezentujący epitopy HBsAg do potencjalnej terapii chronicznego zapalenia wątroby typu B”, UMO-2020/37/K/NZ7/02387. Celem projektu jest otrzymanie metodą ekspresji przejściowej panelu monoepitopowych i mozaikowych chimerycznych VLPs złożonych z HBcAg i prezentujących epitopy antygenów powierzchniowych HBsAg dla potrzeb określenia typu wywoływanej odpowiedzi immunologicznej jako potencjalnie alternatywnej metody terapii chronicznej postaci wzv B. W roku 2021 zaprojektowano kluczowe elementy optymalizowanych (codon usage) sekwencji poszczególnych białek, tj. nośnikowy HBcAg z usuwalną sekwencją TLM oraz poszczególne epitopy: ‘a’ z antygeny S-HBsAg (aS) oraz fragmenty preS2 i preS1 (odpowiednio ΔpreS2 i ΔpreS1 z M- i L-HBsAg) umożliwiające modułową konstrukcję serii 16 wektorów. Po zsyntetyzowaniu odpowiednich fragmentów, przystąpiono do bezpośredniej konstrukcji wektorów.

NCN, PRELUDIUM 15, „Wpływ zmian w profilu ekspresji genów kodujących białka Cesa, PAL i WAK podczas stresu chłodu na skład i strukturę ściany komórkowej *Miscanthus sinensis*”, UMO-2018/29/N/NZ9/00854. Celem projektu jest identyfikacja podstawowych procesów na poziomie ekspresji genów, biochemicznym, fizjologicznym i anatomicznym u *M. sinensis*, ze szczególnym uwzględnieniem zmian w ścianie komórkowej, w odpowiedzi na stres chłodu. W roku 2021 dokonano integracji wyników uzyskanych w trakcie tzw. I doświadczenia projektu, którego celem była selekcja genotypów *M. sinensis*, jak również określenie ich strategii tolerancji na chłód. Kontynuowano analizy metabolomu oraz identyfikację zmian w ścianie komórkowej i anatomii łodyg i liści miskanta z wykorzystaniem technik immunocytochemicznych.

NCN, MINIATURA 3, „Ocena wzrostu i fotosyntezy dwóch rodzajów sadzonek wybranych ekotypów *Miscanthus × giganteus* w warunkach stresu zanieczyszczenia gleby arsenem”, 2019/03/X/NZ9/00064. W roku 2021 zakończono badania i dokonano integracji wyników. Na tej podstawie przygotowano publikację złożoną w Ind. Crop Prod. oraz przygotowano projekt OPUS 21, przyznany w listopadzie 2021.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2021 r.

Sahay, S., Robledo-Arratia, L., **Głowacka**, K., Gupta, M. (2021). Root NRT, NiR, AMT, GS, GOGAT and GDH expression levels reveal NO and ABA mediated drought tolerance in *Brassica juncea* L.; Scientific Reports 11: 7992; doi.org/10.1038/s41598-021-86401-0; MNiSW 140; IF₂₀₂₀ 4,379

ZAKŁAD GENETYKI PATOGENÓW i ODPORNOŚCI ROŚLIN

Kierownik Zakładu *prof. dr hab. Małgorzata Jędrzycka*
 Skład Zakładu *dr Joanna Kaczmarek*
 mgr inż. Witold Irzykowski
 mgr inż. Noor Ramzi (doktorantka, do 1.07.2021)
 Magdalena Wlaszczyk

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MNiSW (komunikat Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 18 grudnia 2019 r.)	6
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	8
Ogółem	14

Projekty wykonywane w Zakładzie

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zakładzie (także kierownictwo zespołu/pakietu w konsorcjum)		Udział jako wykonawca w projektach innych Zakładów IGR PAN i zewnętrznych w 2021 r.
	2021	2022	
UE			
Inny międzynarodowy			
NCN			
NCBiR			
MRiRW	2	2	1
Inny	2	1	
Ogółem	4	3	1

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2021

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu, kwota finansowania	Kierownik; Wszyscy wykonawcy, osoby spoza IGR	Kontynuacja w 2022 r. TAK/NIE
1	MRiRW; Postęp Biologiczny; Identyfikacja genów związanych z odpornością grochu na askochytozę i jej wpływ na sprawność fotosyntetyczną roślin; Zad. badawcze 21; 2021-2025; Etap 1: 2021-01-01; 2021-12-31; 184 800 zł (rok 2021)	M. Jędrzycka; M. Gawłowska, J. Kaczmarek, W. Irzykowski, M. Wlaszczyk, K. Beczek, M. Kaszuba (SDB Tomaszkowo), W. Pietruczanis (PHR	TAK

		Wiatrowo)	
2	MRiRW; Postęp Biologiczny; Odporność roślin rzepaku na choroby powodowane przez grzyby i pierwotniaki; Zad. badawcze 25; 2021-2026; Etap 1: 2021-01-01; 2021-12-31; 300 000 zł (rok 2021)	M. Jędrzycka: J. Kaczmarek, W. Irzykowski, M. Wlaszczyk, M. Frąc (IA PAN Lublin), P. Strzeliński (UP Poznań)	TAK
3	ARiMR, PROW „Współpraca” Umowa 00044.DDD.650900.114.2019.02; „Innowacyjne wykorzystanie fitosanitarne i nawozowe nowej generacji odmian rzodkwi oleistej w integrowanej uprawie roślin; innowacyjne działania marketingowe” 2021-2022; 2021-06-05; 2022-12-31; 443.727,79 zł	M. Jędrzycka: J. Kaczmarek, W. Irzykowski, M. Wlaszczyk	TAK
4	Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich: Badania naukowe nad możliwościami uprawy konopi oleistych i włóknistych na glebach lekkich, ubogich w składniki mineralne i o niskim pH; umowa nr IWNiRZ-IGR PAN 2020/2021; 2020-04-06; 2021-06-30; 15 000 zł	M. Jędrzycka: K. Wielgus (IWNiRZ, Poznań), B. Borowiak-Sobkowiak (UP Poznań), R. Durak (UR Rzeszów)	NIE

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2021

Przy pomocy metod aerobiologicznych (pułapka Burkarda i pułapki pasywne) ustalono zakres rozprzestrzeniania się ziaren pyłku transgenicznej linii pszenżyta z genem *uidA* kodującym β -glukuronidazę. W dwuletnim doświadczeniu polowym prowadzonym w IHAR-PIB Radzików wykazano, że bezpieczny zakres koegzystencji zróżnicowanych upraw (tradycyjne, GMO, ekologiczne) wynosi ok. 100 m, co stanowi konkretne zalecenie do ich przestrzennej separacji.

Zimny J., Sowa S., Otręba P., Kozdój J., Zimny A., **Kaczmarek J.**, Oleszczuk S., Czaplicki A., **Jędrzycka M.** (2021). Pollen flow of winter triticale (\times *Triticosecale* Wittmack) investigated with transgenic line expressing β -Glucuronidase gene. *Agronomy* 11(3):431. DOI 10.3390/agronomy11030431, MNiSW 100, IF₂₀₂₀ 3.417

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów.

MRiRW; Postęp Biologiczny; Identyfikacja genów związanych z odpornością grochu na askochytozę i jej wpływ na sprawność fotosyntetyczną roślin. Zad. bad. 21 na lata 2021-2025.

Celem badań jest zidentyfikowanie genów o zróżnicowanej ekspresji związanych z odpornością grochu na askochytozę, wywoływaną przez grzyb *Peyronella pinodes* i zaprojektowanie markerów związanych z tą cechą. W 2021 r. zebrano porażone rośliny grochu i zidentyfikowano grzyby występujące w plamach nekrotycznych. Kompleks grzybów wywołujących askochytozę stanowił 12% izolatów i obejmował gatunki *P. pinodes*, *Didymella pisi* oraz nieopisywany i niebadany dotąd w Polsce gatunek

D. pomorum. W doświadczeniach inokulacyjnych wykonanych w warunkach kontrolowanych oraz w dwóch testach polowych (Poznań, Olsztyn) oznaczono podatność 20 odmian grochu. U roślin porażonych stwierdzono niższą wartość parametrów sprawności fotosyntezy. Zebrano 2880 prób i we współpracy z Zakładem Genomiki Roślin Strączkowych ustalono optymalne warunki reakcji qPCR dla czterech genów referencyjnych. Ponadto, stosując metodę SSD uzupełniono liczbę linii w dwóch populacjach mapujących grochu.

MRiRW; Postęp Biologiczny; Odporność roślin rzepaku na choroby powodowane przez grzyby i pierwotniaki; Zad. bad. 25 na lata 2021-2026.

Celem badań jest identyfikacja i charakterystyka aktualnie występujących w Polsce populacji grzybów chorobotwórczych wobec rzepaku i wskazanie form hodowlanych o najwyższej odporności. W 2021 r. oznaczono patotypy *Plasmodiophora brassicae* (kiła kapusty) występujące w Polsce, stosując cztery systemy identyfikacji. Oznaczenia w systemie CCD wykazały, że wszystkie badane izolaty (n=8) były nowe dla nauki, co oznacza, iż populacja tego patogena w Polsce zasadniczo różni się od występującej w Kanadzie. Określono sekwencje 18S-ITS1-ITS2 izolatów *P. brassicae* i wykazano różnice (indel, substytucje, powtórzenia); wśród 11 badanych izolatów stwierdzono 4 wzory sekwencji tego fragmentu. Z roślin rzepaku z objawami suchej zgnilizny kapustnych wyizolowano grzyby z rodzaju *Plenodomus* i oznaczono proporcje między gatunkami *P. lingam* i *P. biglobosus*. Wysokopienne linie rzepaku w typie 'canola' pochodzące z IHAR-PIB (192) oraz z dwóch polskich firm hodowlanych (90) scharakteryzowano pod względem podatności na kiłę kapusty a u linii z firm hodowlanych oznaczono także podatność na suchą zgniliznę kapustnych i werticiliozę. Porównano fenotyp zdrowych roślin dwóch odmian rzepaku oraz roślin porażonych grzybem *Sclerotinia sclerotiorum* (26 cech) i stwierdzono różnice statystyczne dla 16 cech, w tym 9 wspólnych dla obu odmian.

IWNiRZ; Badania naukowe nad możliwością uprawy konopi oleistych i włóknistych na glebach lekkich, ubogich w składniki mineralne i o niskim pH.

W związku z nieoczekiwanym licznym żerowaniem mszyc konopnych *Phorodon cannabis* na roślinach odmiany Henola zbadano wpływ temperatury oraz selektywnego graminicydu zawierającego chizalofop-P-tefurylowy (HRAC grupa 1), zastosowanego w doświadczeniu oraz powszechnie używanego przez rolników uprawiających konopie, na biologię tych owadów. Największy potencjał reprodukcyjny odnotowano w zakresie temperatur od 20°C do 25°C, mszyce żyły około 25 dni, podczas których rozmnażały się przez 15 dni, rodząc od 55 do 112 nimf na samicę. W temperaturze 28°C przeżywalność mszyc i potencjał reprodukcyjny były znacznie niższe. Wykazano podwyższony poziom enzymów stresu w ciele mszyc (SOD, CAT, β -glukozydaza, GST, PPO, POD). Traktowanie roślin herbicydem powodowało łagodny stres prowadzący do silniejszego rozmnażania mszyc (hormeza) i zmiany miejsca żerowania z wierzchołkowej do dolnej części roślin. Wyniki wskazują na statystycznie istotne oddziaływanie pestycydów na organizmy niedocelowe. Publikacja Durak i in. (2021), tamże podano partnerów współpracy.

Udział w projekcie **Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie** nr ZIB/27/S/2021/ ZIR.

Celem badań była analiza celowości wprowadzania pasiek do przestrzeni miejskiej w aspekcie jakości produktów pszczelich. Elementem badań była również analiza obecności ziaren pyłku w obnóżach pszczelich oraz w miodzie (melisopalinologia). Badania zmierzały do oznaczenia metali ciężkich w środowisku, źródłach pokarmu dla pszczół, ich ciele oraz produktach. W IGR wykonano doświadczenia terenowe i pobrano wszystkie próby z lokalizacji w Poznaniu (gleba, części roślin stanowiących pożytek dla pszczół, ziarna

pyłku z obnóży, nektar a także – we współpracy z pszczelarzem – pozyskano ciała pszczoł z podziałem na głowę, tułów, odwłok i kał oraz produkty pszczele: miód i pierzęę). Stwierdzono, że dominującym pożytkiem dla pszczoł w czasie prowadzonych badań były rośliny nawłoci (*Solidago gigantea*). Wykazano także obecność ziaren pyłku roślin rodzaju *Artemisia*, *Achillea*, *Calluna*, *Helianthus*, *Taraxacum*, *Trifolium* oraz rodzin *Brassicaceae* i *Chenopodiaceae*. Badania pozostałości 13. pierwiastków, wykonane w IA PAN wykazały, że pszczoły mają zdolność usuwania wielu metali ciężkich z nektaru podczas przekształcania go w miód. W porównaniu z nektarem miód pobrany z dwóch lokalizacji (Poznań i Lublin) zawierał 40× mniej Fe, 26× mniej Zn, 8× mniej Cu i Cd oraz 4× mniej Pb. Wszystkie analizowane pierwiastki były obecne w formie biokompleksów. Pierwiastki przenoszone w przewodzie pokarmowym ulegały rozkładowi lub częściowemu unieruchomieniu w ciele tłuszczowym pszczoł, a pozostałości były wydalane z kałem. Badania wykazały, że miód nie jest dobrym wskaźnikiem zanieczyszczenia środowiska. Publikacja Borsuk i in. (2021), tamże podano partnerów współpracy.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2021 r.

Borsuk G., Sulborska A., Stawiarz E., Olszewski K., Wiącek D., **Ramzi N.**, Nawrocka A., **Jędrzycka M.** (2021). Capacity of honeybees to remove heavy metals from nectar and excrete the contaminants from their bodies. *Apidologie* 52:1098-1111. DOI 10.1007/s13592-021-00890-6; MNiSW 140, IF₂₀₂₀ 2,318

Brachaczek A., **Kaczmarek J.**, **Jędrzycka M.** (2021). Warm and Wet Autumns Favour Yield Losses of Oilseed Rape Caused by Phoma Stem Canker. *Agronomy* 11(6):1171. DOI 10.3390/agronomy11061171; MNiSW 100, IF₂₀₂₀ 3,336

Durak R., **Jędrzycka M.**, Czajka B., Dampc J., Wielgusz K., Borowiak-Sobkowiak B. (2021). Mild Abiotic Stress Affects Development and Stimulates Hormesis of Hemp Aphid *Phorodon cannabis*. *Insects* 12(5):420. DOI 10.3390/insects12050420; MNiSW 100, IF₂₀₂₀ 2,769

Książkiewicz M, Rychel-Bielska S., Plewiński P., Nuc M., **Irzykowski W.**, **Jędrzycka M.**, Krajewski P. (2021). Resistance of narrow-leafed lupin to *Diaporthe toxica* is based on rapid activation of defense response genes. *International Journal of Molecular Sciences* 22(2):574 DOI 10.3390/ijms22020574, MNiSW 140; IF₂₀₂₀ 5,924

Marzec-Schmidt K., Börjesson T., Suproniene S., **Jędrzycka M.**, Janaviciene S., Goral T., Karlsson I., Kochiiery Y., Ochodzki P., Mankeviciene A., Piikki K. (2021). Modelling the effects of weather conditions on cereal grain contamination with deoxynivalenol in the Baltic Sea region. *Toxins* 13(11):737. DOI 10.3390/toxins13110737; MNiSW 100, IF₂₀₂₀ 4,546

Zimny J., Sowa S., Otręba P., Kozdój J., Zimny A., **Kaczmarek J.**, Oleszczuk S., Czaplicki A., **Jędrzycka M.** (2021). Pollen Flow of Winter Triticale (*× Triticosecale* Wittmack) Investigated with Transgenic Line Expressing β -*Glucuronidase* Gene. *Agronomy* 11(3):431. DOI 10.3390/agronomy11030431; MNiSW 100, IF₂₀₂₀ 3,336

Jędrzycka M., Kaczmarek J. (2021). SPEC od choroby. Ochrona rzepaku przed suchą zgnilizną kapustnych. *Przedsiębiorca Rolny* 4(21):65-67.

Jędrzycka M., Kaczmarek J. (2021) SPEC w praktyce. *Nowoczesna Uprawa* 5: 43-45.

Jędrzycka M., Kaczmarek J., (2021). Odpornością walczymy z kiłą kapusty. *Nowoczesna Uprawa* 6 (176): 34-37.

Jędrzycka M., Kaczmarek J. (2021). Kiła kapusty na rzepaku. Najlepszym orężem w walce są odmiany odporne. *Przedsiębiorca Rolny* 5 (22)

Kaczmarek J., Jędrzycka M. (2021). Odmiany z odpornością. *Nowoczesna Uprawa* 7: 35-36.

Beresniewicz-Kopcinski M., **Jędrzycka M.** (2021) Europejski Zielony Ład promuje środki biologiczne: Czy będą przyszłością rolnictwa? *Przedsiębiorca Rolny* 9 (81): 80-81.

Beresniewicz-Kopcinski M., **Jędrzycka M.** (2021). Czy środki biologiczne zastąpią chemię? *Przedsiębiorca Rolny* 10 (82): 77-79.

Beresniewicz-Kopcinski M., **Jędrzycka M.** (2021). Biostymulatory w rolnictwie. Perspektywy są ogromne. *Przedsiębiorca Rolny* 11 (83): 74-76

ZAKŁAD INTERAKCJI ROŚLINA-PATOGEN

Kierownik Zespołu *prof. dr hab. Łukasz Stępień*
 Skład Zespołu *dr Justyna Lalak-Kańczugowska (do 30.11.21)*
 dr Monika Urbaniak
 mgr Lakshmipriya Perincherry (doktorantka)
 mgr Natalia Witaszak (doktorantka, do 30.06.2021)

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MNiSW (komunikat Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 18 grudnia 2019 r.)	7
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	7

Projekty wykonywane w Zakładzie

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zakładzie (także kierownictwo zespołu/pakietu w konsorcjum)		Udział jako wykonawca w projektach innych Zakładów IGR PAN i zewnętrznych w 2021 r.
	2021	2022	
UE			
Inny międzynarodowy			
NCN	2	1	7
NCBiR			
MRiRW			
Inny			
Ogółem	2	1	7

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2021

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu, kwota finansowania	Kierownik; Wszyscy wykonawcy, osoby spoza IGR	Kontynuacja w 2022 r. TAK/NIE
1	NCN; OPUS 13; Role enzymów litycznych i mykotoksyn wytwarzanych przez grzyby <i>Fusarium</i> w procesie patogenezы, oraz metabolitów odpowiedzialnych za odpowiedź obronną roślin; 2017/25/B/NZ9/01210; 2018-02-09; 2022-02-08; 728 650 zł	Ł. Stępień; L. Perrincherry, J. Lalak-Kańczugowska, N. Witaszak, I. Pawłowicz, A. Wańkiewicz (UP Poznań)	TAK
2	NCN; PRELUDIUM 13; Zmienność	M. Urbaniak	NIE

	<p>potencjału biosyntezy depsipeptydów pod wpływem czynników regulacyjnych wśród przedstawicieli fito- i entomopatogenów u <i>Hypocreales</i>; 2017/25/N/NZ9/02525; 2018-02-21-2021-02-20; 119 808 zł</p>		
--	---	--	--

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2021

Wykazano, że identyfikacja gatunkowa grzybów patogenicznych jest często niewystarczająca do określenia stopnia patogeniczności, a więc zagrożenia upraw naturalnie występującymi populacjami patogenów. Zaproponowano metody pozwalające na rozróżnienie genotypów wewnątrz gatunków różnych grup grzybów (Manawasinghe i in. 2021, Fungal Diversity 109: 267-282; IF₂₀₂₀ 20,372).

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów.

W ramach projektu **OPUS 13** zaplanowano dwa doświadczenia. W pierwszym analizowano związek pomiędzy aktywnością wybranych grup enzymów litycznych, wytwarzanych przez dwa patogeniczne gatunki *Fusarium*: *F. oxysporum* i *F. proliferatum*, a aktywnością transkrypcyjną podstawowych genów kodujących te enzymy w kontekście infekcji dwóch odmian grochu siewnego (Santana i Sokolik), różniących się podatnością na infekcję przez grzyby. Rośliny były infekowane zawiesiną zarodników dwóch szczepów *F. oxysporum* i dwóch *F. proliferatum*, po czym rosły w doniczkach przez 4-5 tygodni. Pędy zostały zebrane w całości, poddane homogenizacji w ciekłym azocie, a następnie poddane wirowaniu (6.000 rpm przez 15 minut). Wyniki tych prac zostały już opublikowane (Perincherry i in. 2021a, publikacja nr 4 na liście).

Drugie doświadczenie było oparte na otrzymanych wcześniej wynikach analiz metabolomicznych ekstraktów dwóch odmian grochu (Sokolik i Santana). Wytypowano grupę metabolitów wtórnych, które różniły się stężeniami pomiędzy badanymi odmianami grochu. Założono doświadczenie *in vitro* z użyciem wszystkich czterech badanych szczepów *Fusarium*, w którym do kultur na podłożu dodawano czyste wzorce tych metabolitów (głównie związki flawonoidowe, saponiny i kwasy fenolowe), początkowo w trzech stężeniach, z których następnie wybierano najbardziej efektywne w hamowaniu/stymulacji wzrostu patogenu. Badano także wpływ metabolitów na biosyntezę mykotoksyn przez badane patogeny, za pomocą ilościowych technik chromatograficznych. Wyniki weszły w skład rozprawy doktorskiej mgr Lakshmi Priya Perincherry (obrona 20.12.2021) i zostały już opublikowane (Perincherry i in. 2021c, publikacja nr 5 na liście).

W ramach projektu **OPUS 17** (współpraca z Instytutem Biotechnologii Przemysłu Rolniczego i Spożywczego, Państwowy Instytut Badawczy w Warszawie, dr hab. Marcin Bryła, mgr Marta Modrzewska) na podstawie wcześniej przeprowadzonych badań wytypowano cztery szczepy *Trichoderma*, które okazały się antagonistyczne w stosunku do patogenicznych izolatów *Fusarium*, a jednocześnie wykazują zdolność do biotransformacji syntetyzowanych przez grzyby *Fusarium* toksyn. Założono hodowle na sterylnym podłożu płynnym (Czapek-Dox), do których dodawano roztwory czystych standardów mykotoksyn w dwóch stężeniach (5 i 25 mg/kg) w trzech powtórzeniach biologicznych przez trzy dni w ciemności przy +22°C. Próby zbierano w odstępach 1 h, 2 h, 4 h, 6 h, 12 h, 24 h, 48 h i 72 h. Ilościowa analiza mykotoksyn (deoksyniwalenol, niwalenol,

zearalenon i toksyna T-2) zostanie przeprowadzona metodą UPLC-MS i określony zostanie stopień rokładu tych metabolitów przez antagonistyczne szczepy *Trichoderma*. Wyniki będą przygotowywane do publikacji w ciągu bieżącego roku.

W ramach **współpracy z Uniwersytetem Warmińsko-Mazurskim w Olsztynie** (mgr Kamila Kulesza) przeprowadzono analizy sekwencji genów LSU oraz regionów ITS drożdży wyizolowanych ze śledzi. Analizy wykazały, że wyizolowane ze śledzi drożdże należą do kilku gatunków, które występują z różną częstością w zależności od płci oraz miejsca poboru prób. Wykazano również, że izolowane drożdże należą nie tylko do grupy potencjalnych patogenów śledzi, ale mogą być ich naturalną mykobiotą. Z otrzymanych wyników planowane są dwie publikacje.

W ramach **współpracy z Uniwersytetem Adama Mickiewicza w Poznaniu** (dr hab. Błażej Gierczyk) przeprowadzono analizy sekwencji regionów ITS grzybów należących do rodzaju *Tulostoma*. Zidentyfikowano pięć różnych gatunków: *T. fimbriatum*, *T. brumale*, *T. kotlabae*, *T. simulans* oraz *T. winterhoffii*. Otrzymane wyniki zostaną wykorzystane w planowanej publikacji naukowej.

W ramach **współpracy z Uniwersytetem Przyrodniczym w Poznaniu** (Katedra Agronomii, dr hab. Leszek Majchrzak, mgr Piotr Pańczak) zebrano kłosa z dwóch doświadczeń polowych pszenicy zwyczajnej (ozimej i jarej) różniących się stosowaną agrotechniką oraz przedplonem. Kłosa zbierano w stadium dojrzałości mleczej, gdy objawy porażenia fuzariozą kłosów były już wyraźnie widoczne. Wyizolowano i oczyszczono izolaty patogenicznych grzybów *Fusarium* zasiedlających kłosa pszenicy (ok. 200 izolatów). Identyfikacja gatunkowa tych izolatów jest obecnie w toku, podobnie jak analizy zawartości mykotoksyn w zebranych ziarnie. Otrzymane wyniki posłużą do przygotowania publikacji.

W ramach **współpracy z Uniwersytetem Przyrodniczym w Poznaniu** (prof. dr hab. Agnieszka Waśkiewicz, mgr Pascaline Uwineza) przeprowadzono eksperyment mający na celu zbadanie wpływu różnych ekstraktów z melisy na wzrost patogenicznych grzybów *Fusarium* i biosyntezy przez nie mykotoksyn. Wyniki posłużyły do przygotowania publikacji.

We **współpracy z prof. Danielem Palmero** (Politechnika w Madrycie), wykorzystując wyniki uzyskane w latach poprzednich, a także wykonane analizy filogenetyczne, przeanalizowano różnice w patogeniczności izolatów *Fusarium oxysporum* pochodzących z różnych populacji (południowo- i północnoeuropejskiej). Wyniki zostały już opublikowane (Brizuela i in. 2021, publikacja nr 7 na liście).

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2021 r.

Manawasinghe, IS., Phillips, AJL., Xu, J., Balasuriya, A., Hyde, KD., **Stępień, Ł.**, Harishchandra, DL., Karunarathna, A., Yan, J., Weerasinghe, J., Mei, L., Dong, Z., Cheewangkoon, R. (2021). Defining a species in plant pathology: beyond the species level. *Fungal Diversity* 109: 267-282; DOI: 10.1007/s13225-021-00481-x; MNiSW 200; IF₂₀₂₀ 20,372

Perincherry, L., Urbaniak, M., Pawłowicz, I., Kotowska, K., Waśkiewicz, A., **Stępień, Ł.** (2021a). Dynamics of *Fusarium* Mycotoxins and Lytic Enzymes during Pea Plants'

Infection. International Journal of Molecular Sciences 22: 9888; DOI: 10.3390/ijms22189888; MNiSW 140; IF₂₀₂₀ 5,924

Perincherry, L., Stępień, Ł., Vasudevan, SE. (2021b). Cross-tolerance and autoimmunity – a missing link in abiotic and biotic stress responses in plants; A perspective towards secondary metabolic engineering. International Journal of Molecular Sciences 22: 11945; DOI: 10.3390/ijms222111945; MNiSW 140; IF₂₀₂₀ 5,924

Stępień, Ł., Lalak-Kańczugowska, J. (2021). Signaling pathways involved in virulence and stress response of plant pathogenic *Fusarium* species. Fungal Biology Reviews 35: 27-39; DOI: 10.1016/j.fbr.2020.12.001; MNiSW 100; IF₂₀₂₀ 4,706

Kulesza, K., Biedunkiewicz, A., Nowacka, K., Dynowska, M., **Urbaniak, M., Stępień, Ł.** (2021). Dishwashers as an extreme environment of potentially pathogenic yeast species. Pathogens 10: 446; DOI: 10.3390/pathogens10040446; MNiSW 100; IF₂₀₂₀ 3,492

Perincherry, L., Witaszak, N., Urbaniak, M., Waśkiewicz, A., Stępień, Ł. (2021c). Effects of secondary metabolites from pea on *Fusarium* growth and mycotoxin biosynthesis. Journal of Fungi 7: 1004; DOI: 10.3390/jof7121004; MNiSW 20; IF₂₀₂₀ 5,816

Brizuela, AM., **Lalak-Kańczugowska, J., Koczyk, G., Stępień, Ł., Kawałiło, M., Palmero, D.** (2021). Geographical Origin Does Not Modulate Pathogenicity or Response to Climatic Variables of *Fusarium oxysporum* Associated with Vascular Wilt on *Asparagus*. Journal of Fungi 7: 1056; DOI: 10.3390/jof7121056; MNiSW 20; IF₂₀₂₀ 5,816

ZAKŁAD MIKROBIOMIKI ROŚLIN

Kierownik Zakładu **dr hab. Lidia Błaszczyk**
 Skład Zakładu **dr Sylwia Salamon**
 dr Aneta Basińska-Barczak
 mgr inż. Katarzyna Mikołajczak (doktorantka)

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MNiSW (komunikat Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 18 grudnia 2019 r.)	3
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	3

Projekty wykonywane w Zakładzie

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zakładzie (także kierownictwo zespołu/pakietu w konsorcjum)		Udział jako wykonawca w projektach innych Zakładów IGR PAN i zewnętrznych w 2021 r.
	2021	2022	
UE			
Inny międzynarodowy			
NCN	1	1	2
NCBiR			
MRiRW			
Inny			
Ogółem	1	1	2

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2021

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu, kwota finansowania	Kierownik; Wszyscy wykonawcy, osoby spoza IGR	Kontynuacja w 2022 r. TAK/NIE
1.	NCN; OPUS 14; "Dynamika mykobioty endosfery pszenicy zwyczajnej (<i>Triticum aestivum</i> L.) i jej wpływ na wzrost i kondycję rośliny"; 2017/27/B/NZ9/01591; 2018-06-29 – 2022-03-28; 1 374 700 zł	L. Błaszczyk; S. Salamon, A. Basińska-Barczak, N. Witaszak	TAK

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2021

Celem pracy było poznanie reakcji pszenicy na inokulacje grzybami. Analiza transkryptomowa wykazała istotne zmiany w profilu ekspresji genów u roślin traktowanych endofitycznymi gatunkami *S. strictum*, *Ch. pseudomerdarium* i *P. olsonii*. Natomiast analiza profilu ekspresji wybranych miRNA u roślin pszenicy traktowanych patogenicznym *F. culmorum* i symbiotycznym *T. atroviride* potwierdziła możliwość zaangażowania tych cząsteczek w powyższe interakcje (publikacja nr 1 z listy). Wyniki te stanowią podstawę do dalszych analiz ukierunkowanych na poznanie charakteru tych interakcji i roli wybranych gatunków grzybów.

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów.

NCN; OPUS 14 Dynamika mykobioty endosfery pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) i jej wpływ na wzrost i kondycję rośliny. Celem pracy była analiza transkryptomu roślin pszenicy po inokulacji grzybami endofitycznymi: *Penicillium olsonii*, *Sarocladium spienificis*, *Sarocladium strictum* oraz *Chrysosporium pseudomerdarium*. Materiał do badań stanowiły liście roślin pobrane w 14 dniu po inokulacji. Wykorzystano technikę RNA-seq. Zsekwencjonowano 15 prób: 5 prób badawczych w 3 powtórzeniach biologicznych każda. Najmniejszy efekt zaobserwowano po inokulacji pszenicy *S. strictum*: jedynie 4 transkrypty były nadreprezentowane, a 6 demonstrowało obniżony poziom względem kontroli. Inokulacja *S. spificis* oraz *Ch. pseudomerdarium* skutkowała podobnymi liczbami nadreprezentowanych transkryptów (odpowiednio 475 i 588), przy czym traktowanie roślin *Ch. pseudomerdarium* skutkowało obniżeniem poziomu 604, a *S. spificis* – 125 transkryptów. Wykazano, że różnicujące transkrypty po inokulacji *S. spificis* zaangażowane są głównie w procesy metaboliczne (24,5%), komórkowe (28,3%) oraz w odpowiedź pszenicy na bodźce (20%), a po inokulacji *Ch. pseudomerdarium* w procesy komórkowe (22,5%), metaboliczne i (12,5%), rozwojowe (10,8%), regulację biologiczną (9%), lokalizację (8%), regulację procesów biologicznych (7%). Największy wpływ na zmiany w transkryptomie pszenicy wywołała inokulacja roślin gatunkiem *P. olsonii* - aż 6939 transkryptów wykazywało obniżony poziom względem kontroli, podczas gdy 4124 transkrypty były nadreprezentowane. Odnotowano, że znacząco różnicujące transkrypty uczestniczą w następujących procesach biologicznych: komórkowych (30,5%), metabolicznych (21,5%), regulacji biologicznej (9,59%), odpowiedzi na bodźce (9,3%), regulacji procesów biologicznych (7,56%). W ramach walidacji wyselekcjonowano geny związane z odpowiedzią roślin na bodźce, a następnie przeprowadzono analizę ekspresji części wytypowanych genów, w tym genu *SOD*, *HSP70*, *PR9* i *PR3*. Dodatkowo przeprowadzono selekcję genów kandydujących na referencyjne, poprzez ustalenie ich stabilności w badanym układzie doświadczalnym. Wybrano następujące geny referencyjne: *GAPDH*, *ADP* i *SAR*. Ponadto, w celu sprawdzenia efektywności inokulacji roślin szczepami grzybów endofitycznych, wykonano analizy mikroskopowe dotyczące stopnia zasiedlenia korzeni pszenicy przez wybrane gatunki grzybów.

Molekularne podstawy reakcji pszenicy (*Triticum aestivum* L.) na kolonizację korzeni przez gatunki *Trichoderma* (NCN, nr OPUS 10, nr 2016/19/B/NZ9/03083, 23 czerwca 2016 - 22 czerwca 2020, projekt zakończony). Na podstawie wyników uzyskanych w ramach ww., **zakończonego projektu** dokonano analizy poziomu miRNA398, miRNA167 i miRNA159 podczas interakcji pszenicy z patogenicznym grzybem *Fusarium culmorum* i symbiotycznym *Trichoderma atroviride*, a także korelacji ich ekspresji

z poziomem wytypowanych *in silico* genów docelowych (odpowiednio: *integrator complex subunit 9 homolog*, *LOC119311118* oraz *MYB58*). Badania przeprowadzono na dwóch odmianach pszenicy zwyczajnej charakteryzujących się odmienną wrażliwością na fuzariozę. Analizowano reakcję rośliny na zastosowane bodźce zarówno w korzeniach jak i w liściach roślin pszenicy. Oszacowanie poziomu ekspresji wytypowanych miRNA oraz kandydujących genów docelowych odbyło się z wykorzystaniem techniki cyfrowego PCR (publikacja nr 1 z listy). Ponadto dokonano oceny zaangażowania metylacji DNA podczas interakcji pszenicy zwyczajnej z pożytecznymi i patogenicznymi grzybami. Przeanalizowano **uzyskane w ramach ww. projektu dane z transkryptomu roślin pszenicy inokulowanych *T. atroviride***. Na tej podstawie zidentyfikowano 849 genów o podwyższonej i 2112 o obniżonej ekspresji (FDR<0,05). Wśród transkryptów o podwyższonej ekspresji zidentyfikowano geny kodujące białka o aktywności metylotransferaz i metylotransferazy katalizujące przeniesienie grupy metylowej. Uzyskane wyniki zasugerowały możliwość występowania w warunkach interakcji pszenicy z *Trichoderma* zjawiska aktywacji maszynarii transkrypcyjnej odpowiedzialnej za metylację DNA *de novo* i metylację histonów, jak również za utrzymanie ustalonych wzorców metylacji. W związku z tym, wykorzystując technikę pirosekwencjonowania DNA po konwersji wodorosiarczynem sodu oceniono profile metylacji regionów promotorowych genów *TIFY9* i *ERF6*. Przeprowadzono pirosekwencjonowanie DNA w liściach dwóch odmian pszenicy: mniej wrażliwej i podatnej na fuzariozę, inokulowanych *T. atroviride*, a także *F. culmorum*. Zaobserwowano, że ekspresja *TIFY9* jest kontrolowana przez mechanizm metylacji DNA. Region promotorowy *TIFY9* był metylowany we wszystkich badanych grupach, przy czym ilość zmetylowanych cytozyn była istotnie wyższa po inokulacji *T. atroviride* w porównaniu do inokulacji *F. culmorum* (p=0,05) i kontroli (p=0,07) w roślinach odmiany mniej wrażliwej. Region promotorowy genu *ERF6* był z kolei niemetylowany niezależnie od odmiany pszenicy i warunków jej uprawy. Wyniki wstępnych badań wskazują na znaczenie mechanizmów epigenetycznych w kontroli przeprogramowania transkrypcyjnego w korzystnych i szkodliwych interakcjach pszenica – grzyby.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2021 r.

Salamon, S., Żok, J., Gromadzka, K., Błaszczuk, L. (2021). Expression patterns of mir398, mir167, and mir159 in the interaction between bread wheat (*Triticum aestivum* L.) and pathogenic *Fusarium culmorum* and beneficial *Trichoderma* fungi. *Pathogens*, 10(11), 1461; DOI: 10.3390/pathogens10111461; MiNSW 100; IF₂₀₂₀ 3,492

Błaszczuk L., Salamon S., Mikołajczak K. (2021). Fungi inhabiting the wheat endosphere. *Pathogens* 10(10),1288; DOI: 10.3390/pathogens10101288 MNiSW 100; IF₂₀₂₀ 3,492

Błaszczuk L., Waśkiewicz A., Gromadzka K., Mikołajczak K., Chełkowski J. (2021). *Sarocladium* and *Lecanicillium* Associated with Maize Seeds and Their Potential to Form Selected Secondary Metabolites. *Biomolecules* 11,98. <https://doi.org/10.3390/biom11010098>; MNiSW 100; IF₂₀₂₀ 4,082

ZAKŁAD GENOMIKI ROŚLIN STRĄCZKOWYCH

Kierownik Zakładu *prof. dr hab. Wojciech Święcicki, czł. rzecz. PAN*
 Skład Zakładu *dr hab. Karolina Susek*
 dr Magdalena Gawłowska
 dr Magdalena Kroc
 dr Mohamed Neji (od 26.07.2021)
 mgr Magdalena Tomaszewska
 mgr Katarzyna Czepiel
 mgr Pankaj Kumar (doktorant)
 mgr Paulina Wilczura (do 31.05.2021)

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MNiSW (komunikat Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 18 grudnia 2019 r.)	6
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	6

Projekty wykonywane w Zakładzie

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zakładzie (także kierownictwo zespołu/pakietu w konsorcjum)		Udział jako wykonawca w projektach innych Zakładów IGR PAN i zewnętrznych w 2021 r.
	2021	2022	
UE	1	1	
Inny międzynarodowy	2	2	
NCN	3	2	
NCBiR			
MRiRW	1	1	
Inny			1
Ogółem	7	6	1

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2021

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu, kwota finansowania	Kierownik; Wszyscy wykonawcy, osoby spoza IGR	Kontynuacja w 2022 r. TAK/NIE
1	EU; Horyzont 2020; INCREASE - Inteligentne Kolekcje Roślin Strączkowych Zasoby Genetyczne dla Europejskich Systemów Rolno-Spożywczych; 862862; 2020-05-01; 2025-05-01;	K. Susek; M. Kroc, M. Tomaszewska, K. Czepiel, M. Neji, R. Papa	TAK

	1 135 606 zł (udział IGR PAN)	(Universita Politecnica delle Marche; Włochy)	
2	EU COST Action (The European Cooperation in Science and Technology); EPI-CATCH - EPIgenetic mechanisms of Crop Adaptation To Climate cHange; EU CA19125; 2020-09-17; 2024-09-16	Komitet Zarządzający - Polska: K. Susek/ M. Kroc ; Koordynator: F. Martinelli (University of Florence, Włochy)	TAK
3	NCN; HARMONIA 7; Mechanizmy leżące u podstaw ewolucji genomów roślinnych, dywersyfikacji i specjacji; 2015/18/M/NZ2/00422; 2016-05-13; 2022-05-12; 971 088 zł	K. Susek ; M. Kroc, M. Tomaszewska, (IGR), B. Abernathy, S.A. Jackson (UGA, Athens, USA)	TAK
4	NCN; OPUS 18; Architektura genetyczna nasion: ewolucyjne podejście do identyfikacji molekularnych podstaw zmienności fenotypowej u roślin strączkowych (łubinu białego i fasoli zwyczajnej); 2019/35/B/NZ8/04283; 2020-07-20; 2024-07-19; 1 988 520 zł	K. Susek ; M. Kroc, M. Tomaszewska, wykonawcy wyłonieniu w drodze konkursu	TAK
5	NCN; MINIATURA; Badania pilotażowe nowego mechanizmu regulacji niskiej zawartości alkaloidów w nasionach łubinu wąskolistnego, poprzez powiązanie poziomu ekspresji genów szlaku biosyntezy alkaloidów z akumulacją tych związków w poszczególnych organach rośliny; 2019/03/X/NZ1/02009; 2019-12-21; 2021-06-09; 34 287 zł	M. Kroc ; K. Czepiel	NIE
6	MRiRW; Postęp Biologiczny; Alkaloidy u łubinu wąskolistnego: zrozumienie molekularnych podstaw procesu biosyntezy i akumulacji w nasionach oraz poszukiwanie form o wysokiej zawartości alkaloidów w zielonych częściach rośliny, przy zachowaniu niskiej zawartości w nasionach; Zad. 19; 2021-2027; 2021-01-01; 2021-12-31; 225 000 zł (rok 2021)	M. Kroc ; W. Świącicki, W. Rybiński, K. Czepiel, G. Koczyk, K. Susek	TAK
7	NAWA; Wymiana bilateralna naukowców pomiędzy Rzeczpospolitą Polską a Republiką Indii; Przystosowanie metody modyfikowania genomu CRISPR/Cas9 u grochu (<i>Pisum sativum</i> L.) dla charakterystyki genów szlaku	M. Gawłowska ; P. Kumar, S. Tiwari (National Agri-Food Biotechnology	TAK

	biosyntezy oligosacharydów; PPN/BIN/2019/1/00142/U/00001; 2021-01-01; 2022-12-31; 23 900 zł	Institute NABI, Mohali, Indie), A.K. Pandey (NABI, Mohali, Indie)	
--	--	---	--

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2021

W ramach projektu INCREASE opracowaliśmy kolekcje łubinu białego (*Lupinus albus*) i łubinu andyjskiego (*L. mutabilis*) tzw. Reference core (R-core) oraz Training core (T-core) (Bellucci et al. The Plant Journal 108: 646-660). Dla obu gatunków otrzymaliśmy: ponad 3000 czystych linii metodą SSD, które fenotypowano na podstawie opracowanego przez nas protokołu (Kroc et al. Current Protocols 1(7):e191). Linie SSD zostaną poddane dalszym analizom, w tym genotypowaniu i fenotypowaniu molekularnemu.

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów.

Horyzont 2020; INCREASE - Intelligent Collections of Food Legumes Genetic Resources for European Agrofood Systems.

Cel: Opracowanie i charakterystyka kolekcji zasobów genetycznych *L. albus* i *L. mutabilis*. Kontynuowano prace związane z wyprowadzaniem linii czystych (SSD) dla obu gatunków łubinów, wchodzących w skład tzw. kolekcji referencyjnych (ang. Reference-core; R-core). Wyprowadzone linie scharakteryzowano fenotypowo w doświadczeniu szklarniowym. Przeprowadzono wstępną analizę zmienności badanych linii z wykorzystaniem zebranych danych fenotypowych.

Efekt praktyczny: Opracowanie protokołu fenotypowania łubinów i otrzymywania czystych linii.

Publikacje: Bellucci et al. The Plant Journal 2021, 108: 646-660;

Kroc et al. Current Protocols in Plant Biology 2021, 1(7):e191; doi: 10.1002/cpz1.191.

NCN; HARMONIA 7; Mechanizmy leżące u podstaw ewolucji genomów roślinnych, dywersyfikacji i specjacji.

Cel: Określenie rearanzacji chromosomów/ genomów w obrębie rodzaju *Lupinus* i wybranych gatunków roślin strączkowych.

Efekty praktyczne: Otrzymanie czystej linii *L. digitatus* oraz sekwencjonowanie genomu i transkryptomu (współpraca z Massimo Delledonne, Uniwersytet w Weronie, Włochy).

NCN; OPUS 18; Architektura genetyczna nasion: ewolucyjne podejście do identyfikacji molekularnych podstaw zmienności fenotypowej u roślin strączkowych (łubinu białego i fasoli zwyczajnej).

Projekt zostanie rozpoczęty w czasie późniejszym niż zaplanowany.

NCN; MINIATURA 3; Badania pilotażowe nowego mechanizmu regulacji niskiej zawartości alkaloidów w nasionach łubinu wąskolistnego, poprzez powiązanie poziomu ekspresji genów szlaku biosyntezy alkaloidów z akumulacją tych związków w poszczególnych organach rośliny.

Cel: Poszerzenie wiedzy dotyczącej molekularnego podłoża biosyntezy i akumulacji alkaloidów u *L. angustifolius*.

Prace obejmowały analizę zawartości alkaloidów i poziomu ekspresji genów związanych z akumulacją tych związków, w poszczególnych organach genotypów *L. angustifolius* reprezentujących: 1) najczęściej występujący typ regulacji niskiej zawartości alkaloidów w nasionach (*Iucundus/iucundus*), 2) inny niż dotychczas poznany mechanizm regulacji zawartości alkaloidów (linie pochodzące z Briańska). Wykazano, że podwyższony poziom ekspresji genów związanych z akumulacją alkaloidów w poszczególnych organach linii z Briańska nie wiąże się z jednoczesną akumulacją tych związków. Jednocześnie, u linii typu *Iucundus* wysoka ekspresja badanych genów była jednoznaczna z wysoką zawartością alkaloidów w poszczególnych organach. Uzyskane wyniki wskazują, że zaobserwowana niska zawartość alkaloidów w liniach pochodzących z Briańska nie wynika z zablokowania transportu alkaloidów z części zielonych do nasion, ale braku akumulacji pomimo podwyższonej ekspresji badanych genów.

MRiRW; Postęp Biologiczny; Alkaloidy u łubinu wąskolistnego: zrozumienie molekularnych podstaw procesu biosyntezy i akumulacji w nasionach oraz poszukiwanie form o wysokiej zawartości alkaloidów w zielonych częściach rośliny, przy zachowaniu niskiej zawartości w nasionach.

Cel: Charakterystyka transkryptomów w modelu badawczym Brianskij – *iucundus* – *Iucundus* oraz próba indukowania, na drodze sztucznej mutagenyzy, form łubinu wąskolistnego o niskiej zawartości alkaloidów w nasionach, a wysokiej w częściach zielonych rośliny.

W ramach realizacji zadania przeprowadzono sekwencjonowanie metodą PacBio linii reprezentujących różny mechanizm regulacji niskiej zawartości alkaloidów w nasionach *L. angustifolius*. Uzyskane dane pozwoliły na ustalenie indywidualnych transkryptomów sekwencjonowanych linii, ich adnotację funkcjonalną, a także selekcję transkryptów charakterystycznych dla linii typu *Iucundus* lub łubinów pochodzących z Briańska. Ponadto, odmianę gorzką Karo traktowano mutagenem chemicznym, a uzyskane pokolenie M1 stanowi materiał wyjściowy do poszukiwania, w kolejnych latach projektu, zmutowanych form o znacznej zawartości alkaloidów w liściach i ich możliwie najniższej zawartości w nasionach.

NAWA, Wymiana bilateralna naukowców pomiędzy Rzeczpospolitą Polską, a Republiką Indii; Przystosowanie metody modyfikowania genomu CRISPR/Cas9 u grochu (*Pisum sativum* L.) dla charakterystyki genów szlaku biosyntezy oligosacharydów.

Cel: Potwierdzenie roli syntazy galaktinolowej GalS i syntazy rafinozowej RS, jako głównych genów w szlaku syntezy oligosacharydów u grochu, poprzez zmianę sekwencji metodą edytowania genomu CRISPR/Cas9, a w dalszej perspektywie uzyskania lepszych odmian grochu w żywieniu człowieka.

Przeanalizowano bazy danych sekwencji grochowych w celu zaprojektowania odpowiedniego konstrukt do metody CRISPR/Cas9. Odbył się trening doktoranta w laboratorium partnera indyjskiego odnośnie kultur tkankowych i transformacji genetycznej. Wysiano nasiona różnych odmian grochu w warunkach kontrolowanych, jako materiał do transformacji, dopracowano istniejące protokoły odnośnie regeneracji i transformacji grochu, przygotowano konstrukt CRISPR/Cas9.

Rada Ministrów; Wieloletni Program Rządowy; Koordynator kolekcji zasobów genowych *Pisum* i *Lupinus*. 2021-2025; Główny realizator IHAR Radzików.

Cel: Opracowanie bazy danych dla prowadzonych kolekcji.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2021 r.

Bellucci, E., Aguilar, OM., Alseekh, S., Bett, K., Brezeanu, C., Cook, D., de la Rosa, L., Delledonne, M., Dostatny, DF., Ferreira, JJ., Geffroy, V., Ghitarrini, S., **Kroc, M.**, Agrawal, SK., Logozzo, G., Marino, M., Mary-Huard, T., McClean, P., Meglic, V., Messer, T., Muel, F., Nanni, L., Neumann, K., Servalli, F., Strajeru, S., Varshney, RK., Vasconcelos, MW., Zaccardelli, M., Zavarzin, A., Bitocchi, E., Frontoni, E., Fernie, AR., Gioia, T., Graner, A., Guasch, L., Prochnow, L., Oppermann, M., **Susek, K.**, Tenaillon, M., Papa, R. (2021). The INCREASE project: Intelligent Collections of food-legume genetic resources for European agrofood systems; *The Plant Journal* 108: 646-660; DOI 10.1111/tpj.15472; MNiSW 140; IF₂₀₂₀ 6,417

Czepiel, K., Krajewski, P., Wilczura, P., Bielecka, P., **Swiecicki, W.**, **Kroc, M.** (2021). Expression Profiles of Alkaloid-Related Genes across the Organs of Narrow-Leafed Lupin (*Lupinus angustifolius* L.) and in Response to Anthracnose Infection. *International Journal of Molecular Sciences* 22(5), 2676; DOI 10.3390/ijms22052676; MNiSW 140; IF₂₀₂₀ 5,924

Hufnagel, B., Soriano, A., Taylor, J., Divol, F., **Kroc, M.**, Sanders, H., Yeheyis, L., Nelson, M., Peret, B. (2021). Pangenome of white lupin provides insights into the diversity of the species. *Plant Biotechnology Journal* 19: 2532-2543; DOI 10.1111/pbi.13678; MNiSW 140; IF₂₀₂₀ 9,803

Kroc, M., **Tomaszewska, M.**, **Czepiel, K.**, Bitocchi, E., Oppermann, M., Neumann, K., Guasch, L., Bellucci, E., Alseekh, S., Graner, A., Fernie, AR., Papa R., **Susek K.** (2021). Towards development, maintenance and standardised phenotypic characterisation of single-seed-descent genetic resources for lupins. *Current Protocols in Plant Biology* 1(7):e191; DOI: 10.1002/cpz1.191; MNiSW 20; IF₂₀₂₀ 1,74

Neji, M., Tlahig, S., Hessini, K., Taamalli, W., Abdelly, C., Kouas, S. (2021). Variation of forage quality traits in Tunisian populations of *Brachypodium hybridum* in response to phosphorus deficiency. *Crop Science* 61(6): 4038-4054; DOI 10.1002/csc2.20613; MNiSW 100; IF₂₀₂₀ 2,319

Świecicki, W.K., Surma M. (2021). The big five in the world of plants – the species that have changed the course of history. *Polish Journal Of Agronomy* 47: 68–77; DOI 10.26114/pja.iung.456.2021.47; MNiSW 20

ZAKŁAD STRUKTURY I FUNKCJI GENÓW

Kierownik Zakładu ***dr hab. Michał Książkiewicz***
 Skład Zakładu *prof. dr hab. Barbara Naganowska*
 prof. dr hab. Halina Wiśniewska
 prof. dr hab. Bogdan Wolko
 dr Wojciech Bielski
 dr Maciej Majka
 mgr inż. Piotr Plewiński (doktorant)
 mgr Adriana Twardawska (doktorantka, do 31.10.21)
 mgr inż. Jolanta Belter

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MNiSW (komunikat Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 18 grudnia 2019 r.)	6
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	6

Projekty wykonywane w Zakładzie

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zakładzie (także kierownictwo zespołu/pakietu w konsorcjum)		Udział jako wykonawca w projektach innych Zakładów IGR PAN i zewnętrznych w 2021 r.
	2021	2022	
UE			
Inny międzynarodowy			
NCN		1	2
NCBiR			
MRiRW	1	1	1
Inny			
Ogółem	1	2	3

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2021

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu, kwota finansowania	Kierownik; Wszyscy wykonawcy, osoby spoza IGR	Kontynuacja w 2022 r. TAK/NIE
1	MRiRW; Postęp Biologiczny; Doskonalenie mapy genetycznej łubinu wąskolistnego i poszukiwanie markerów sprzężonych z cechami użytkowymi ze szczególnym uwzględnieniem	M. Książkiewicz; W. Bielski, J. Belter, S. Rychel-Bielska (UP Wrocław), R. Galek (UP Wrocław), B. Kozak (UP Wrocław), M. Skrzyński (UP	TAK

	zawartości białka i alkaloidów; Zad. 18; 2021-2027; 348 000 zł. (rok 2021)	Wrocław), B. Wiśniewska (UP Wrocław), P. Barzyk (PHR Wiatrowo)	
--	--	--	--

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2021

Określono profil ekspresji genów łubinu wąskolistnego w przebiegu brunatnej plamistości łodyg, powodowanej przez grzyb patogeniczny *Diaporthe toxica*. Wykazano, że linie zawierające geny odporności (*Phr1* i *PhtjR*) aktywują ekspresję genów odpowiadających za mechanizmy obronne już w pierwszej dobie po kontakcie z patogenem, zaś linie podatne kilka dni później. Zidentyfikowano główne komponenty skutecznej odpowiedzi odpornościowej w kontekście procesów biologicznych i funkcji molekularnej.

Projekt: NCN; SONATA 9; 2015/17/D/NZ9/02112. **Publikacja:** International Journal of Molecular Sciences 22 (2): 574; DOI: 10.3390/ijms22020574.

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów.

MRiRW; Doskonalenie mapy genetycznej łubinu wąskolistnego i poszukiwanie markerów sprzężonych z cechami użytkowymi ze szczególnym uwzględnieniem zawartości białka i alkaloidów; **2021-2027**. Celem badań było uzyskanie zestawu markerów polimorfizmu pojedynczego nukleotydu (SNP) metodą celowanego genotypowania przez sekwencjonowanie (SeqSNP) dla populacji mapujących Emir × LAE-1 i Graf × Mutant cienkościenny. W 2021 r. zidentyfikowano łącznie 1529164 markerów SNP polimorficznych pomiędzy liniami rodzicielskimi. W wyniku genotypowania SeqSNP zestawu 20 tysięcy loci w liniach wsobnych obu populacji mapujących uzyskano finalnie 12132 markery spełniające kryterium p-value ($\geq 0,00001$) testu Chi-kwadrat odchylenia rozkładu od wartości oczekiwanej 1:1. W celu weryfikacji, czy uzyskane wyniki umożliwią konstrukcję zintegrowanej mapy genetycznej łubinu wąskolistnego, dane dotyczące segregacji markerów zaimportowano do programu JoinMap 5 i wykonano grupowanie markerów na podstawie współczynnika rekombinacji i testu LOD.

MRiRW (projekt zakończony w roku 2020); Cecha wczesności kwitnienia u łubinu białego i łubinu żółtego - podstawy genetyczne i molekularne; **2014-2020**. Celem analiz była identyfikacja potencjalnych czynników transkrypcyjnych odpowiadających za zniesienie wymagań wernalizacyjnych i wczesność kwitnienia łubinu żółtego i wąskolistnego. Wykonano porównawczą adnotację *in silico* polimorficznych regionów promotorowych genów z podrodziny *FLOWERING LOCUS T*, które w kolekcjach nasiennych tych gatunków wykazały asocjację z tymi cechami. Zidentyfikowano wspólne dla obu gatunków potencjalne czynniki transkrypcyjne, mające hipotetyczne miejsca wiązania jedynie w regionach polimorficznych (represory ze szlaku fotoperiodycznego i wernalizacyjnego). Uzyskane wyniki potwierdziły postawione wcześniej hipotezy i umożliwiły sfinalizowanie rozprawy doktorskiej mgra inż. Piotra Plewińskiego (promotor dr hab. M. Książkiewicz), a następnie jej przedłożenie do dalszego procedowania. Ponadto, wyniki te stanowiły podstawę do sformułowania nowych hipotez badawczych i złożenia wniosku OPUS21 NCN (kierownik dr hab. Michał Książkiewicz), który uzyskał finansowanie. Przygotowano publikację, planowana data wysłania – luty 2022.

NCN (projekt zakończony w roku 2020); Profilowanie transkryptomu łubinu wąskolistnego podczas interakcji roślina-patogen: poznanie molekularnych i genetycznych

podstaw odporności na grzyby patogeniczne: *Colletotrichum lupini* i *Diaporthe toxica*; **2016-2020**. Celem analiz była identyfikacja komponentów uczestniczących w transkryptomowej odpowiedzi łubinu wąskolistnego na inokulację grzybem *C. lupini* powodującym antraknozę. Wykazano, że odporność warunkowana genem *Lanr1* była związana z globalnym (ok. 7800 genów) przeprogramowaniem transkryptomu już kilka godzin po inokulacji, dotyczącym zwłaszcza genów odpowiedzi odpornościowej, procesów utleniania-redukcji i fotosyntezy. Wystąpiła również aktywacja genów odporności TIR-NBS, CC-NBS-LRR i NBS-LRR. Są to typowe komponenty odporności typu R. Przygotowano i złożono publikację w Scientific Reports (w recenzji). Ponadto, jak wspomniano w opisie głównego osiągnięcia, wyniki profilowania ekspresji genów w interakcji łubinu wąskolistnego z *D. toxica* opublikowano w International Journal of Molecular Sciences.

MRiRW; Analiza molekularna układów allelicznych genów wczesności oraz opracowanie i identyfikacja markerów funkcjonalnych dla genów determinacji pędu, pęknięcia strąków, cech plonotwórczych i jakościowych nasion soi; **2021-2027** (kier. prof. dr hab. J. Nawracała, UP Poznań). Celem badań było określenie składu allelicznego genów wczesności, determinacji pędu i pęknięcia strąków w krajowych materiałach kolekcyjnych soi. Zidentyfikowano 15 alleli dominujących oraz 17 alleli recesywnych genów wczesności *E1*, *E2*, *E3*, *E4*, *E9*, *E10*, determinacji pędu *Dt1* i pęknięcia strąków *qPHD1*, występujących w kilkudziesięciu różnych układach. Analiza korelacji między genotypem a fenotypem wykazała statystycznie istotne wartości współczynnika dla cech fenologicznych, morfologicznych i cech komponentów plonu. Planowane wysłanie publikacji w br.

NCN; Geny zaangażowane w odpowiedź na wernalizację i fotoperiod u łubinu białego (*Lupinus albus* L.); **2019-2022** (kier. dr S. Rychel-Bielska, UP w Wrocław). W 2021 r. założono doświadczenie szklarniowe, w którym wykonano rozmnożenie materiału nasiennego oraz ocenę terminu faz fenologicznych linii kolekcyjnych łubinu białego. Wykonano też analizę korelacji polimorfizmu markerów dla kandydujących genów wczesności kwitnienia i loci cech ilościowych, uzyskując statystycznie istotne wartości współczynnika dla większości z nich. Wyniki opublikowano w International Journal of Molecular Sciences.

NCN; Molekularne podstawy mechanizmów zmienności indukcji kwitnienia i odpowiedzi na wernalizację u dzikich łubinów Starego Świata; **2021-2024** (kierownik dr W. Bielski, UP Poznań). Założono doświadczenie szklarniowe, w którym wykonano rozmnożenie materiału nasiennego oraz ocenę terminu faz fenologicznych dzikich gatunków łubinów Starego Świata.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2021 r.

Alkemade, JA., Messmer, MM., Arncken, C., Leska, A., Annicchiarico, P., Nazzicari, N., **Książkiewicz, M.**, Voegelé, RT., Finckh, MR., Hohmann, P. (2021). A high-throughput phenotyping tool to identify field-relevant anthracnose resistance in white lupin; Plant Disease 105 (6): 1719-1727; DOI 10.1094/PDIS-07-20-1531-RE; MNiSW 70; IF₂₀₂₀ 4,438

Góral, T., **Wiśniewska, H.**, Ochodzki, P., **Twardawska, A.**, Walentyn-Góral, D. (2021). Resistance to fusarium head blight, kernel damage, and concentration of *Fusarium* mycotoxins in grain of winter triticale (*× Triticosecale* Wittmack) lines. Agronomy 11(1): 16; DOI: 10.3390/agronomy11010016; MNiSW 100; IF₂₀₂₀ 3,417

Książkiewicz, M., Rychel-Bielska, S., **Plewiński, P.**, Nuc, M., Irzykowski, W., Jędryczka, M., Krajewski, P. (2021). The resistance of narrow-leafed lupin to *Diaporthe toxica* is based on the rapid activation of defense response genes. *International Journal of Molecular Sciences* 22 (2): 574; DOI: 10.3390/ijms22020574; MNiSW 140; IF₂₀₂₀ 5,924

Kwiatek, MT., **Belter, J.**, Ulaszewski, W., Skowronska, R., Noweiska, A., **Wiśniewska, H.** (2021). Molecular identification of triticale introgression lines carrying leaf rust resistance genes transferred from *Aegilops kotschy* Boiss. and *Ae. tauschii* Coss. *Journal of Applied Genetics* 62(3): 431-439; DOI: 10.1007/s13353-021-00635-2; MNiSW 100; IF₂₀₂₀ 3,240

Ochodzki, P., **Twardawska, A.**, **Wiśniewska, H.**, Góral, T. (2021). Resistance to fusarium head blight, kernel damage, and concentrations of *Fusarium* mycotoxins in the grain of winter wheat lines. *Agronomy* 11(9): 1690; DOI: 10.3390/agronomy11091690; MNiSW 100; IF₂₀₂₀ 3,417

Rychel-Bielska, S., Surma, A., **Bielski, W.**, Kozak, B., Galek, R., **Książkiewicz, M.** (2021). Quantitative control of early flowering in white lupin (*Lupinus albus* L.). *International Journal of Molecular Sciences* 22 (8): 3856; DOI: 10.3390/ijms22083856; MNiSW 140; IF₂₀₂₀ 5,924

ZAKŁAD ZINTEGROWANEJ BIOLOGII ROŚLIN

Kierownik Zakładu ***dr hab. Robert Malinowski, prof. IGR PAN***
 Skład Zakładu *dr Karolina Stefanowicz*
 dr William Truman
 dr Sara Blicharz
 mgr Soham Mukhopadhyay (doktorant)
 mgr Juan Camilo Ochoa Cabezas (doktorant)
 mgr Deeksha Singh (doktorantka, od 21.06.2021)

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MNiSW (komunikat Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 18 grudnia 2019 r.)	2
Ogółem	2

Projekty wykonywane w Zakładzie

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zakładzie (także kierownictwo zespołu/pakietu w konsorcjum)		Udział jako wykonawca w projektach innych Zakładów IGR PAN i zewnętrznych w 2021 r.
	2021	2022	
UE			
Inny międzynarodowy			
NCN	4	2	1
NCBiR			
MRiRW			
Inny			
Ogółem	4	2	1

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2021

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu, kwota finansowania	Kierownik; Wszyscy wykonawcy, osoby spoza IGR	Kontynuacja w 2022 r. TAK/NIE
1	NCN; OPUS 10; Zrozumienie roli zależnych od chityny odpowiedzi obronnych roślin podczas infekcji <i>Plasmodiophora brassicae</i> ; 2015/19/B/NZ3/01489; 2016-06-20; 2021-06-19;	W. Truman; S. Mukhopadhyay, J.C. Ochoa Cabezas, R. Malinowski	NIE

	895 460 zł		
2	NCN; OPUS 11; Rola transportu floemowego w adaptacji grochu do warunków niedoboru wody; 2016/21/B/NZ9/02020; 2017-01-12; 2021-01-11; 668 812 zł	R. Malinowski; S. Blicharz, K. Stefanowicz	NIE
3	NCN; OPUS 17; Waskularna koordynacja długodystansowa u roślin porażonych przez <i>Plasmodiophora brassicae</i> ; 2019/33/B/NZ9/00751; 2020-02-05; 2023-02-04; 1 978 760 zł	R. Malinowski; S. Blicharz, K. Stefanowicz, W. Truman, D. Singh	TAK
4	NCN; PRELUDIUM 17; Zastosowanie techniki edycji genomu CRISPR/Cas9 w celu charakterystyki genów odporności na kilę kapusty u <i>Arabidopsis thaliana</i> ; 2019/33/N/NZ9/01048; 2020-03-16; 2022-03-15; 117 600 zł	J. C. Ochoa Cabezas	TAK

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2021

Poznanie roli transportu floemowego w adaptacji roślin grochu do warunków niedoboru wody.

Stwierdzono, że zmiany składu metabolitów soku floemowego roślin grochu poddanych stresowi suszy odzwierciedlają redukcję wzrostu organów roślinnych oraz przesunięcie metabolizmu w kierunku procesów katabolicznych i recyklingu węgla i azotu. Wykryto również, że na skutek suszy dochodzi do szybkiego spadku ilości kwasu oleinowego w soku floemowym; autorzy wnioskuje, że monitorowanie tego komponentu może być w przyszłości wykorzystane jako marker diagnostyczny odpowiedzi roślin na suszę.

Projekt: NCN; OPUS 11; Rola transportu floemowego w adaptacji grochu do warunków niedoboru wody; 2016/21/B/NZ9/02020; 2017-01-12; 2021-01-11

Publikacja: Blicharz S, Beemster GTS, Ragni L, De Diego N, Spichal L, Hernandiz AE, Marczak L, Olszak M, Perlikowski D, Kosmala A, Malinowski R (2021). Plant J 106: 1338-1355; DOI: 10.1111/tpj.15240; MNiSW 140; IF₂₀₂₀ 6,417

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów.

NCN; OPUS 10;

Cel badań: Zrozumienie roli zależnych od chityny odpowiedzi obronnych roślin podczas infekcji *Plasmodiophora brassicae*.

Opisano mechanizm maskowania chityny przez patogen i udział w tym genów deacetylazy chityny. Dodatkowo wykonano badania asocjacyjne całego genomu, profilowanie transkryptomu oraz elementy genetyki funkcjonalnej. Dzięki temu wyselekcjonowano ekotypy rzodkiewnika odporne na *P. brassicae* oraz znaleziono gen odporności na ten patogen. Publikacja w przygotowaniu.

NCN; OPUS 11;

Cel badań: korelacja zmian metabolomu soku floemowego ze zmianami fizjologicznymi oraz wzrostowymi u roślin grochu rosnących w warunkach niedoboru wody.

Wykonano pomiary biometryczne, fenotypowe, fizjologiczne dla roślin grochu w różnych okresach od traktowania stresem suszy. To skorelowano ze zmianami metabolomu soku floemowego.

NCN; OPUS 17;

Cel badań: zrozumienie udziału transportu długodystansowego w interakcji pomiędzy *P. brassicae* a rzodkiewnikiem oraz *P. brassicae* a rzepakiem.

Pobrano eksudaty floemowe i ksylemowe z roślin rzepaku w różnych okresach od infekcji *P. brassicae*. Aktualnie tworzone są biblioteki do sekwencjonowania RNA a część prób posłuży do analizy zawartości cytokinin.

NCN; PRELUDIUM 17;

Cel badań: stworzenie linii delecyjnych dla wybranych kandydatów/ekotypów rzodkiewnika posiadających wytypowane przez nas geny odporności na *P. brassicae*.

Linie delecyjne wykonano techniką CRISPR/Cas9 uzyskano rośliny typu knock out, na skutek czego rośliny utraciły ekspresję wybranych genów odporności, a co za tym idzie stały się wrażliwe na infekcję *P. brassicae*. Praca w przygotowaniu.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2021 r.

Blicharz S., Beemster G.T.S., Ragni L., De Diego N., Spichal L., Hernandiz A.E., Marczak L., Olszak M., Perlikowski D., Kosmala A., **Malinowski R.** (2021). Phloem exudate metabolic content reflects the response to water-deficit stress in pea plants (*Pisum sativum* L.). *The Plant Journal* 106: 1338-1355; DOI: 10.1111/tpj.15240; MNiSW 140; IF₂₀₂₀ 6,486

Stefanowicz K., Szymanska-Chargot M., **Truman W.**, Walerowski P., Olszak M., Augustyniak A., Kosmala A., Zdunek A., **Malinowski R.** (2021). *Plasmodiophora brassicae*-Triggered Cell Enlargement and Loss of Cellular Integrity in Root Systems Are Mediated by Pectin Demethylation. *Frontiers in Plant Science* 12; DOI: 10.3389/fpls.2021.711838; MNiSW 100; IF₂₀₂₀ 5,754

ZAKŁAD BIOLOGII ROŚLIN I NANOTECHNOLOGII

Kierownik Zakładu **dr hab. Franklin Gregory, prof. IGR PAN**
 Skład Zakładu *dr Rajendran K. Selvakesavan*
 dr Veeresh Lokesh
 mgr Dariusz Kruszka (doktorant)
 mgr Pradeep Matam (doktorant)
 mgr Rakesh Sinha

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MNiSW (komunikat Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 18 grudnia 2019 r.)	5
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	5

Projekty wykonywane w Zakładzie

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zakładzie (także kierownictwo zespołu/pakietu w konsorcjum)		Udział jako wykonawca w projektach innych Zakładów IGR PAN i zewnętrznych w 2021 r.
	2021	2022	
UE	1	1	
Inny międzynarodowy			
NCN	3	2	
NCBiR			
MRiRW			
Inny			
Ogółem	4	3	

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2021

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu, kwota finansowania	Kierownik; Wszyscy wykonawcy, osoby spoza IGR	Kontynuacja w 2022 r. TAK/NIE
1	NCN; OPUS 11; HyperNano: Badanie zmian metabolizmu wtórnego u <i>Hypericum perforatum</i> pod wpływem nanocząsteczek poprzez zastosowanie zintegrowanego podejścia i technologii "omics"; 2016/21/B/ NZ9/01980; 2017-01-12; 2021-12-11; 939 720 zł	F. Gregory; R.K. Selvakesavan, D. Kruszka	NIE
2	NCN; OPUS 12; Hyperisyn: Zastosowanie	F. Gregory;	TAK

	innowacyjnych narzędzi badawczych do poznania sieci molekularno-genetycznych uwarunkowań szlaku biosyntezy hiperycyny; 016/23/B/NZ9/02677; 2017-07-03; 2022-07-02; 1 174 700 zł	V. Lokesh, M. Nuc	
3	NCN; OPUS 13; HyperAgro: Interakcja <i>Hypericum-Agrobacterium</i> jako model pozwalający zrozumieć zjawisko obrony związanej z patogenezą u roślin opornych na transformację; 2017/25/B/NZ9/00720; 2018-02-07; 2022-02-06; 1 659 960 zł	F. Gregory; RK. Selvakesavan, P. Matam	TAK
4	Horyzont 2020; Coordination and Support Action (EU H2020-ERACHairs); The Creation of the Department of Plant Nanotechnology to Maximise the Impact of the ERA Chair Culture on the IPG PAS (Akronim: NANOPLANT); 856961; 2019-09-01; 2024-08-31; 10 957 711 zł	F. Gregory	TAK
5	NAWA; program im. W. Iwanowskiej; Closing the gap between predicted and observed complexity of rapeseed lipidome - integration of metabolic modeling into mass-spectrometry data analysis; PPN/IWA./2019/1/00033/DEC/1; 2020-11-1 – 2021-04-30 61 000 zł	D. Kruszka	NIE

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2021

Wyjaśniono mechanizm syntezy nanocząstek (NP) srebra (Ag) przy użyciu ekstraktu z liści dziurawca (*Hypericum perforatum* L.), co otwiera możliwość kontrolowania właściwości fizykochemicznych „zielonych” NP. Stwierdzono, że kwasy fenolowe i flawonoidy uczestniczą w redukcji jonów Ag⁺, ksantony i floroglucynole są zawarte w nanocząstkach jako związki opłaszczające, natomiast naftodiantrony pełnią obydwie funkcje. Praca ta została opublikowana w ACS Sustainable Chemistry & Engineering (IF 8.198).

OPUS 11 HyperNano (No 2016/21/B/ NZ9/01980)

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów.

NCN HyperNano: Badanie zmian metabolizmu wtórnego u *Hypericum perforatum* pod wpływem nanocząsteczek poprzez zastosowanie zintegrowanego podejścia i technologii "omics".

Cel: Zrozumienie wpływu nanocząstek na metabolizm wtórny roślin.

Wytwarzane przemysłowo nanocząstki są używane jako nawozy sztuczne bądź środki ochrony roślin we współczesnym rolnictwie. Przeprowadzono metabolomiczne i transkryptomocjne badania wpływu nanocząstek metalicznych na metabolizm *H. perforatum*. Ponadto podjęto prace nad mechanizmem wytwarzania nanocząstek poprzez „zieloną syntezę”.

Efekt praktyczny: Badania efektów wywoływanych w metabolizmie wtórnym roślin przez różnorodne nanocząstki przyczynią się do opracowania strategii ochrony roślin oraz elicytacji wytwarzania przez nie związków o znaczeniu farmakologicznym.

NCN HyperiSyn: Zastosowanie innowacyjnych narzędzi badawczych do poznania sieci molekularno-genetycznych uwarunkowań szlaku biosyntezy hiperycyny.

Cel: Poznanie szlaku biosyntezy hiperycyny.

Hiperycyna jest jednym z najważniejszych związków bioaktywnych wytwarzanych przez rośliny z rodzaju *Hypericum*. Chociaż związek ten znany jest od prawie dwóch stuleci, jego biosynteza nie jest jeszcze w pełni poznana. Zastosowano metody oparte na elicytacji oraz inhibicji tego procesu w celu określenia jego etapów i zidentyfikowania odpowiedzialnych genów. Odkryliśmy alternatywne szlaki biosyntezy emodyny i hiperycyny w *H. perforatum*.

Efekt praktyczny: Hiperycyna była stosowana w medycynie tradycyjnej, a także w procesach terapii fotodynamicznej i jest uważana za ważny związek w opracowywaniu nowych leków. Informacja o szlaku jej biosyntezy i identyfikacja związanych z nią genów będzie użyteczna w poprawie wydajności tego procesu poprzez inżynierię metaboliczną oraz heterologiczną ekspresję genów.

NCN HyperAgro: Interakcja *Hypericum-Agrobacterium* jako model pozwalający zrozumieć zjawisko obrony związanej z patogenezą u roślin opornych na transformację.

Cel: Wyjaśnienie zjawiska oporności roślin na transformację przez *Agrobacterium*.

Poprzednio wykazaliśmy, że aktywacja roślinnej odpowiedzi obronnej podczas współhodowli kultur jest przyczyną oporności *H. perforatum* na transformację przez *A. tumefaciens*. Dla bliższego zrozumienia tego zjawiska analizowano zmiany transkryptomu, metabolomu i proteomu *H. perforatum* w odpowiedzi na oddziaływanie *Agrobacterium*. Obecnie zidentyfikowano i scharakteryzowano funkcjonalnie geny odpowiedzialne za oporność roślin.

Efekt praktyczny: Ponieważ transformacja roślin poprzez oddziaływanie *Agrobacterium tumefaciens* jest ważnym narzędziem genomiki funkcjonalnej służącym do doskonalenia roślin uprawnych, wyniki uzyskane w ramach tego projektu będą pomocne w uzyskaniu efektywnych metod transformacji roślin opornych na ten proces. Ponadto, możliwe będzie opracowanie strategii ochrony przed guzowatością korzeni roślin uprawnych podatnych na tę chorobę.

NAWA; program im. W. Iwanowskiej: W trakcie stażu w grupie *Network Analysis and Modelling Group* (opiekun dr Jędrzej Szymański) przeprowadzone zostały analizy bioinformatyczne, których celem była integracja danych wysokoprzepustowych transkryptomicznych i lipidomicznych w oparciu o asocjacje gen-lipid uzyskane w trakcie analiz GWAS. Pozwoliło to przewidzieć ekspresje transkryptów na podstawie danych lipidomicznych (poziomy lipidów) oraz wytypować istotne geny, które zostały zwalidowane z zastosowaniem mutantów o zablokowanej ekspresji genu (manuskrypt w przygotowaniu). Ponadto staż umożliwił poznanie innych metod integracji danych, co zaowocowało przygotowaniem fragmentu pracy przeglądowej (przyjęta, w oczekiwaniu na doi) jak również opanowanie umiejętności w zakresie przetwarzania danych LC-MS oraz GC-MS (współpraca z dr. Johnem D'Auria).

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2021 r.

Selvakesavan R.K., Franklin G. (2021). Robust *in vitro* culture tools suitable for sustainable bioprospecting of the genus *Hypericum*. *Industrial Crops and Products* 170: 113715. <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2021.113715>. MNiSW 200; IF₂₀₂₀ 5,645

Selvakesavan R.K., Franklin G. (2021). Prospective Application of Nanoparticles Green Synthesized Using Medicinal Plant Extracts as Novel Nanomedicines. *Nanotechnology, Science and Applications* 14: 179–195. doi: 10.2147/NSA.S333467. MNiSW 200; IF₂₀₂₀ brak

Manohara H.M. Nayak S.S., **Franklin G.**, Nataraj., SK., Mondal D. (2021). Progress in marine derived renewable functional materials and biochar for sustainable water purification. *Green Chemistry* 23:8305-8331. <https://doi.org/10.1039/D1GC03054J>. MNiSW 200; IF₂₀₂₀ 10,182

Pradeep M., D. Kruszka., Kachlicki P., D. Mondal, **Franklin G.** (2021). Uncovering the Phytochemical Basis and the Mechanism of Plant Extract-Mediated Eco-Friendly Synthesis of Silver Nanoparticles Using Ultra-Performance Liquid Chromatography Coupled with a Photodiode Array and High-Resolution Mass Spectrometry. *ACS Sustainable Chemistry & Engineering* <https://doi.org/10.1021/acssuschemeng.1c06960>. MNiSW 140; IF₂₀₂₀ 8,198

Thiem B., **Kruszka D.**, Turowska N., Śliwiska E., Berge V., Kikowska M. (2021). *Linnaea borealis* L. var. *borealis* - In Vitro Cultures and Phytochemical Screening as a Dual Strategy for Its Ex Situ Conservation and a Source of Bioactive Compounds of the Rare Species. *Molecules* 26(22) : DOI: 10.3390/molecules26226823. MNiSW 100; IF₂₀₂₀ 4,412

ZAKŁAD NANOTECHNOLOGII ROŚLIN

Kierownik Zakładu *dr Dibyendu Mondal (od 7.09.2021)*
Skład Zakładu *dr inż. Mónia Andreia Rodrigues Martins (od 14.12.2021)*
 mgr Marta Gloger (specjalista PR, od 9.11.2021)

Zakład został utworzony na mocy uchwały Rady Naukowej Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk z dnia 15 września 2021 roku.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2021 r.

Manohara H. M., Nayak S. S, Franklin G., Nataraj S. K., **Mondal D.** (2021). Progress in marine derived renewable functional materials and biochar for sustainable water purification. Green Chemistry, 10.1039/D1GC03054J; MNiSW 200; IF₂₀₂₀ 10,182

LABORATORIUM MULTIOMIKI

Kierownik
Laboratorium *prof. dr hab. Piotr Kachlicki*
Skład Laboratorium *mgr Paulina Wilczura (do 31.05.2021)*
 dr Katarzyna Juszczyk (od 1.07.2021)

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MNiSW (komunikat Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 18 grudnia 2019 r.)	3
Poza listą	1
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	4

Projekty wykonywane w Zakładzie

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zakładzie (także kierownictwo zespołu/pakietu w konsorcjum)		Udział jako wykonawca w projektach innych Zakładów IGR PAN i zewnętrznych w 2021 r.
	2021	2022	
UE			
Inny międzynarodowy			
NCN			3
NCBiR			
MRiRW			2
Inny			
Ogółem			5

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2021

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu	Kierownik; Wszyscy wykonawcy, osoby spoza IGR	Kontynuacja w 2022 r. TAK/NIE
	-		

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2021

-

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów.

Laboratorium nie prowadzi własnych prac badawczych i wykonuje obecnie analizy metabolomiczne i proteomiczne na rzecz różnych Zakładów IGR PAN oraz podmiotów zewnętrznych.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2021 r.

Sawikowska A., Piasecka A., **Kachlicki P.**, Krajewski P. (2021) Separation of chromatographic co-eluted compounds by clustering and by functional data analysis. *Metabolites* 11, 214. <https://doi.org/10.3390/metabo11040214>; MNiSW 70; IF₂₀₂₀ 4,932

Mohammed M.A., Attia H.N., El-Gengaihi S.E., Maklad Y.A., Ahmed K.A., **Kachlicki P.** (2021) Comprehensive metabolomic, lipidomic and pathological profiles of baobab (*Adansonia digitata*) fruit pulp extracts in diabetic rats. *Journal of Pharmaceutical and Biomedical Analysis* 201, 114139; MNiSW 100; IF₂₀₂₀ 3,935

Pradeep M., Kruszka D., **Kachlicki P.**, Mondal D, Franklin G. (2021) Uncovering the Phytochemical Basis and the Mechanism of Plant Extract-Mediated Eco-Friendly Synthesis of Silver Nanoparticles Using Ultra-Performance Liquid Chromatography Coupled with a Photodiode Array and High-Resolution Mass Spectrometry. *ACS Sustainable Chemistry & Engineering* <https://doi.org/10.1021/acssuschemeng.1c06960> MNiSW 140; IF₂₀₂₀ 8,198

Lorenc W., Kruszka D., **Kachlicki P.**, Kozłowska J., Barałkiewicz D. (2021) Zastosowanie zaawansowanych technik sprzężonych LC ICP DRC MS i UPLC ESI MS MS w analizie specjacyjnej arsenu w algach. *Analityka XXII*(3), 22-28.

WSPÓŁPRACA KRAJOWA

Współpraca z krajowymi placówkami naukowymi

A. Kosmala, I. Pawłowicz, D. Perlikowski, K. Lechowicz:

- Uniwersytet Rolniczy w Krakowie, Wydział Rolniczy i Ekonomiczny, Katedra Fizjologii, Hodowli Roślin i Nasiennictwa, A. Płazek. Badanie podatności na choroby traw kompleksu *Lolium-Festuca*. Projekt MRiRW Postęp biologiczny w produkcji roślinnej (kierownik: A. Kosmala).
- Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Ekofizjologii Roślin, M. Arasimowicz-Jelonek. Rola tlenu azotu w metabolizmie roślinnym w warunkach suszy u *Festuca arundinacea* i *F. glaucescens*; rola tlenu azotu w regulacji stopnia acetylacji białek histonowych u *Phytophthora infestans*. 2 projekty NCN (OPUS 12, kierownik: A. Kosmala; OPUS 16, kierownik: M. Arasimowicz-Jelonek, UAM w Poznaniu); 1 publikacja w trakcie recenzji.
- Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie, G. Żurek; badanie mechanizmów tolerancji suszy u traw kompleksu *Lolium-Festuca*. Projekt (MRiRW ; Postęp biologiczny w produkcji roślinnej, kierownik: A. Kosmala).

D. Babula-Skowrońska:

- Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Molekularnej i Biotechnologii, Zakład Biotechnologii, A. Ludwików, prof. UAM, A. Cieśla; analiza funkcji wybranych genów należących do rodziny PP2C (kodujących fosfatazy białkowe) oraz HD-Zip (kodujących czynniki transkrypcyjne) u rzepaku. Projekt NCN (OPUS12, kierownik: D. Babula-Skowrońska).
- Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB oddział w Poznaniu, T. Cegielska-Taras, L. Szała. Analiza funkcji wybranych genów należących do rodziny PP2C (kodujących fosfatazy białkowe) oraz HD-Zip (kodujących czynniki transkrypcyjne) u rzepaku. Projekt NCN (OPUS12, kierownik: D. Babula-Skowrońska).

I. Pawłowicz:

- Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Genetyki i Hodowli Roślin, J. Niemann; analiza ekspresji wybranych genów związanych z odpornością na suchą zgniliznę kapustnych; projekt (MRiRW Postęp biologiczny w produkcji roślinnej, kierownik: J. Niemann, UP w Poznaniu).

G. Koczyk:

- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, A. Muszewska; Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski, J. Pawłowska. Analizy skupisk genów biosyntezy wtórnych metabolitów u *Mucoromycotina*; wspólna publikacja.

A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa:

- Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki (IChB/PP), Ł. Marczak. Analiza genotypów jęczmienia jarego z wykorzystaniem chromatografii gazowej połączonej ze spektrometrią mas; współpraca w ramach realizowanej pracy doktorskiej M. Kempy.
- Uniwersytet Śląski w Katowicach, I. Szarejko, A. Daszkowska-Golec, D. Gruszka. Wyjaśnianie współdziałania hormonów i jego roli w kształtowaniu architektury roślin jęczmienia; wspólny projekt NCN OPUS 12.

–Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Wydział Biologii, K. Wojciechowicz. Wspólna realizacja badań w ramach projektu NCN SONATA 12 „Czynnik transkrypcyjny HvGAMYB w regulacji kwitnienia i jego związek z odpowiedzią fotoperiodyczną w warunkach stresu suszy u jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.)”.

J. Cerazy-Waliszewska:

–UP Poznań, Katedra Chemii, Zespół Chemii Analitycznej Środowiska, M. Mleczek; UAM, Wydział Chemii, Zakład Chemii Analitycznej, P. Niedzielski. Analiza profilu i akumulacji form arsenu w roślinach miskanta w odpowiedzi na zanieczyszczenie gleby tym pierwiastkiem. Realizacja projektu NCN MINIATURA 3, Nr 2019/03/X/NZ9/00064. Publikacja „The effect of uptake of various arsenic species on selected elements accumulation, physiological processes, yield traits and bioethanol production in *Miscanthus × giganteus* genotypes” – złożona w Ind. Crop. Prod. Złożony i przyznany projekt NCN OPUS 21 nr 2021/41/B/NZ9/04123 „Molekularne i fizjologiczne mechanizmy sezonowego transportu i fitoekstrakcji różnych form arsenu u traw wieloletnich na przykładzie miskanta olbrzymiego (*Miscanthus × giganteus*)”.

T. Pniewski:

–UP Poznań, Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności, W. Białas, A. Drożdżyńska. Produkcja bioetanolu z biomasy roślin miskanta rosnących na glebie zanieczyszczonej arsenem. Doniesienia konferencyjne i publikacja złożona w Ind. Crop Prod.

K. Sobańska:

–UP Poznań, Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, A. Budka. Analiza statystyczna parametrów wzrostu i fizjologicznych roślin genotypów miskanta w warunkach stresu chłodu.

–UP Poznań, Katedra Chemicznej Technologii Drewna, M. Zborowska. Analiza metodą FTIR składników ściany komórkowej miskanta rosnącego w warunkach stresu chłodu.

–UAM, Wydział Biologii, Zakład Biologii Komórkowej i Molekularnej, P. Wojtaszek, A. Kasprowicz-Maluśki, Analiza zmian anatomicznych w ścianie komórkowej miskanta rosnącego w warunkach stresu chłodu.

–UŚ, Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska, A. Milewska-Hendel, A. Betekhtin, Analiza zmian anatomicznych w ścianie komórkowej miskanta rosnącego w warunkach stresu chłodu.

–Efekty (wspólne dla ww. jednostek): Realizacja projektu NCN PRELUDIUM 15, UMO-2018/29/N/NZ9/00854 oraz doniesienia konferencyjne.

M. Jędryczka, J. Kaczmarek, W. Irzykowski: Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Genetyki i Hodowli Roślin, J. Niemann. Projekt badawczy MRiRW „Postęp biologiczny 2021-2027” zadanie badawcze 27: Identyfikacja markerów molekularnych sprzężonych z genami warunkującymi odporność na suchą zgniliznę kapustnych (*Leptosphaeria spp.*) z wykorzystaniem zaawansowanych technik molekularnych. Udział w charakterze wykonawców projektu.

M. Jędryczka, J. Kaczmarek:

–Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - PIB w Radzikowie, Zakład Biotechnologii i Cytogenetyki Roślin, J. Zimny, S. Sowa. Wykorzystanie metod aerobiologicznych

do oznaczenia przenoszenia ziaren pyłku genetycznie modyfikowanego pszenżyta. Wspólna publikacja (Zimny i in. DOI 10.3390/agronomy11030431).

- Instytut Agrofizyki PAN, M. Frąc; Uzdolnienia metaboliczne grzybów chorobotwórczych wobec rzepaku ozimego, M. Frąc – wykonawca w projekcie MRiRW Postęp Biologiczny zad. badawcze 25: „Odporność roślin rzepaku na choroby powodowane przez grzyby i pierwotniaki”.
- Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Urządzania Lasu, P. Strzeliński. Zastosowanie skanera laserowego LIDAR do pomiarów biometrycznych roślin rzepaku. P. Strzeliński – wykonawca w projekcie MRiRW Postęp Biologiczny zad. badawcze 25: „Odporność roślin rzepaku na choroby powodowane przez grzyby i pierwotniaki”.

M. Jedryczka, W. Irzykowski:

- Instytut Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu, Zakład Sond Molekularnych i Proleków, D. Jakubczyk. Wstępne badania nad chemicznym programowaniem grzybów przy użyciu *Ramularia collo-cygni* jako modelu. Współpraca związana z projektem NCN Miniatura 2020/04/X/NZ1/01959.

M. Jędrzycka:

- Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie (G. Borsuk, A. Sulborska, E. Stawiarz) oraz Instytut Agrofizyki PAN w Lublinie (A. Nawrocka), M. Baryluk (pszczelarz); Badanie jakości produktów pszczelich uzyskiwanych w przestrzeni miejskiej; wspólna publikacja (Borsuk i in. DOI 10.1007/s13592-021-00890-6).
- Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Entomologii i Ochrony Środowiska, B. Borowiak-Sobkowiak; Uniwersytet Rzeszowski, Zakład Biologii Doświadczalnej i Chemii, R. Durak; Biologia mszycy konopnej *Phorodon cannabis* oraz zjawisko hormezy, wspólna publikacja (Durak i in. DOI 10.3390/insects12050420).
- Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich w Poznaniu, K. Wielgusz; Uszlachetnianie genetyczne metodą selekcji negatywnej i badania naukowe nad możliwościami uprawy konopi oleistych i włóknistych na glebach lekkich, ubogich w składniki mineralne i o niskim pH; realizacja projektu badawczego prowadzonego na zlecenie IWNiRZ oraz wspólna publikacja (Durak i in. DOI 10.3390/insects12050420).

Ł. Stępień, M. Urbaniak, J. Lalak-Kańczugowska:

- Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Chemii, T. Janeczko. Identyfikacja grzybów entomopatogenicznych o zdolnościach do enzymatycznego przekształcania związków bioaktywnych; wspólne publikacje i patenty.
- Katedra Mykologii, Wydział Biologii, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, A. Biedunkiewicz; identyfikacja gatunkowa drożdży; wymiana osobowa. Publikacja: Kulesza K., Biedunkiewicz A., Nowacka K., Dynowska M., Urbaniak M., Stępień Ł. (2021). *Pathogens*, 10, 446.
- Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Chemii, A. Waśkiewicz, K. Gromadzka. Analiza ilościowa i jakościowa mykotoksyn fuzaryjnych. Wspólne projekty, publikacje.
- Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Agronomii, L. Majchrzak. Analiza ilościowa i jakościowa grzybów infekujących kłosa pszenicy. Wspólne publikacje w przygotowaniu.

- Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Chemii, B. Gierczyk. Identyfikacja gatunkowa oraz analiza filogenetyczna grzybów z rodzaju *Tulostoma*. Wspólna publikacja w przygotowaniu.
- Instytut Biotechnologii Przemysłu Rolno-Spożywczego, Warszawa, M. Bryła, testy antagonistyczne grzybów patogenicznych *Fusarium* i *Trichoderma*; współpraca w ramach projektu OPUS 17.

L. Błaszczak, K. Mikołajczak:

- Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Chemii, Identyfikacja i analiza biochemiczna grzybów endofitycznych wyizolowanych z ziarniaków zbóż. Publikacja: *Sarocladium* and *Lecanicillium* Associated with Maize Seeds and Their Potential to Form Selected Secondary Metabolites. *Biomolecules* 2021, 11,98. <https://doi.org/10.3390/biom11010098>.

W. Świącicki:

- IHAR Radzików, Poznańska Hodowla Roślin Wiatrowo. Współpraca Krajowego Programu Ochrony Zasobów Genowych Roślin Uprawnych, objęta Rządowym Programem Wieloletnim IHAR.

H. Wiśniewska:

- IHAR PIB Radzików, Zakład Fitopatologii, T. Góral, P. Ochodzki. Badania odporności na fuzariozę kłosów u pszenżyta ozimego i pszenicy ozimej za pomocą markerów fenotypowych i metabolicznych.

Publikacje: *Agronomy* 11(1): 16; DOI: 10.3390/agronomy11010016; *Agronomy* 11(9): 1690; DOI: 10.3390/agronomy11091690.

- Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Genetyki i Hodowli Roślin, M.T. Kwiatek. Analiza molekularna form mieszańcowych pszenżyta. Publikacja: *Journal of Applied Genetics* 62 (3): 431-439; DOI: 10.1007/s13353-021-00635-2.

M. Książkiewicz, W. Bielski:

- Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa, B. Kozak, R. Galek, S. Rychel-Bielska. Doskonalenie mapy genetycznej łubinu wąskolistnego i poszukiwanie markerów sprzężonych z cechami użytkowymi w ramach projektu MRiRW na lata 2021-2027 (Zad. 18). Publikacja: *International Journal of Molecular Sciences* 22 (8): 3856; DOI: 10.3390/ijms22083856; złożony projekt OPUS22 we współpracy z IGR (kier. S. Rychel-Bielska).

- Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Genetyki i Hodowli Roślin, J. Nawracała, A. Tomkowiak, D. Kurasiak-Popowska, D. Weigt, J. Niemann. Badania w zakresie identyfikacji układów allelicznych genów fotoneutralności i wczesności u soi w ramach projektu MRiRW na lata 2021-2027 (Zad. 20).

R. Malinowski:

- Instytut Biochemii i Biofizyki PAN w Warszawie, M. Olszak. Analizy fizjologiczne roślin grochu oraz prowadzenie eksperymentów wzrostowych dla roślin porażonych *P. brassicae*. Publikacje: 1) Blicharz S, Beemster GTS, Ragni L, De Diego N, Spichal L, Hernandiz AE, Marczak L, Olszak M, Perlikowski D, Kosmala A, Malinowski R (2021). *Plant J* 106: 1338-1355; DOI: 10.1111/tpj.15240. 2) Stefanowicz K, Szymanska-Chargot M, Truman W, Walerowski P, Olszak M, Augustyniak A, Kosmala A, Zdunek A, Malinowski R (2021). *Frontiers in Plant Science* 12; DOI: 10.3389/fpls.2021.711838.

- Instytut Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu, Ł. Marczak. Analizy metabolomiczne roślin grochu. Publikacja: Blicharz S, Beemster GTS, Ragni L, De Diego N, Spichal L, Hernandez AE, Marczak L, Olszak M, Perlikowski D, Kosmala A, Malinowski R (2021). *Plant J* 106: 1338-1355; DOI: 10.1111/tpj.15240.
- Instytut Agrofizyki PAN w Lublinie, A. Zdunek; spektroskopia Ramana dla komórek olbrzymich narośli wywołanych *P. brassicae* u *A. thaliana*. Stefanowicz K, Szymanska-Chargot M, Truman W, Walerowski P, Olszak M, Augustyniak A, Kosmala A, Zdunek A, Malinowski R (2021). *Frontiers in Plant Science* 12; DOI: 10.3389/fpls.2021.711838.
- Instytut Agrofizyki PAN w Lublinie, M. Szymańska-Chargot, spektroskopia Ramana dla komórek olbrzymich narośli wywołanych *P. brassicae* u *A. thaliana*. Publikacja: Stefanowicz K, Szymanska-Chargot M, Truman W, Walerowski P, Olszak M, Augustyniak A, Kosmala A, Zdunek A, Malinowski R (2021). *Frontiers in Plant Science* 12; DOI: 10.3389/fpls.2021.711838.

D. Kruszka:

- Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Wydział Farmaceutyczny, prof. B. Thiem, Analizy UPLC-HRMS i identyfikacja metabolitów wtórnych w kulturach *in vitro* *Linnaea borealis*.

M. Mokrzycka:

- Politechnika Poznańska, Wydział Matematyki, K. Filipiak - promotor doktoratu, wspólne publikacje na temat struktur kowariancyjnych zmiennych losowych.

Współpraca z podmiotami gospodarczymi

DANKO Hodowla Roślin Sp. z o.o., Oddział HR w Szelejewie; współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp biologiczny, zad. Nr 17/2021. „Mechanizmy odporności na abiotyczne i biotyczne stresy środowiskowe u form introgressywnych życicy wielokwiatowej i życicy trwałej z genami kostrzewy łąkowej lub kostrzewy trzcinowej”, 2021-01-01; 2026-12-31; E. Paszkowski/ **A. Kosmala**, I. Pawłowicz, D. Perlikowski, K. Lechowicz, W. Zwierzykowski

GRUNWALD Hodowla Roślin Sp. z o.o. – Grupa IHAR); współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp biologiczny, zad. Nr 17/2021. „Mechanizmy odporności na abiotyczne i biotyczne stresy środowiskowe u form introgressywnych życicy wielokwiatowej i życicy trwałej z genami kostrzewy łąkowej lub kostrzewy trzcinowej”, 2021-01-01; 2026-12-31; K. Szwarz/ **A. Kosmala**, I. Pawłowicz, D. Perlikowski, K. Lechowicz, W. Zwierzykowski

Poznańska Hodowla Roślin Spółka z o.o. – współpraca w ramach umowy nr 5/POIR/2018/USZCZEGÓLOWIENIE/2019 na wykonanie prac B+R w ramach Poddziałania 1.1.1 „Badania przemysłowe i prace rozwojowe realizowane przez przedsiębiorstwa” Programu Operacyjnego Inteligentny Rozwój, konkurs Narodowego Centrum Badań i Rozwoju nr 2/1.1.1/2018 „Szybka ścieżka” duże przedsiębiorstwa i konsorcja przedsiębiorstw „Nowe kierunki i technologie w hodowli zbóż i roślin strączkowych grubonasiennych dla zrównoważonego rolnictwa” nr POIR.01.01.01-00-0449/18-00, 04.04.2019-31.12.2023; **A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, S. Franaszek, M. Kempa, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak;** prace badawcze dotyczące selekcji genotypów o korzystnych cechach jakościowych na podstawie analiz pełnej technologii pszenicy oraz jęczmienia, a także analizy molekularne związane

z ekspresją genów warunkujących tolerancję zbóż na niedobór wody na materiale roślinnym przekazanym przez firmę hodowlaną.

Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o., Danko Hodowla Roślin Sp. z o.o., Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o.o. Grupa IHAR – współpraca w ramach projektu MRiRW (zadanie nr 14) „Badania asocjacyjne oraz molekularne uwarunkowania odporności jęczmienia jarego na stresy środowiskowe”; 2021-01-01; 2025-12-31; **A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa, M. Bodzak, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak**; badania we współpracy i na materiale przekazanym przez Firmy Hodowlane dotyczące reakcji jęczmienia na stres niedoboru wody, podatności na fuzariozę kłosów, powodowaną przez grzyby z rodzaju *Fusarium* oraz plamistości siatkowej jęczmienia wywołanej przez *Pyrenophora teres*.

Corteva AgriSciences - projekt naukowo-badawczy nr Corteva-IGR1/2021 z dnia 22.02.2021 r. 9 msc.; Optymalizacja terminu ochrony chemicznej rzepaku przed suchą zgnilizną kapustnych w Polsce”; **M. Jędrzycka, J. Kaczmarek**. przychody: 52.275 zł

Innvigo Sp. z o.o. - projekt naukowo-badawczy nr Innvigo-IGR2/2020, umowa z 18.12.2020, czas realizacji 12 msc. Ocena wrażliwości wybranych grzybów chorobotwórczych na fungicydy; **J. Kaczmarek, M. Jędrzycka**; przychody: 25.000 zł.

Poznańska Hodowla Roślin Spółka z o.o. – Oddział HR Wiatrowo, współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp Biologiczny, zad. Nr 21. Identyfikacja genów związanych z odpornością grochu na askochytozę i jej wpływ na sprawność fotosyntetyczną roślin. 01.01. – 31.12.2021, W. Pietruczanis/ **M. Gawłowska, M. Jędrzycka**.

Stacja Dydaktyczno-Badawcza Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego, Tomaszkowo, współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp Biologiczny, zad. Nr 21. Identyfikacja genów związanych z odpornością grochu na askochytozę i jej wpływ na sprawność fotosyntetyczną roślin. 01.01. – 31.12.2021, M. Kaszuba/ **M. Jędrzycka, M. Gawłowska**.

Poznańska Hodowla Roślin Spółka z o.o. – Oddział HR Wiatrowo, współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp Biologiczny, zad. nr 19. „Alkaloidy u łubinu wąskolistnego: zrozumienie molekularnych podstaw procesu biosyntezy i akumulacji w nasionach oraz poszukiwanie form o wysokiej zawartości alkaloidów w zielonych częściach rośliny, przy zachowaniu niskiej zawartości w nasionach”, 01.01. – 31.12.2021, P. Barzyk / **M. Kroc, W. Świącicki**.

Poznańska Hodowla Roślin Spółka z o.o., – Oddział HR Wiatrowo, współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp Biologiczny, zad. nr 18. „Doskonalenie mapy genetycznej łubinu wąskolistnego i poszukiwanie markerów sprzężonych z cechami użytkowymi ze szczególnym uwzględnieniem zawartości białka i alkaloidów”, 01.01.– 31.12.2021, P. Barzyk / **M. Książkiewicz**.

Hodowla Roślin Smolice Sp. z o. o. Grupa IHAR, Oddział Przebędowo, współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp Biologiczny, zad. nr 18. „Doskonalenie mapy genetycznej łubinu wąskolistnego i poszukiwanie markerów sprzężonych z cechami użytkowymi ze szczególnym uwzględnieniem zawartości białka i alkaloidów”, 01.01.– 31.12.2021, S. Stawiński / **M. Książkiewicz**.

WSPÓŁPRACA Z ZAGRANICĄ

Współpraca prowadzona w ramach umów

Institute of Experimental Botany of the Academy of Sciences of the Czech Republic (AS CR), Olomouc, Republika Czeska. **Memorandum of Understanding** (01.01.2019 – 31.12.2021). D. Kopecký, J. Doležel/A. Kosmala, J. Majka. Poznanie mechanizmów związanych z dominacją (sub)-genomów u mieszańców *Festuca* × *Lolium*; staż naukowy J. Majki (2020-2021); 1 publikacja.

National Agri-Food Biotechnology Institute, Mohali, Indie, Projekt NAWA PPN/BIN/2019/1/00142/U/00001 Typ projektu: wymiana bilateralna polsko-indyjska. (1.01.2021-31.12.2022). S. Tiwari / M. Gawłowska, P. Kumar. Przystosowanie metody modyfikowania genomu CRISPR/Cas9 u grochu (*Pisum sativum* L.) dla charakterystyki genów szlaku biosyntezy oligosacharydów. Staż naukowy P. Kumara.

Współpraca prowadzona bez formalnych umów

Humboldt-Universität zu Berlin, Department of Biology, Berlin, Niemcy; K. Kaufmann, C. Smaczniak, P. Krajewski, A. Kielbowicz-Matuk, K. Mikołajczak. Analiza wiązania czynników transkrypcyjnych YABBY do rejonu promotorowego genów: GA20ox1, GA20ox2 (sdw1), GA20ox3 i GA20ox2-like u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.); projekt HARMONIA, kierownik projektu prof. P. Krajewski.

Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Golm, Niemcy; A. Skirycz/ D. Perlikowski, A. Kosmala, I. Pawłowicz, K. Lechowicz. Analiza zmian w lipidomie traw kompleksu *Lolium-Festuca* w warunkach deficytu wody. Publikacja: Perlikowski D., Lechowicz K., Skirycz A., Michaelis A., Pawłowicz I., Kosmala A. (2021). *Plant and Cell Physiology* (praca zaakceptowana).

Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Gatersleben, K. Neumann / P. Krajewski, M. Mokrzycka, H. Ćwiek-Kupczyńska, Złożenie aplikacji projektowej do konkursu NCN OPUS 22 (LAP), wniosek nr 538088 “Prediction-based normalization for developmental heterochrony in parallel molecular-level and phenomic studies in plants”.

Technische Informationsbibliothek (TIB), Niemcy; M. Stocker / **Gottfried Wilhelm Leibniz Universität Hannover, Niemcy**; M-E. Vidal / **Stichting VU, Amsterdam, Holandia**; I. Tiddi / **Pensoft Publishers, Bułgaria**; L. Penev / **Technische Universiteit Delft; Holandia**; A. Schweidtmann / **Universiteit Maastricht, Holandia**; E. Willighagen / **Forschungsverbund Berlin EV, Niemcy**; T. Heger / **Sfax University, Tunezja**; M. Ben Aouicha / **Servicio Madrileño De Salud, Hiszpania**; M. Provencio / **Universidad Politécnica De Madrid, Hiszpania**; E. Menasalvas / **Fundación Para La Investigación Biomédica Del Hospital Es Universitario Puerta De Hierro-Majadahonda, Hiszpania**; M. Torrente / **Institut Fur Angewandte Informatik (INFAI) EV, Niemcy**; S. Hellmann / **University Of Victoria, Kanada**; E. Higgs / **H. Ćwiek-Kupczyńska, P. Krajewski**. Złożenie aplikacji projektowej do konkursu HORIZON-INFRA-2021-EOSC-01, wniosek nr 101058614 “Scholarly Knowledge Graphs for EOSC (SKG4EOSC)”.

Uniwersytet Pavla Jozefa Šafárika w Koszycach, Słowacja, D. Klein / M. Mokrzycka. Wspólne publikacje.

The Plant Accelerator – School of Agriculture, Food and Wine at the University of Adelaide, Adelajda, Australia, B. Berger / A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa, M. Bodzak. Doświadczenia wykorzystujące platformę fenotypowania poprzez analizę obrazu, mające na celu poznanie różnic fenotypowych w całym okresie wegetacji wybranych genotypów jęczmienia jarego – wspólny projekt badawczy oraz wniosek projektowy złożony do Narodowego Centrum Nauki w konkursie OPUS 21 (przyznany).

ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy, F. Cellini, A. Petrozza / A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa. Wspólny projekt badawczy w ramach EPPN2020 dotyczący wysokoprzepustowego fenotypowania jęczmienia jarego.

The National Plant Phenomics Center (NPPC), Institute of Biological, Environmental and Rural Sciences at Aberystwyth University, Aberystwyth, Wielka Brytania, J. Doonan / A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa. Zastosowanie najnowszych technik obrazowania korzeni jęczmienia jarego w warunkach kontrolnych oraz w warunkach deficytu wody na platformie do fenotypowania roślin wyposażonej w najnowsze urządzenia służące do ciągłego, nieinwazyjnego mierzenia parametrów korzeni – wspólny projekt badawczy w ramach EPPN2020 dotyczący wysokoprzepustowego fenotypowania jęczmienia jarego.

Institute for Plant Molecular and Cell Biology, Polytechnic University of Valencia, Walencja, Hiszpania. E. C. Bergua / A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa, M. Bodzak. Pomiary zawartości fitohormonów w badanych genotypach jęczmienia jarego poddanych stresowi niedoboru wody – wspólny projekt badawczy oraz wniosek projektowy złożony do Narodowego Centrum Nauki w konkursie OPUS 21 (przyznany).

Department of Plant Biology, Faculty of Biology, University of Barcelona, Barcelona, Hiszpania. M. Pérez-Llorca, S. Munné-Bosch / A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa, M. Bodzak. Oznaczanie zawartości brassinosteroidów w badanych genotypach jęczmienia jarego poddanych stresowi niedoboru wody – wspólny projekt badawczy.

Institute for Genomic Biology, University of Illinois, Urbana-Champaign, Stany Zjednoczone, S. Long/K. Sobańska. Regeneracja miskanta dla potrzeb transformacji i zwiększenia produkcji biomasy. 1) Przygotowana publikacja “Regeneration of *Miscanthus* × *giganteus* via somatic embryogenesis in callus induced in vegetative tissues of shoot apices” – przesłana do IGB do uzupełnienia i finalnej redakcji. 2) Doniesienie konf. https://genomicscience.energy.gov/pubs/2021abstracts/2021_GSP_Abstract_Book_Final.pdf

Czech University of Life Sciences, Faculty of Agrobiological Sciences, Department of Plant Protection, Praha-Suходol, Republika Czeska; P. Ryšánek/ M. Jędrzycka. Patotypy *Plasmodiophora brassicae* w Republice Czeskiej; staż doktorantki Usha Rani Patar 3 msc. (ERASMUS Plus).

Università Cattolica del Sacro Cuore of Piacenza, Faculty of Agriculture, Food and Environmental Sciences, Piacenza, Włochy; T. Caffi/ M. Jędrzycka. Złożenie projektu Good Cooperation and Innovation on Sustainable farming and Integrated Pest Management; konkurs HORIZON-CL6-2021-FARM2FORK-01-19, ID 101060507; 34 partnerów (Włochy, Hiszpania, Holandia, Niemcy, Polska, Portugalia, Grecja, Belgia, Szwajcaria, Chiny).

Swedish University of Agricultural Sciences, Department of Crop Production Ecology Uppsala, Szwecja, I. Karlsson; Swedish University of Agricultural Sciences, Department of Soil and Environment, Skåra, Szwecja, K. Marzec-Schmidt, K. Pikki; Agroväst Livsmedel, Skåra, Szwecja, T. Börjesson; Lithuanian Research Centre for Agriculture and Forestry, Kedainiai, Litwa, S. Suproniene, S. Janaviciene, Y. Kochiiaru, A. Mankeviciene / M. Jędrzycka. Wspólna publikacja (Marzec-Schmidt i in. DOI 10.3390/toxins13110737).

Technical University of Madrid, Hiszpania, Daniel Palmero/ Ł. Stępień, J. Lalak-Kańczugowska, G. Koczyk, M. Kawaliło. Analiza filogenetyczna szczepów *Fusarium oxysporum* infekujących rośliny szparaga. Publikacja: Brizuela, AM., Lalak-Kańczugowska, J., Koczyk, G., Stępień, Ł., Kawaliło, M., Palmero, D. (2021). Journal of Fungi, 7, 1056.

BPMP (Biochemistry and Plant Molecular Physiology), University of Montpellier, CNRS, INRAE, Institut Agro, Montpellier, France. B. Peret, B. Hufnagel. /M. Kroc. Opracowanie pangenomu łubinu białego. Publikacja: Plant Biotechnology Journal 19: 2532-2543.

Plant Physiology and Functional Genomics Research Unit, Institute of Biotechnology, University of Sfax, Tunisia. S. Kouas/ M. Neji. Zmienność jakości paszy w tunezyjskich populacjach *Brachypodium hybridum* w odpowiedzi na niedobór fosforu. Publikacja: Crop Science 61(6): 4038-4054.

Laboratory of Extremophile Plants, Centre of Biotechnology of Borj Cedria, BP 901 Hammam Lif 2050, Tunisia. C. Abdelly/ M. Neji. Zmienność jakości paszy w tunezyjskich populacjach *Brachypodium hybridum* w odpowiedzi na niedobór fosforu. Publikacja: Crop Science 61(6): 4038-4054

Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation (CSIRO) / University of Western Australia, Perth, Australia, M. Nelson / M. Książkiewicz, P. Plewiński. Wymiana materiałów roślinnych, współpraca w tematyce molekularnych podstaw wczesności kwitnienia łubinu żółtego, złożony projekt OPUS21.

Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation (CSIRO) M. Nelson, L. Kamphuis / W. Bielski, współpraca w tematyce molekularnych podstaw mechanizmów zmienności indukcji kwitnienia i odpowiedzi na wernalizację u dzikich łubinów Starego Świata, złożony projekt SONATINA5.

The Research Institute of Organic Agriculture (FiBL), M. Lazzaro, M. Messmer / M. Książkiewicz. Współpraca ukierunkowana na opracowanie narzędzi molekularnych do selekcji łubinu białego w kierunku odporności/tolerancji na antraknozę i niskiej zawartości alkaloidów, wspólna publikacja w Plant Disease, ogłoszony nabór na doktoranta

(doktorat będzie realizowany w IGR PAN w trybie eskternistycznym, planowany promotor – M. Książkiewicz, planowany promotor pomocniczy – dr M. Messmer)

Centro di Ricerca per le Produzioni Foraggere e Lattiero Casearie, Lodi, Włochy, P. Annicchiarico, B. Ferrari, N. Nazzicari / M. Książkiewicz, W. Bielski; wymiana materiałów roślinnych, współpraca w tematyce molekularnych podstaw wczesności kwitnienia łubinu białego, złożony projekt OPUS21, wspólna publikacja w Plant Disease.

U.S. Department Of Agriculture, Southern Plains Agricultural Research Center, College Station, Texas, USA, J. Udall / M. Książkiewicz. Współpraca w kierunku sekwencjonowania genomu łubinu żółtego, przyznany projekt OPUS21.

Laboratory for Integrated Molecular Plant Physiology Research (IMPRES), Department of Biology, University of Antwerpia, Belgia. G. Beemster / R. Malinowski, S. Blicharz. Analizy morfometryczne wzrostu i rozwoju liści grochu. Publikacja: Blicharz S, Beemster GTS, Ragni L, De Diego N, Spichal L, Hernandiz AE, Marczak L, Olszak M, Perlikowski D, Kosmala A, Malinowski R (2021). Plant J 106: 1338-1355; DOI: 10.1111/tpj.15240.

ZMBP-Center for Plant Molecular Biology, University of Tübingen, Tübingen, Niemcy. L. Ragni / R. Malinowski, S. Blicharz. Analizy morfometryczne wiązek przewodzących grochu. Publikacja: Blicharz S, Beemster GTS, Ragni L, De Diego N, Spichal L, Hernandiz AE, Marczak L, Olszak M, Perlikowski D, Kosmala A, Malinowski R (2021). Plant J 106: 1338-1355; DOI: 10.1111/tpj.15240.

Department of Chemical Biology and Genetics, Centre of the Region Haná for Biotechnological and Agricultural Research, Faculty of Science, Palacký University, Olomouc, Czech Republic. N. de Diego, L. Spichal/ Malinowski R., Blicharz S. Analizy fizjologiczne z wykorzystaniem komory do wysokoprzepustowego fenotypowania roślin. Publikacja: Blicharz S, Beemster GTS, Ragni L, De Diego N, Spichal L, Hernandiz AE, Marczak L, Olszak M, Perlikowski D, Kosmala A, Malinowski R. (2021) Plant J 106: 1338-1355; DOI: 10.1111/tpj.15240.

WYMIANA OSOBOWA

Wizyty gości zagranicznych

Benita Ortega Berlanga, Universidad Autónoma de San Luis Potosi, Meksyk. 15.09.2021-14.09.2023; T. Pniewski. Cel: realizacja projektu NCN – POLS.

Lili Toth, University of Debrecen, Hungary, 01.10-15.01.2021 r.; Ł. Stępień, M. Urbaniak. Cel: izolacja i identyfikacja grzybów *Fusarium* zasiedlających kłosa pszenicy w warunkach zmiennej agrotechniki.

Wizyty uczonych z placówek krajowych

Natasza Borodynko-Filas, Katarzyna Sadowska, Sylwia Stępniewska-Jarosz, Klinika Chorób Roślin Instytutu Ochrony Roślin – Państwowego Instytutu Badawczego w Poznaniu. Pobyt krótkoterminowy (miesięczny) w październiku 2021 r. Opiekun: M. Urbaniak, Ł. Stępień.

Wyjazdy krótkoterminowe

A. Kuczyńska, pobyt krótkoterminowy, 23.10.2021 - 06.11.2021, ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy. Zebranie materiału roślinnego, nagranie raportu końcowego w ramach projektu EPPN, ustalenia dotyczące kolejnego projektu (MRiRW zadanie 14).

K. Mikołajczak, pobyt krótkoterminowy, 23.10.2021 - 06.11.2021, ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy. Zebranie materiału roślinnego, nagranie raportu końcowego w ramach projektu EPPN, ustalenia dotyczące kolejnego projektu (MRiRW zadanie 14).

Wyjazdy długoterminowe

J. Majka - staż podoktorski, długoterminowy, 12.02.2020 - 31.12.2021, **Institute of Experimental Botany AS CR, Centre of Structural and Functional Genomics, Olomouc, Czechy**; D. Kopecký, J. Doležel. Uczestnictwo w projekcie UEB CAS, nr 20-10019S: Genomic dominance as a force shaping evolution of plant wide hybrids. Projekt dotyczy analizy procesów i ich mechanizmów, związanych z dominacją (sub)-genomów u mieszańców m.in. *Festuca* × *Lolium*.

P. Kumar - pobyt długoterminowy, 19.03 - 11.06.2021 w ramach projektu NAWA w **National Agri-Food Biotechnology Institute (NABI), Mohali, Indie**, S. Tiwari. Trening w laboratorium partnera indyjskiego odnośnie kultur tkankowych i transformacji genetycznej.

M. Majka - staż podoktorski, długoterminowy, 01.01.2021 - 31.12.2021, **Centre of Plant Structural and Functional Genomics, Institute of Experimental Botany AS CR, Olomouc, Czechy**, Miroslav Valarik.

D. Kruszka - staż długoterminowy, 1.11.2020 - 30.04.2021. Stypendium Narodowej Agencji Wymiany Akademickiej w ramach Programu im. Iwanowskiej, **Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research w Gatersleben, Niemcy**, J. Szymański. Prace nad bioinformatyczną analizą danych lipidomicznych z doświadczeń z dużymi populacjami roślinnych materiałów genetycznych.

KONFERENCJE I SPOTKANIA NAUKOWE – ORGANIZACJA I UDZIAŁ

Organizacja konferencji

International Conference on Trends and Perspectives in Linear Statistical Inference, LinStat'2020, Będlewo & Online, 29.08.2021 – 4.09.2021, konferencja międzynarodowa, organizatorzy: Uniwersytet Pavla Jozefa Šafárika w Koszycach, Słowacja, Politechnika Poznańska, Linköping University, Szwecja, Slovak Academy of Sciences in Bratislava, Slovakia, IGR PAN - M. Mokrzycka, Centrum Matematyczne im. Stefana Banacha, Instytut Matematyczny PAN, Warszawa, liczba uczestników: 82.

XLVII Konferencja „Statystyka Matematyczna”, Będlewo & Online, 28.11.2021 – 3.12.2021, konferencja krajowa, organizatorzy: PP, UAM w Poznaniu, UP w Poznaniu, IGR PAN - M. Mokrzycka, Centrum Matematyczne im. Stefana Banacha, Instytut Matematyczny PAN, Warszawa, liczba uczestników: 66.

Multivariate and Mixed Linear Models, Będlewo & Online, 9-16.06.2021, mini-konferencja międzynarodowa, organizatorzy: UP w Poznaniu, IGR PAN - M. Mokrzycka, Centrum Matematyczne im. Stefana Banacha, Instytut Matematyczny PAN, Warszawa, liczba uczestników: 15.

Multivariate and Mixed Linear Models, Będlewo & Online, 13-19.06.2021, konferencja międzynarodowa, organizatorzy: UP w Poznaniu, IGR PAN - M. Mokrzycka, Centrum Matematyczne im. Stefana Banacha, Instytut Matematyczny PAN, Warszawa, liczba uczestników: 24.

Webinaria Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego (1× w miesiącu); M. Jędrzycka – organizatorka serii ogólnopolskich webinarium.

Konferencja online „MycoRise Up! Młodzi w Mykologii 2021”, 23-25 kwietnia 2021; M. Urbaniak, <https://mycoriseup.wixsite.com/konferencja/organizing-committee>.

Seminaria naukowe IGR PAN

22.01.2021 dr inż. Joanna Cerazy-Waliszewska (IGR PAN)

„Effect of arsenic stress on physiological and morphological responses as well as selected chemical elements uptake of two ecotype of *Miscanthus*”

19.02.2021 prof. dr hab. Wojciech Świącicki, czł. rzec. PAN (IGR PAN)

„Diversification of feed protein sources for food security – domestic sources vs. soya meal”

19.03.2021 dr Agata Daszkowska-Golec (Uniwersytet Śląski)

„Towards understanding the genetic mechanisms of drought response in barley using functional genomics”

16.04.2021 dr hab. Lidia Błaszczuk (IGR PAN)

„The molecular basis of wheat responses to *Trichoderma* spp. root colonization”

14.05.2021 dr Selvakesavan Rajendran Kamalabai (IGR PAN)

„Impact of silver and gold nanoparticles on cell viability, secondary metabolite accumulation and gene expression in cells of *Hypericum perforatum*”

23.06.2021 dr Magdalena Kroc (IGR PAN)

„Towards understanding of the biosynthesis and accumulation of lupin alkaloids”

29.10.2021 dr Dibyendu Mondal (IGR PAN)

„Neoteric solvents assisted sustainable strategies for enhanced protein packaging with improved stability and activity”

26.11.2021 dr Danuta Babula-Skowrońska (IGR PAN)

„New elements of ABA signaling pathway as an effect of structural and functional divergence of genes in the *Brassica* genus”

17.12.2021 prof. dr hab. Magdalena Frąc (Instytut Agrofizyki PAN)

„New biotechnological solutions for diagnostics, control and monitoring of key fungal pathogens in organic cultivation of soft fruits”

Udział w krajowych i międzynarodowych konferencjach naukowych

Krajowe:

XLVII Konferencja „Mathematical Statistics”, Będlewo, 28.11.2021 - 3.12.2021;
M. Mokrzycka (członek komitetu organizacyjnego, doniesienie ustne).

Mini-Conference “Multivariate and Mixed Linear Models”, Będlewo, 8-14.11.2021;
M. Mokrzycka (członek komitetu organizacyjnego, doniesienie ustne).

Konferencja „Genetyka aplikacyjna roślin - wyzwania XXI wieku”, Warszawa, 22-24.09.2021:

- **K. Czyż** (doniesienie ustne),
- **M. Książkiewicz** (doniesienie ustne oraz poster),
- **R. Malinowski** (doniesienie ustne).

I Ogólnopolska Konferencja Naukowa “OZE – Energia przyszłości”, konferencja online, 28.04.2021:

- **J. Cerazy-Waliszewska** (doniesienie ustne),
- **K. Sobańska** (doniesienie ustne).

IX Międzyuczelniane Sympozjum Biotechnologiczne "Symbioza", Warszawa, 21-23.05.2021; **K. Sobańska** (poster).

IX Ogólnopolska Konferencja Interdyscyplinarna "EUREKA", On-line, 10.06.2021;
K. Sobańska (doniesienie ustne).

10th PSEPB, Katowice, 20-23.09.2021; **K. Sobańska** (poster).

Genetyka Aplikacyjna Roślin. Wyzwania XXI wieku, Warszawa 20-24.09.2021;
K. Sobańska (doniesienie ustne).

54. Konferencja Mikrobiologiczna „Mikrobiologia rolnicza i medyczna”, Lublin, 20-21.09.2021, **M. Jędrzycka** (wykład inauguracyjny „Aeromykologia rolnicza i medyczna - wczoraj, dziś i jutro”, członek Komitetu Naukowego, przewodniczenie Komisji ds. oceny plakatów, przewodniczenie sesji V „Mikroorganizmy w przemyśle i ochronie środowiska”).

61. Sesja Naukowa Instytutu Ochrony Roślin - PIB, Poznań, 10-12.02.2021; **M. Jędrzycka** (członek Komitetu Naukowego).

Konferencja Aerobiologiczna „Różne oblicza aerobiologii”, 13-14.05.2021, Rzeszów;
M. Jędrzycka (referat „Miejsce aerobiologii w nowej proekologicznej strategii Unii

Europejskiej ‘Nowy Zielony Ład’; przeprowadzenie i przedstawienie wyników ankiety „Blaski i cienie życia naukowca”).

10th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology, Katowice, Polska, 20-23.09.2021; **A. Basińska-Barczak** (doniesienie ustne).

Ogólnopolska konferencja mykologiczna dla studentów i doktorantów „MycoRise Up! Młodzi w mykologii”, Poznań (online), 23-25.04.2021:

- **M. Jędrzycka** (wykład wiodący na zaproszenie „Fascinating world of aeromycology”, członek Komitetu Naukowego),
- **K. Mikołajczak, S. Salamon, L. Błaszczyk** (2 doniesienia ustne),
- **A. Twardawska** (doniesienie ustne).

50 Zjazd Ogrodów Botanicznych i Arboretów w Polsce, Bydgoszcz, 17-18.06.2021, **W. Święcicki** (doniesienie ustne „Wielka piątka roślin, które zmieniały bieg historii”).

Międzynarodowe:

34th Meeting of the Eucarpia Fodder Crops and Amenity Grasses Section, Freising, Niemcy, 6-8.09.2021; **A. Kosmala** (doniesienie ustne – invited speaker).

13th International Conference on Agrophysics: „Agriculture in Changing Climate”, Lublin, Polska, 15-16.11.2021:

- **A. Kosmala** (członek komitetu naukowego, doniesienie ustne – keynote speaker),
- **M. Jędrzycka** (doniesienie ustne „Prospects of biocontrol of oilseed rape pathogens”),
- **M. Urbaniak, Ł. Stępień** (poster),
- **L. Błaszczyk** (poster).

International Conference on Trends and Perspectives in Linear Statistical Inference, LinStat’2020, Będlewo & Online, 29.08.2021 - 4.09.2021; **M. Mokrzycka** (członek komitetu organizacyjnego, poster).

Grupa badawcza „Multivariate and Mixed Linear Models”, Będlewo, Poland, 13-19.06.2021; **M. Mokrzycka** (członek komitetu organizacyjnego, doniesienie ustne).

ICPSBB, Złote Piaski, Bułgaria 14-17.06.2021, **K. Sobańska** (doniesienie ustne i poster).

SEB 2021 Annual Conference online, 28.06. - 8.07.2021:

- **Kuczyńska** (poster),
- **K. Mikołajczak** (poster).

„Plant productivity and food safety: Soil science, Microbiology, Agricultural Genetics and Food quality”, UMK, Toruń, 15-17.09.2021; **M. Jędrzycka** (udział bierny).

1st International Electronic Conference on Toxins, online, 16-31.01.2021. **M. Urbaniak, Ł. Stępień** (poster).

15th European *Fusarium* Seminar, 31.05.-1.06.2021, Ghent, Belgium:

- **L. Perincherry** (referat),
- **J. Lalak-Kańczugowska** (referat),
- **Ł. Stępień** (poster).

International Conference on Plant Systems Biology and Biotechnology (ICPSBB), Bułgaria, 14-17.06.2021; **A. Basińska-Barczak** (doniesienie ustne).

EMBL Symposium: Multiomics to Mechanisms: Challenges in Data Integration, Heidelberg, Germany, 15-17.09.2021; **D. Kruszka** (poster).

REFERATY WYGŁOSZONE W KRAJU I ZA GRANICĄ, NA ZAPROSZENIE INSTYTUCJI NAUKOWYCH

Krajowe

Tomasz Pniewski „Cząstki wirusopodobne otrzymywane w roślinach jako szczepionki oraz nośniki biofarmaceutyków i nanocząstek” – webinarium PTFit, 15.01.2021.

Tomasz Pniewski „Cząstki wirusopodobne otrzymywane w roślinach jako szczepionki oraz nośniki biofarmaceutyków i nanocząstek” – webinarium PTG, 24.02.2021.

Lidia Błaszczyk „Interakcje roślin pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) z grzybami *Trichoderma*” w ramach spotkań Polskiego Towarzystwa Genetycznego, online, 26.05.2021.

Karolina Susek „INCREASE”, Biuro PolSCA (online), 30.11.2021.

Michał Książkiewicz „Molecular mechanisms underlying early flowering in lupins and soybean”. Seminarium Katedry Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Warszawa, 3.12.2021.

Zagraniczne

Hanna Ćwiek-Kupczyńska „Semantic modelling of plant phenotyping experiment analysis for dataset discovery”; IPK Waterman-Seminar; IPK, Gatersleben, Germany (online), 26.05.2021.

LISTA PROJEKTÓW REALIZOWANYCH W 2021 r.

EU; Horyzont 2020; Europejska Sieć Fenotypowania Roślin 2020; 731013; 2017-05-01 - 2021-10-31; Paweł Krajewski

EU; Horyzont 2020; NANOPLANT: Utworzenie Zakładu Nanotechnologii Roślin w celu maksymalizacji wpływu kultury ERA Chair na IGR PAN; 856961; 2019-09-01 - 2024-08-31; Franklin Gregory

EU; Horyzont 2020; INCREASE - Inteligentne Kolekcje Roślin Strączkowych Zasoby Genetyczne dla Europejskich Systemów Rolno-Spożywczych; 862862; 2020-05-01 - 2025-05-01; Karolina Susek

EU COST Action (The European Cooperation in Science and Technology); **EPI-CATCH** - EPIgenetic mechanisms of Crop Adaptation To Climate cHange; EU CA19125; 2020-09-17; 2024-09-16; Karolina Susek/ Magdalena Kroc; Koordynator: F. Martinelli (University of Florence, Włochy)

NCN; HARMONIA; Mechanizmy leżące u podstaw ewolucji genomów roślinnych, dywersyfikacji i specjacji; 2015/18/M/NZ2/00422; 2016-05-13; 2022-05-12; Susek Karolina

NCN; HARMONIA; Regulacja ekspresji genu półkarłowatości *sdw1/denso* u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.) i jej związek z architekturą i fizjologią roślin; 2016/22/M/NZ9/00251; 2017-04-18 - 2022-04-17; Paweł Krajewski

NCN; OPUS; Geneza i rozpowszechnienie zdolności do biosyntezy oraz metabolizmu makrolaktonów wśród grzybów wyższych; 2016/21/B/NZ9/01875; 2017-03-07; 2022-03-06; Grzegorz Koczyk

NCN; OPUS; Wgląd w molekularne mechanizmy tolerancji deficytu wody i regeneracji po jego ustąpieniu u wybranych gatunków i mieszańców traw pastewnych kompleksu *Lolium-Festuca*; 2016/23/B/NZ9/00820; 2017-07-03 - 2021-07-02; Arkadiusz Kosmala

NCN; OPUS; Zastosowanie innowacyjnych narzędzi badawczych do poznania sieci molekularno-genetycznych uwarunkowań szlaku biosyntezy hiperycyny; 2016/23/B/NZ9/02677; 2017-07-03 - 2022-07-02; Franklin Gregory

NCN; OPUS; Plastyczność odpowiedzi poliploidów na stresy środowiskowe: zbadanie regulonu ABI1/HB6 w warunkach stresów solnego i suszy u rzepaku (*Brassica napus* L.); 2016/23/B/NZ9/02175; 2017-07-26 - 2021-12-25; Danuta Anna Babula-Skowrońska

NCN; OPUS; Wyjaśnianie współdziałania hormonów i jego roli w kształtowaniu architektury roślin jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.); 2016/23/B/NZ9/03548; 2017-09-06 - 2021-09-05; Anetta Krystyna Kuczyńska

NCN; OPUS; HyperAgro: Interakcja *Hypericum- Agrobacterium* jako model pozwalający zrozumieć zjawisko obrony związanej z patogenezą u roślin opornych na transformację; 2017/25/B/NZ9/00720; 2018-02-07 - 2022-02-06; Franklin Gregory

NCN; OPUS; Role enzymów litycznych i mykotoksyn wytwarzanych przez grzyby *Fusarium* w procesie patogenezы, oraz metabolitów odpowiedzialnych za odpowiedź obronną roślin; 2017/25/B/NZ9/01210; 2018-02-09 - 2022-02-08; Łukasz Wojciech Stępień

NCN; OPUS; Dynamika mykobiomu endosfery pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) i jej wpływ na wzrost i kondycję rośliny; 2017/27/B/NZ9/01591; 2018-06-29 - 2022-03-28; Lidia Błaszczyk

NCN; OPUS; Funkcja białka jądrowego StBBX20 w regulacji czasu kwitnienia i tuberyzacji u ziemniaka uprawnego; 2018/29/B/NZ9/01457; 2019-03-01 - 2022-02-28; Agnieszka Anna Kielbowicz-Matuk

NCN; OPUS; Waskularna koordynacja długodystansowa u roślin porażonych przez *Plasmiodiophora brassicae*; 2019/33/B/NZ9/00751; 2020-02-05 - 2023-02-04; Robert Malinowski

NCN; OPUS; Architektura genetyczna nasion: ewolucyjne podejście do identyfikacji molekularnych podstaw zmienności fenotypowej u roślin strączkowych (łubinu białego i fasoli zwyczajnej); 2019/35/B/NZ8/04283; 2020-07-20 - 2024-07-19; Karolina Susek

NCN; OPUS; Melatonina jako nadrzędny czynnik w kształtowaniu architektury korzenia i adaptacji do suszy przez regulację współdziałania fitohormonów u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.); 2019/35/B/NZ9/00208; 2020-07-27 - 2023-07-26; Anetta Krystyna Kuczyńska

NCN; OPUS; Wpływ płci żywiciela na odpowiedź immunologiczną i protekcję po doustnej immunizacji proteazą cysteinową *Fasciola hepatica* i zarażeniu tym pasożytem.; 2019/35/B/NZ6/04002; 2020-09-10 - 2024-09-09; Tomasz Pniewski, Agnieszka Wesołowska, Małgorzata Kęsik-Brodacka

NCN; OPUS; Odpowiedź immunologiczna po iniekcyjno-doustnej ko-immunizacji antygenami HBV pochodzenia roślinnego polaryzującymi odpowiedź w kierunku Th1 lub Th2, w kontekście potencjalnej terapii chronicznego wzwb; 2020/37/B/NZ6/02334; 2021-02-22 - 2025-02-21; Tomasz Pniewski, Agnieszka Wesołowska, Małgorzata Kęsik-Brodacka

NCN; OPUS; Charakterystyka rodziny lipokalin oraz ich funkcja w stabilizowaniu aparatu fotosyntetycznego podczas stresu oksydacyjnego u *Festuca glaucescens*; 2020/39/B/NZ9/02488; 2021-07-02 - 2025-07-01; Izabela Pawłowicz

NCN; SONATA; Dynamika zmian genomu w ewolucji i utrzymaniu zdolności symbiotycznego wiązania azotu; w świetle starych ewolucyjnie linii roślin strączkowych; 2016/21/D/NZ8/01300; 2017-03-03; 2022-03-02; Katarzyna Barbara Czyż

NCN; SONATA; Zmiany ekspresji genów na poziomie całego genomu liścia flagowego jęczmienia pod wpływem stresów abiotycznych działających simultanicznie; 2016/23/D/NZ9/00043; 2017-08-10 - 2021-08-09; Krzysztof Mikołajczak

NCN; SONATA; Czynn timeranskrypcyjny HvGAMYB w regulacji kwitnienia i jego związek z odpowiedzią fotoperiodyczną w warunkach stresu suszy u jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.); 2016/23/D/NZ9/00042; 2017-08-10 - 2022-02-09; Piotr Ogrodowicz

NCN; POLS; Immunogenność otrzymywanych w roślinach chimerycznych cząstek wirusopodobnych formowanych przez HBcAg prezentujący epitopy HBsAg do potencjalnej terapii chronicznego zapalenia wątroby typu B.; 2020/37/K/NZ7/02387; 2021-09-15 - 2023-09-14; Benita Ortega Berlanga

NCN; PRELUDIUM; Zróżnicowane losy chromosomów łubinów; 2016/23/N/NZ2/01509; 2017-07-06 - 2020-01-05; Wojciech Bielski

NCN; PRELUDIUM; Analiza molekularnych mechanizmów mrozoodporności u form introgresywnych *Lolium multiflorum/Festuca arundinacea*; 2017/25/N/NZ9/00001; 2018-02-01 - 2020-01-31; Adam Augustyniak

NCN; PRELUDIUM; Zmienność potencjału biosyntezy depsipeptydów pod wpływem czynników regulacyjnych wśród przedstawicieli fito- i entomopatogenów u *Hypocreales*; 2017/25/N/NZ9/02525; 2018-02-21 - 2021-02-20; Monika Ewa Urbaniak

NCN; PRELUDIUM; Wpływ zmian w profilu ekspresji genów kodujących białka CesA, PAL i WAK podczas stresu chłodu na skład i strukturę ściany komórkowej *Miscanthus sinensis*; 2018/29/N/NZ9/00854; 2019-01-02 - 2022-01-01; Karolina Sobańska

NCN; PRELUDIUM; Zastosowanie techniki edycji genomu CRISPR/Cas9 w celu charakterystyki genów odporności na kiłę kapusty u *Arabidopsis thaliana*; 2019/33/N/NZ9/01048; 2020-03-16 - 2022-03-15; Juan Camilo Ochoa

NCN; ETIUDA; Charakterystyka cytogenetyczna *Festuca pratensis* oraz allotetraploidalnego mieszańca *Festuca pratensis* × *Lolium perenne*; 2018/28/T/NZ9/00074; 2018-10-01 - 2019-09-30; Joanna Majka

NCN; ETIUDA; Analiza cytomolekularna i fenotypowa oraz ocena odporności na grzyby patogeniczne form pszenżyta ozimego (× *Triticosecale* Wittm.) z introgresją chromatyny *Aegilops tauschii* Coss.; 2018/28/T/NZ9/00073; 2019-01-31 - 2020-01-31; Maciej Majka

NCN; MINIATURA; Ocena wzrostu i fotosyntezy dwóch rodzajów sadzonek wybranych ekotypów *Miscanthus* × *giganteus* w warunkach stresu zanieczyszczenia gleby arsenem; 2019/03/X/NZ9/00064; 2019-11-07 - 2021-03-06; Joanna Cerazy-Waliszewska

NCN; MINIATURA; Badania pilotażowe nowego mechanizmu regulacji niskiej zawartości alkaloidów w nasionach łubinu wąskolistnego, poprzez powiązanie poziomu ekspresji genów szlaku biosyntezy alkaloidów z akumulacją tych związków w poszczególnych organach rośliny; 2019/03/X/NZ1/02009; 2019-12-21 - 2021-06-09; Magdalena Katarzyna Kroc

NCN; MINIATURA; Identyfikacja wysokocząsteczkowych (HMW-GS) i niskocząsteczkowych podjednostek gluteninowych (LMW-GS) oraz wstępna ocena jakościowa ziarna pszenjemienia (*Triticordeum*); 2020/04/X/NZ9/02217; 2020-12-11 - 2021-12-10; Sławomir Jacek Franaszek

NCBR; BIOSTRATEG; Zintegrowana strategia dla reaktywacji polskiej hodowli pszenicy heterozyjnej; BIOSTRATEG3/343665/6/NCBR/2017; 2017-08-21 - 2022-12-31; Paweł

Bolesław Krajewski, Stefan Malepszy, Stefan Stojałowski, Mirosław Tyrka, Michał Rokicki, Przemysław Matysik

NCBR; LIDER; Wykorzystanie inżynierii chromosomowej w celu efektywnego transferu segmentów chromosomów nieuprawnych gatunków kozińców (*Aegilops* sp.) zawierających geny odpowiedzialne za odporność/ tolerancję na choroby wywoływane przez grzyby patogeniczne do pszenżyta uprawnego (\times *Tritosecale* Wittmack); LIDER/3/0004/L-8/16/NCBR/2017; 2018-02-01 - 2021-01-31; Michał Tomasz Kwiatek

NAWA; program im. W. Iwanowskiej; Closing the gap between predicted and observed complexity of rapeseed lipidome - integration of metabolic modeling into mass-spectrometry data analysis; PPN/IWA./2019/1/00033/DEC/1; 2020-11-1 - 2021-04-30; Dariusz Kruska

NAWA, wymiana bilateralna polsko-indyjska; Development of CRISPR/Cas9 mediated genome editing in pea (*Pisum sativum* L.) for characterization of oligosaccharide pathway genes. PPN/BIN/2019/1/00142/U/00001; 2021-01-01 - 2022-12-31; Magdalena Gawłowska, Pankaj Kumar

MRiRW; Postęp Biologiczny; Badania asocjacyjne oraz molekularne uwarunkowania odporności jęczmienia jarego na stresy środowiskowe; Zad. 14; 2021-2025; Anetta Kuczyńska

MRiRW; Postęp Biologiczny; Mechanizmy odporności na abiotyczne i biotyczne stresy środowiskowe u form introgressywnych życicy wielokwiatowej i życicy trwałej z genami kostrzewy łąkowej lub kostrzewy trzcinowej; Zad. 17; 2021-2026; Arkadiusz Kosmala

MRiRW; Postęp Biologiczny; Doskonalenie mapy genetycznej łubinu wąskolistnego i poszukiwanie markerów sprzężonych z cechami użytkowymi ze szczególnym uwzględnieniem zawartości białka i alkaloidów; Zad. 18; 2021-2027; Michał Książkiewicz;

MRiRW; Postęp Biologiczny; Alkaloidy u łubinu wąskolistnego: zrozumienie molekularnych podstaw procesu biosyntezy i akumulacji w nasionach oraz poszukiwanie form o wysokiej zawartości alkaloidów w zielonych częściach rośliny, przy zachowaniu niskiej zawartości w nasionach; Zad. 19; 2021 - 2027; Magdalena Kroc

MRiRW; Postęp Biologiczny; Identyfikacja genów związanych z odpornością grochu na askochytozę i jej wpływ na sprawność fotosyntetyczną roślin; Zad. 21; 2021 - 2025; Małgorzata Jędrzycka

MRiRW; Postęp Biologiczny; Odporność roślin rzepaku na choroby powodowane przez grzyby i pierwotniaki; Zad. 25; 2021 - 2026; Małgorzata Jędrzycka

WYKAZ PUBLIKACJI

Artykuły w czasopismach naukowych

Lp.	Autorzy - Tytuł	Impact Factor	Punkty MNiSW
1.	Manawasinghe, IS., Phillips, AJL., Xu, J., Balasuriya, A., Hyde, KD., Stepień, Ł. , Harishchandra, DL., Karunarathna, A., Yan, J., Weerasinghe, J., Mei, L., Dong, Z., Cheewangkoon, R. (2021). Defining a species in plant pathology: beyond the species level. <i>Fungal Diversity</i> 109: 267-282. DOI: 10.1007/s13225-021-00481-x	20,372	200
2.	Winkelmuller, TM., Entila, F., Anver, S., Piasecka, A., Song, BX., Dahms, E., Sakakibara, H., Gan, XC., Kulak, K., Sawikowska, A., Krajewski, P. , Tsiantis, M., Garrido-Oter, R., Fukushima, K., Schulze-Lefert, P., Laurent, S., Bednarek, P., Tsuda, K. (2021). Gene expression evolution in pattern-triggered immunity within <i>Arabidopsis thaliana</i> and across Brassicaceae species. <i>Plant Cell</i> 33 (6): 1863-1887. DOI 10.1093/plcell/koab073	11,277	200
3.	Manohara H.M. Nayak S.S., Franklin G. , Nataraj., SK., Mondal D. (2021) Progress in marine derived renewable functional materials and biochar for sustainable water purification. <i>Green Chemistry</i> , 23:8305-8331. DOI 10.1039/D1GC03054J	10,182	200
4.	Selvakesavan R.K., Franklin G. (2021) Robust <i>in vitro</i> culture tools suitable for sustainable bioprospecting of the genus <i>Hypericum</i> . <i>Industrial Crops and Products</i> , 170: 113715. DOI 10.1016/j.indcrop.2021.113715	5,645	200
5.	Selvakesavan R.K., Franklin G. (2021) Prospective Application of Nanoparticles Green Synthesized Using Medicinal Plant Extracts as Novel Nanomedicines. <i>Nanotechnology, Science and Applications</i> , 14: 179–195. DOI 10.2147/NSA.S333467	-	200
6.	Hufnagel, B., Soriano, A., Taylor, J., Divol, F., Kroc, M. , Sanders, H., Yeheyis, L., Nelson, M., Peret, B. (2021). Pangenome of white lupin provides insights into the diversity of the species. <i>Plant Biotechnology Journal</i> 19: 2532-2543. DOI 10.1111/pbi.13678	9,803	140
7.	Pradeep M., Kruszka D., Kachlicki P, Mondal D, Franklin G. (2021). Uncovering the Phytochemical Basis and the Mechanism of Plant Extract-Mediated Eco-Friendly Synthesis of Silver Nanoparticles Using Ultra-Performance Liquid Chromatography Coupled with a Photodiode Array and High-Resolution Mass Spectrometry. <i>ACS Sustainable Chemistry and Engineering</i> . DOI 10.1021/acssuschemeng.1c06960	8,198	140
8.	Glombik, M., Copetti, D., Bartoš, J., Stočes, S., Zwierzykowski, Z. , Ruttink, T., Wendel, J.F., Duchoslav, M., Doležel, J., Studer, B., Kopecký, D. (2021). Reciprocal allopolyploid grasses (<i>Festuca</i> × <i>Lolium</i>) display stable patterns of genome dominance; <i>The Plant Journal</i> 107: 1166-1182. DOI 10.1111/tbj.15375	6,486	140
9.	Blicharz, S. , Beemster, G.T.S., Ragni, L., De Diego, N., Spíchal, L., Hernández, A.E., Marczak, Ł., Olszak, M., Perlikowski, D., Kosmala, A., Malinowski, R. (2021). Phloem exudate metabolic content reflects the response to water deficit stress in pea plants (<i>Pisum sativum</i> L.); <i>The Plant Journal</i> 106: 1338-1355. DOI 10.1111/tbj.15240	6,486	140
10.	Bellucci, E., Aguilar, OM., Alseekh, S., Bett, K., Brezeanu, C., Cook, D., de la Rosa, L., Delledonne, M., Dostatny, DF., Ferreira, JJ., Geffroy,	6,417	140

	V., Ghitarrini, S., Kroc, M. , Agrawal, SK., Logozzo, G., Marino, M., Mary-Huard, T., McClean, P., Meglic, V., Messer, T., Muel, F., Nanni, L., Neumann, K., Servalli, F., Strajeru, S., Varshney, RK., Vasconcelos, MW., Zaccardelli, M., Zavarzin, A., Bitocchi, E., Frontoni, E., Fernie, AR., Gioia, T., Graner, A., Guasch, L., Prochnow, L., Oppermann, M., Susek, K. , Tenaillon, M., Papa, R. (2021). The INCREASE project: Intelligent Collections of food-legume genetic resources for European agrofood systems. <i>The Plant Journal</i> 108: 646-660. DOI 10.1111/tpj.15472		
11.	Czepiel, K., Krajewski, P., Wilczura, P., Bielecka, P., Swiecicki, W., Kroc, M. (2021). Expression Profiles of Alkaloid-Related Genes across the Organs of Narrow-Leafed Lupin (<i>Lupinus angustifolius</i> L.) and in Response to Anthracnose Infection. <i>International Journal of Molecular Sciences</i> 22(5), 2676. DOI 10.3390/ijms22052676	5,924	140
12.	Ksiazkiewicz, M., Rychel-Bielska, S., Plewinski, P., Nuc, M., Irzykowski, W., Jedryczka, M., Krajewski, P. (2021). The resistance of narrow-leafed lupin to <i>Diaporthe toxica</i> is based on the rapid activation of defense response genes. <i>International Journal of Molecular Sciences</i> 22 (2): 574. DOI 10.3390/ijms22020574	5,924	140
13.	Perincherry, L., Stępień, Ł., Vasudevan, SE. (2021). Cross-tolerance and autoimmunity – a missing link in abiotic and biotic stress responses in plants; A perspective towards secondary metabolic engineering. <i>International Journal of Molecular Sciences</i> 22: 11945. DOI 10.3390/ijms222111945	5,924	140
14.	Perincherry, L., Urbaniak, M., Pawłowicz, I., Kotowska, K., Waśkiewicz, A., Stępień, Ł. (2021). Dynamics of <i>Fusarium</i> Mycotoxins and Lytic Enzymes during Pea Plants' Infection. <i>International Journal of Molecular Sciences</i> 22: 9888. DOI 10.3390/ijms22189888	5,924	140
15.	Tyrka, M., Bakera, B., Szeliga, M., Swiecicka, M., Krajewski, P., Mokrzycka, M., Rakoczy-Trojanowska, M. (2021). Identification of Rf Genes in Hexaploid Wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.) by RNA-Seq and Paralog Analyses. <i>International Journal of Molecular Sciences</i> 22 (17): 9146. DOI 10.3390/ijms22179146	5,924	140
16.	Rychel-Bielska, S., Surma, A., Bielski, W., Kozak, B., Galek, R., Książkiewicz, M. (2021). Quantitative control of early flowering in white lupin (<i>Lupinus albus</i> L.). <i>International Journal of Molecular Sciences</i> 22 (8): 3856. DOI 10.3390/ijms22083856	5,924	140
17.	Talar, U., Kielbowicz-Matuk, A. (2021). Beyond Arabidopsis: BBX Regulators in Crop Plants. <i>International Journal of Molecular Sciences</i> 22: 2906. DOI 10.3390/ijms22062906	5,924	140
18.	Sahay, S., Robledo-Arratia, L., Głowacka, K., Gupta, M. (2021). Root NRT, NiR, AMT, GS, GOGAT and GDH expression levels reveal NO and ABA mediated drought tolerance in <i>Brassica juncea</i> L.; <i>Scientific Reports</i> 11: 7992. DOI 10.1038/s41598-021-86401-0	4,379	140
19.	Tyrka, M., Mokrzycka, M., Bakera, B., Tyrka, D., Szeliga, M., Stojalowski, S., Matysik, P., Rokicki, M., Rakoczy-Trojanowska, M., Krajewski, P. (2021). Evaluation of genetic structure in European wheat cultivars and advanced breeding lines using high-density genotyping-by-sequencing approach; <i>BMC Genomics</i> 22 (1): 81. DOI 10.1186/s12864-020-07351-x	3,969	140
20.	Borsuk G., Sulborska A., Stawiarz E., Olszewski K., Wiącek D., Ramzi N., Nawrocka A., Jędryczka M. (2021). Capacity of honeybees to remove heavy metals from nectar and excrete the contaminants from their bodies. <i>Apidologie</i> 52:1098-1111. DOI 10.1007/s13592-021-	2,318	140

	00890-6		
21.	Stefanowicz, K. , Szymanska-Chargot, M., Truman, W. , Walerowski, P., Olszak, M., Augustyniak, A. , Kosmala, A. , Zdunek A., Malinowski R. (2021). <i>Plasmodiophora brassicae</i> -Triggered Cell Enlargement and Loss of Cellular Integrity in Root Systems Are Mediated by Pectin Demethylation. <i>Frontiers in Plant Science</i> 12: 711838. DOI 10.3389/fpls.2021.711838	5,754	100
22.	Yang, F, Fernández Jiménez, N, Majka, J , Pradillo, M, Pecinka, A (2021) SMC5/6 complex is necessary for tetraploid genome stability in <i>Arabidopsis thaliana</i> . <i>Frontiers in Plant Science</i> 12: 748252. DOI 10.3389/fpls.2021.748252	5,754	100
23.	Babula-Skowrońska, D. (2021). Functional divergence of <i>Brassica napus</i> BnaABI1 paralogs in the structurally conserved PP2CA gene subfamily of Brassicaceae. <i>Genomics</i> 113.(5): 3185-3197. DOI 10.1016/j.ygeno.2021.06.031	5,736	100
24.	Stępień, Ł. , Lalak-Kańczugowska, J. (2021). Signaling pathways involved in virulence and stress response of plant pathogenic <i>Fusarium</i> species. <i>Fungal Biology Reviews</i> 35: 27-39. DOI 10.1016/j.fbr.2020.12.001	4,706	100
25.	Marzec-Schmidt K., Börjesson T., Suproniene S., Jędrzycka M. , Janaviciene S., Goral T., Karlsson I. Kochiiuru Y., Ochodzki P., Mankeviciene A., Piikki K. (2021). Modelling the effects of weather conditions on cereal grain contamination with deoxynivalenol in the Baltic Sea region. <i>Toxins</i> 13.(11):737. DOI 10.3390/toxins13110737	4,546	100
26.	Thiem B., Kruszka D. , Turowska N., Śliwinska E., Berge V., Kikowska M. (2021). <i>Linnaea borealis</i> L. var. <i>borealis</i> - In Vitro Cultures and Phytochemical Screening as a Dual Strategy for Its Ex Situ Conservation and a Source of Bioactive Compounds of the Rare Species. <i>Molecules</i> 26(22). DOI 10.3390/molecules26226823	4,412	100
27.	Błaszczak L. ; Waśkiewicz A.; Gromadzka K.; Mikołajczak K. ; Chelkowski J. (2021). <i>Sarocladium</i> and <i>Lecanicillium</i> Associated with Maize Seeds and Their Potential to Form Selected Secondary Metabolites. <i>Biomolecules</i> 11,98. DOI 10.3390/biom11010098	4,082	100
28.	Mohammed M.A., Attia H.N., El-Gengaihi S.E., Maklad Y.A., Ahmed K.A., Kachlicki P. (2021). Comprehensive metabolomic, lipidomic and pathological profiles of baobab (<i>Adansonia digitata</i>) fruit pulp extracts in diabetic rats. <i>Journal of Pharmaceutical and Biomedical Analysis</i> 201, 114139	3,935	100
29.	Błaszczak L. , Salamon S. , Mikołajczak K. (2021). Fungi inhabiting the wheat endosphere. <i>Pathogens</i> 10(10),1288. DOI: 10.3390/pathogens10101288	3,492	100
30.	Kulesza, K., Biedunkiewicz, A., Nowacka, K., Dynowska, M., Urbaniak, M. , Stępień, Ł. (2021). Dishwashers as an extreme environment of potentially pathogenic yeast species. <i>Pathogens</i> 10: 446. DOI 10.3390/pathogens10040446	3,492	100
31.	Salamon, S. , Żok, J., Gromadzka, K., Błaszczak, L. (2021). Expression patterns of mir398, mir167, and mir159 in the interaction between bread wheat (<i>Triticum aestivum</i> l.) and pathogenic <i>Fusarium culmorum</i> and beneficial <i>Trichoderma</i> fungi. <i>Pathogens</i> , 10(11), 1461. DOI 10.3390/pathogens10111461	3,492	100
32.	Ochodzki, P., Twardawska, A. , Wiśniewska, H. , Góral, T. (2021). Resistance to fusarium head blight, kernel damage, and concentrations of <i>Fusarium</i> mycotoxins in the grain of winter wheat lines. <i>Agronomy</i> 11(9): 1690. DOI 10.3390/agronomy11091690	3,417	100

33.	Góral, T., Wiśniewska, H. , Ochodzki, P., Twardawska, A. , Walentyn-Góral, D. (2021). Resistance to fusarium head blight, kernel damage, and concentration of <i>Fusarium</i> mycotoxins in grain of winter triticale (\times <i>Triticosecale</i> Wittmack) lines. <i>Agronomy</i> 11(1): 16. DOI 10.3390/agronomy11010016	3,417	100
34.	Brachaczek A., Kaczmarek J. , Jedryczka M. (2021). Warm and Wet Autumns Favour Yield Losses of Oilseed Rape Caused by Phoma Stem Canker. <i>Agronomy</i> 11(6):1171. DOI 10.3390/agronomy11061171	3,336	100
35.	Zimny J., Sowa S., Otręba P., Kozdój J., Zimny A., Kaczmarek J. , Oleszczuk S., Czaplicki A., Jedryczka M. (2021). Pollen Flow of Winter Triticale (\times <i>Triticosecale</i> Wittmack) Investigated with Transgenic Line Expressing β - <i>Glucuronidase</i> Gene. <i>Agronomy</i> 11(3):431. DOI 10.3390/agronomy11030431	3,336	100
36.	Kwiatkiewicz, M.T., Belter, J. , Ulaszewski, W. , Skowronska, R., Noweiska, A., Wiśniewska, H. (2021) Molecular identification of triticale introgression lines carrying leaf rust resistance genes transferred from <i>Aegilops kotschy</i> Boiss. and <i>Ae. tauschii</i> Coss. <i>Journal of Applied Genetics</i> 62(3): 431-439. DOI 10.1007/s13353-021-00635-2	3,240	100
37.	Durak R., Jedryczka M. , Czajka B., Dampc J., Wielgusz K., Borowiak-Sobkowiak B. (2021). Mild Abiotic Stress Affects Development and Stimulates Hormesis of Hemp Aphid <i>Phorodon cannabis</i> . <i>Insects</i> 12(5):420. DOI 10.3390/insects12050420	2,769	100
38.	Neji, M. , Tlahig, S., Hessini, K., Taamalli, W., Abdelly, C., Kouas, S. (2021). Variation of forage quality traits in Tunisian populations of <i>Brachypodium hybridum</i> in response to phosphorus deficiency. <i>Crop Science</i> 61(6): 4038-4054. DOI 10.1002/csc2.20613	2,319	100
39.	Sawikowska A., Piasecka A., Kachlicki P. , Krajewski P. (2021) Separation of chromatographic co-eluted compounds by clustering and by functional data analysis. <i>Metabolites</i> 11, 214. DOI 10.3390/metabo11040214	4,932	70
40.	Alkemade, JA., Messmer, MM., Arncken, C., Leska, A., Annicchiarico, P., Nazzicari, N., Książkiewicz, M. , Voegelé, RT., Finckh, MR., Hohmann, P. (2021). A high-throughput phenotyping tool to identify field-relevant anthracnose resistance in white lupin. <i>Plant Disease</i> 105 (6): 1719-1727. DOI 10.1094/PDIS-07-20-1531-RE	4,438	70
41.	Franaszek, S. , Salmanowicz, B. (2021). Composition of low-molecular-weight glutenin subunits in common wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.) and their effects on the rheological properties of dough. <i>Open Life Sciences</i> 16 (1): 641-652. DOI 10.1515/biol-2021-0059	0,938	40
42.	Brizuela, A. M., Lalak-Kańczugowska, J. , Koczyk, G. , Stępień, Ł. , Kawalilo, M. , Palmero, D. (2021). Geographical Origin Does Not Modulate Pathogenicity or Response to Climatic Variables of <i>Fusarium oxysporum</i> Associated with Vascular Wilt on <i>Asparagus</i> . <i>Journal of fungi</i> (Basel, Switzerland), 7(12), 1056. DOI 10.3390/jof7121056	5,816	20
43.	Perincherry, L. , Witaszak, N. , Urbaniak, M. , Waśkiewicz, A., Stępień, Ł. (2021). Effects of secondary metabolites from pea on <i>Fusarium</i> growth and mycotoxin biosynthesis. <i>Journal of Fungi</i> 7: 1004. DOI 10.3390/jof7121004	5,816	20
44.	Koczyk, G. , Pawłowska, J., Muszewska, A. (2021). Terpenoid Biosynthesis Dominates among Secondary Metabolite Clusters in Mucoromycotina Genomes. <i>Journal of fungi</i> (Basel, Switzerland), 7(4), 285. DOI 10.3390/jof7040285	5,816	20
45.	Międzyżyc A, Mokrzycka M. , Sawikowska A. (2021). Identification of Block-Structured Covariance Matrix on an Example of Metabolomic	2,777	20

	Data. Separations 8 (11): 205. DOI 10.3390/separations8110205		
46.	Kroc, M., Tomaszewska, M., Czepiel, K., Bitocchi, E., Oppermann, M., Neumann, K., Guasch, L., Bellucci, E., Alseekh, S., Graner, A., Fernie, AR., Papa R., Susek K. (2021). Towards development, maintenance and standardised phenotypic characterisation of single-seed-descent genetic resources for lupins. <i>Current Protocols in Plant Biology</i> 1(7):e191. DOI 10.1002/cpz1.191	1.74	20
47.	Święcicki, W.K., Surma M. (2021). The big five in the world of plants – the species that have changed the course of history. <i>Polish Journal of Agronomy</i> 47: 68–77. DOI 10.26114/pja.iung.456.2021.47	-	20
48.	Ogrodowicz, P., Mikołajczak, M., Kuczyńska, A., Kaczmarek, Z., Ćwiek-Kupczyńska, H., Surma, M., Adamski, T., Święcicki, W.K., Barzyk, P., Trzeciak, R., Kempa, M. (2021). <i>In vitro</i> culture of white lupin embryos as a stage for SSD technique. <i>Polish Journal of Agronomy</i> 44: 9-14. DOI 10.26114/pja.iung.432.2021.44.02	-	20
49.	Ćwiek-Kupczyńska, H., Krajewski, P. (2021). Polish network of research infrastructure for plant phenotyping; Research Ideas and Outcomes 7: e73858. DOI 10.3897/rio.7.e73858	-	-
50.	Lorenc W., Kruszka D., Kachlicki P., Kozłowska J., Barałkiewicz D. (2021). Zastosowanie zaawansowanych technik sprzężonych LC ICP DRC MS i UPLC ESI MS MS w analizie specjacyjnej arsenu w algach. <i>Analityka XXII(3)</i> , 22-28	-	-

Wykaz publikacji w wydawnictwach publikujących recenzowane monografie naukowe

Lp.	Tytuł	Wydawnictwo	Punkty MNiSW
1.	Filipiak K., Klein D., Mokrzycka M. (2021). Separable covariance structure identification for doubly multivariate data. In: Filipiak, K., Markiewicz, A., von Rosen, D. (eds.) <i>Multivariate, Multilinear and Mixed Linear Models</i> . DOI: 10.1007/978-3-030-75494-5_5	Springer	-
2.	Fidler, J., Żyła, N., Babula-Skowrońska, D. (2021). Impact of the <i>Brassica oleracea</i> Genome on Breeding and Crop Improvement. In: Liu S., Snowdon R., Kole C. (eds.), <i>The Brassica oleracea Genome. Compendium of Plant Genomes</i> ; pp. 107-133. DOI: 10.1007/978-3-030-31005-9_10	Springer	-
3.	Zwierzkiowski Z., Kopecký D. (2021). A brief history and (nearly) complete bibliography of <i>Festulolium</i> . In: <i>Festulolium – from the Nature to Modern Breeding</i> , D. Kopecký, A. Kosmala (eds.), Palacký University, Olomouc, pp. 241-279	Palacký University, Olomouc	-
4.	Żyła, N., Fidler, J., Babula-Skowrońska, D. (2021). Economic and Academic Importance of <i>Brassica oleracea</i> . In: Liu S., Snowdon R., Kole C. (eds.), <i>The Brassica oleracea Genome. Compendium of Plant Genomes</i> ; pp. 1-6. DOI: 10.1007/978-3-030-31005-9_1	Springer, Cham	-

KONSORCJA I SIECI

Konsorcjum EPPN2020

Konsorcjum naukowo-infrastrukturalne powołane w celu realizacji dostępu do platform automatycznego, nieinwazyjnego fenotypowania roślin oraz opracowanie metod przetwarzania i integracji danych; jednostki: INRA, Francja (koordynator); Aberystwyth University, Wlk. Brytania; ALSIA, Włochy; ASA, Francja; Aarhus Universitet, Dania; CSIRO, Australia; Wageningen Research, Holandia; Forschungszentrum Jülich, Niemcy; IPK, Niemcy; Helmholtz Zentrum Muenchen, Niemcy; IGR PAN, Polska; INRA Transfert S.A., Francja; Biological Research Centre, Szeged, Węgry; Phenospex Bv, Holandia; Slovak University of Agriculture, Nitra, Słowacja; Universite Catholique De Louvain, Belgia; Kobenhavns Universitet, Dania; University of Helsinki, Finlandia; University of Nottingham, Wlk. Brytania; VIB, Belgia; VSN Int. Ltd, Wlk. Brytania; Wageningen University, Holandia; **P. Krajewski, H. Ćwiek-Kupczyńska.**

Konsorcjum HYBRE

Konsorcjum naukowo-przemysłowe powołane w celu realizacji projektu BIOSTRATEG HYBRE "Zintegrowana strategia dla reaktywacji polskiej hodowli pszenicy heterozyjnej"; jednostki tworzące: SGGW (koordynator), IGR PAN, ZUT, Politechnika Rzeszowska, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, PHR Sp. z o.o., HR Strzelce Sp. z o.o., Centnas Sp. z o.o., Agronas Sp. z o.o.; **P. Krajewski, M. Mokrzycka.**

Konsorcjum INCREASE

EU; Horyzont 2020; INCREASE - Inteligentne Kolekcje Roślin Strączkowych Zasoby Genetyczne dla Europejskich Systemów Rolno-Spożywczych; 862862; 2020-05-01 - 2025-05-01); **28 partnerów: Universita Politecnica Delle Marche, Włochy;** Leibniz - Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Niemcy; Max-Planck-Gesellschaft zur Forderung der Wissenschaften Ev, Niemcy; Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Polska; Universita Degli Studi Della Basilicata, Włochy; Kmetijski Institut Slovenije - Agricultural Institute Of Slovenia, Słowenia; Eurice European Research and Project Office Gmbh, Niemcy; Consiglio per la Ricerca in Agricoltura e L'analisi Dell'economia Agraria, Włochy; International Centre for Agricultural Research in the Dry Areas, Liban; Servicio Regional de Investigacion y Desarrollo Agroalimentario del Principado de Asturias, Hiszpania; Institut National de la Recherche Agronomique, Francja; Centre National de la Recherche Scientifique CNRS, Francja; Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Państwowy Instytut Badawczy, Polska; Statiunea de Cercetare Dezvoltare Pentru Legumicultura Bacau, Rumunia; Suceava Genebank, Rumunia; Instituto Nacional de Investigacion y Tecnologia Agraria y Alimentaria OA MP, Hiszpania; Universidade Catolica Portuguesa, Portugalia; Terres Inovia, Francja; Isea Srl, Włochy; Des-Fuerth, Germany; Comunita' del Mais Spinato di Gandino, Włochy; Food and Agriculture Organization of the United Nations FAO, Włochy; Federal Research Center the N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, Rosja; Universidad Nacional de la Plata, Argentyna; University of Saskatchewan, Kanada; The Regents of the University of California, USA; International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics, Indie; North Dakota State University, USA.; IGR PAN: **K. Susek, M. Kroc, M. Neji, M. Tomaszewska, K. Czepiel.**

Konsorcjum w ramach projektu NCN OPUS 12

„Wyjaśnianie współdziałania hormonów i jego roli w kształtowaniu architektury roślin jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.)”, nr 2016/23/B/NZ9/03548; Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu, Uniwersytet Śląski w Katowicach; **A. Kuczyńska; P. Krajewski, K. Mikołajczak, P. Ogródowicz, H. Ćwiek-Kupczyńska, M. Kempa, A. Aniola, R. Holewińska, R. Trzeciak, I. Szarejko, A. Daszkowska-Golec, D. Gruszka.**

Konsorcjum w ramach projektu NCN OPUS 18

„Wpływ płci żywiciela na odpowiedź immunologiczną i protekcję po doustnej immunizacji proteazą cysteinową *Fasciola hepatica* i zarażeniu tym pasożytem”, Nr 2019/35/B/NZ6/04002. Narodowy Instytut Leków w Warszawie (Lider, Warszawa), Instytut Parazytologii im. Witolda Stefańskiego PAN (Warszawa), Instytut Genetyki Roślin PAN (Poznań). **M. Kęsik-Brodacka, A. Wesołowska; T. Pniewski, M. Przewoźnik, H. Pudelska.**

Konsorcjum w ramach projektu NCN OPUS 19

„Odpowiedź immunologiczna po iniekcyjno-doustnej ko-immunizacji antygenami HBV pochodzenia roślinnego polaryzującymi odpowiedź w kierunku Th1 lub Th2, w kontekście potencjalnej terapii chronicznego wzwb”, Nr 2020/37/B/NZ6/02334. Instytut Genetyki Roślin PAN (Lider, Poznań), Instytut Parazytologii im. Witolda Stefańskiego PAN (Warszawa), Narodowy Instytut Leków w Warszawie (Warszawa). **T. Pniewski; H. Pudelska, A. Wesołowska, M. Kęsik-Brodacka.**

OCHRONA WŁASNOŚCI INTELEKTUALNEJ

Współautorstwo odmiany uprawnej

Zarejestrowanie dwóch **odmian uprawnych grochu: Tytan - Mamut**

Współautor odmian: **W. Świącicki.**

Lp.	Numer zgłoszenia patentowego	Data zgłoszenia patentowego	Numer prawa wyłącznego do odmiany	Tytuł	Twórca / Twórcy	Nazwa uprawnionego z patentu	Kraj lub organizacja gdzie dokonano zgłoszenia
1	R13302	14.12.2018	R3480	Odmiana grochu Tytan	Świącicki Wojciech (współtwórca)	Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o.	Polska/Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych
2.	W3893	14.12.2018	W2899	Odmiana grochu Mamut	Świącicki Wojciech (współtwórca)	Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o.	Polska/Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych

NAGRODY I WYRÓŻNIENIA

Małgorzata Jędrzycka - Status członka korespondenta Polskiej Akademii Nauk nadany uchwałą nr 6 Zgromadzenia Ogólnego PAN z dnia 3.12.2021 r.

Aneta Basińska-Barczak - Wyróżnienie pracy doktorskiej zatytułowanej: „Zmiany zachodzące w roślinach pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) w wyniku kolonizacji korzeni przez grzyby *Trichoderma*” (promotor: dr hab. Lidia Błaszczyk) przez Radę Naukową IGR PAN, 9.12.2021 r.

Adriana Twardawska - Wyróżnienie za prezentację na konferencji “MycoRise Up! 2021 Młodzi w mykologii” w kategorii „Grzyby patogeniczne” (Komisja konkursowa złożona z członków Komitetu Naukowego oraz Komitetu Organizacyjnego), 23-25.04.2021 r.

Katarzyna Mikołajczak - Stypendium Dyrektora IGR PAN na rok akademicki 2021/2022 (listopad 2021).

Anetta Kuczyńska - Nagroda Naukowiec Przyszłości 2021 w kategorii „Nauka dla lepszego życia w przyszłości” za realizację projektu badawczego pn. „Melatonina jako nadrzędny czynnik w kształtowaniu architektury korzenia i adaptacji do suszy przez regulację współdziałania fitohormonów u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.)”, Centrum Inteligentnego Rozwoju, 25.03.2021 r.

ROZWÓJ KADRY NAUKOWEJ

Tytuł naukowy profesora

-

Stopień naukowy doktora

Mgr inż. Katarzyna Maria Lechowicz – stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 17 marca 2021 r. na podstawie pracy pt. „Funkcjonowanie aparatu fotosyntetycznego oraz systemu antyoksydacyjnego traw kompleksu *Lolium-Festuca* w warunkach suszy”; promotor: A. Kosmala, promotor pomocniczy: I. Pawłowicz.

Mgr Adam Jan Augustyniak – stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 17 marca 2021 r. na podstawie pracy pt. „Fizjologiczne i molekularne podstawy hartowania na mróz form introgresywnych życicy wielokwiatowej (*Lolium multiflorum* Lam.) i kostrzewy trzcinowej (*Festuca arundinacea* Schreb.); promotor: A. Kosmala, promotor pomocniczy: D. Perlikowski.

Mgr inż. Monika Mokrzycka – stopień doktora nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie matematyka nadany przez Radę naukową dyscyplin matematyka i informatyka Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu w dniu 29 czerwca 2021 r. na podstawie pracy pt. „Aproksymacja macierzy kowariancji wybranymi strukturami w modelach podwójnie wielowymiarowych”; promotor: K. Filipiak (PP Poznań).

Mgr Natalia Witaszak – stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 1 lipca 2021 r. na podstawie pracy pt. „Zmiany metabolizmu podstawowego i wtórnego *Fusarium proliferatum* pod wpływem roślinnych związków bioaktywnych”; promotor: Ł. Stępień, promotor pomocniczy: J. Lalak-Kańczugowska.

Mgr inż. Monika Ewa Urbaniak – stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 1 lipca 2021 r. na podstawie pracy pt. „Zmienność sekwencji genów kodujących syntetazy

nierybosomalnych peptydów oraz charakterystyka wytwarzanych metabolitów z grupy heksadepsipeptydów u *Hypocreales*”; promotor: Ł. Stępień.

Mgr inż. Noor Nazar Ramzi, RAMZI – stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 1 lipca 2021 r. na podstawie pracy pt. „Determination of *Plasmodiophora brassicae* pathotypes in Poland and characterization of Brassicaceae resistance to clubroot”; promotor: M. Jędrzycka, promotor pomocniczy: J. Kaczmarek.

Mgr Dimitrios Zisis – stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 1 lipca 2021 r. na podstawie pracy pt. „Data analysis methods for inference on chromatin configuration on the basis of 4C-seq experiments”; promotor: P. Krajewski.

Mgr inż. Aneta Anna Basińska-Barczak – stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 9 grudnia 2021 r. na podstawie pracy pt. „Zmiany zachodzące w roślinach pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) w wyniku kolonizacji korzeni przez grzyby *Trichoderma*”, promotor: L. Błaszczyk.

Mgr Waldemar Ulaszewski – stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 9 grudnia 2021 r. na podstawie pracy pt. „Transfer chromatyny *Aegilops kotschy* Boiss., zawierającej geny warunkujące odporność na rdzę brunatną i żółtą, do pszenżyta ozimego (\times *Triticosecale* Wittm.)”; promotor: M. Kwiatek (UP Poznań)

Tytuł magistra

-

Inżynieranci

Katarzyna Wojtyniak realizacja pracy inżynierskiej, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii IVr. studiów 1. stopnia, 1.10.2020-31.01.2021 r., opiekun i promotor pracy A. Basińska-Barczak

Emilia Szymańska, praca inżynierska, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii IVr. studiów 1. stopnia, 1.10.2020-31.01.2021 r., opiekun i promotor pracy A. Basińska-Barczak

Prace licencjackie

Agata Górka, praca licencjacka, UAM w Poznaniu, Wydział Biotechnologii, Biotechnologia/ III r. studiów 1. stopnia, 1.10.2021 - 30.09.2022 r., opiekun i promotor pracy A. Basińska-Barczak

Julia Jankowska, praca licencjacka, UAM w Poznaniu, Wydział Biotechnologii, Biotechnologia/ III r. studiów 1. stopnia, 1.10.2021 - 30.09.2022 r., L. Błaszczyk

Stażyści, praktykanci

Klaudia Adamczak, staż naukowy, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Biotechnologia /

III r. studiów 1. stopnia, 01.09.-30.09.2021 r., M. Jędrzycka.

Gabriela Belniak, magistrantka, UAM, Wydział Biologii, kierunek Biologia, I r. studiów 2. stopnia, od 10.2021 (wolontariuszka od 11.2020), K. Sobańska, T. Pniewski.

Joanna Bernard, magistrantka, UAM, Wydział Biologii, kierunek Biotechnologia, I r. studiów 2. stopnia, od 10.2021, (stażystka 02 i 08.2021), T. Pniewski.

Adrianna Czapiewska, stażysta, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii, Biotechnologia II rok studiów 2. stopnia, 21.06.-30.07.2021, Sylwia Salamon.

Agata Górka, praktyki zawodowe, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Biotechnologia, II r. studiów 1. stopnia, 05.07-18.08.2021 r., M. Gawłowska.

Julia Jankowska, praktykantka, UAM w Poznaniu, Wydział Biotechnologii, Biotechnologia/ III r. studiów 1. stopnia, 1.10.2021 - 30.09.2022 r., L. Błaszczuk.

Ewa Kostrzewa, staż naukowy, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Chemii, 14-17.06.2021 r., opiekun: M. Urbaniak, Ł. Stępień.

Joanna Koszuta, praktykantka, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii, Biotechnologia II rok studiów 1. stopnia, 01.07.-30.09.2021, Sylwia Salamon

Kamila Kulesza, staż naukowy, UWM w Olsztynie, Wydział Biologii i Biotechnologii, Katedra Mikrobiologii i Mykologii, 13-17.09.2021 r., opiekun: M. Urbaniak, Ł. Stępień.

Julia Kurowska, staż naukowy, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Biologia /III r. studiów 1. stopnia, 02.11.-03.12.2021 r., M. Jędrzycka.

Olga Łojkuć, licencjantka, UAM, Wydział Biologii, kierunek Biotechnologia, III r. studiów 1 stopnia, od 10.2021, (stażystka 09.2021), T. Pniewski.

Emilia Mroczko, magistrantka, UWŕ, Wydział Biologii, kierunek Genetyka, I r. studiów 2. stopnia, od 10.2021, T. Pniewski.

Maciej Rajek, staż naukowy, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Biotechnologia, III r. studiów 1. stopnia, 02.11.-03.12.2021 r., M. Jędrzycka.

Usha Patar Rani, staż naukowy, Uniwersytet Rolniczy w Pradze, staż 3 msc. 1-09.-30-11-2021 (ERASMUS Plus), M. Jędrzycka.

Ewa Starosta, staż naukowy, UP w Poznaniu, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii, Zakład Genetyki, Cytogenetyki i Kultur in vitro, Katedra Genetyki i Hodowli Roślin, I rok studiów doktoranckich, 01-31.11.2021 r., I. Pawłowicz.

Bartłomiej Szeptycki, staż naukowy, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Biotechnologia, III r. studiów 1. stopnia, 11.10.2021-10.05.2022 r., P. Ogrodowicz.

Estera Wojtkowiak, magistrantka, UP Poznań, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii, kierunek Biotechnologia, I r. studiów 2 stopnia, od 10.2021, K. Sobańska.

Martyna Zielińska, praktyki studenckie, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, III r. studiów 1. stopnia, od 6.12.2021r., D. Babula-Skowrońska.

Julia Żok, magistrantka, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii, Biotechnologia I i II rok studiów 2. stopnia, 01.07.2020-30.06.2021, Sylwia Salamon

KSZTAŁCENIE DOKTORANTÓW

MIĘDZYNARODOWE STUDIA DOKTORANCKIE (MSD IGR PAN)

Stacjonarne Międzynarodowe Studia Doktoranckie IGR PAN – utworzone w 2018 roku

Kierownik MSD IGR PAN

- *prof. dr hab. Barbara Naganowska*

Sekretariat MSD IGR PAN

- *mgr inż. Magdalena Roth*

Liczba uczestników studiów doktoranckich prowadzonych przez IGR PAN – **9** osób

Liczba uczestników pobierających stypendia doktoranckie – **8**, w tym **7** osób pobierających stypendia przyznane przez Dyrektora Instytutu (art. 285 ustawy z dn. 3.07.2018 Przepisy wprowadzające ustawę - Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce)

Liczba doktorantów cudzoziemców – **2**

UCZESTNICTWO W POZNAŃSKIEJ SZKOLE DOKTORSKIEJ INSTYTUTÓW POLSKIEJ AKADEMII NAUK (PSD IPAN)

Działalność Szkoły – od początku roku akademickiego 2019/2020

Dyscyplina reprezentowana przez IGR PAN – rolnictwo i ogrodnictwo

Koordynator dyscypliny w IGR PAN

- *dr hab. Lidia Błaszczuk*

Z-ca Kierownika PSD IPAN, z-ca koordynatora dyscypliny w IGR PAN

- *dr hab. Anetta Kuczyńska, prof. IGR PAN*

Liczba doktorantów szkoły doktorskiej w IGR PAN – **4**

Liczba doktorantów pobierających stypendia – **4**

Liczba doktorantów cudzoziemców – **2**

UCZESTNICTWO W KOMITETACH REDAKCYJNYCH CZASOPISM NAUKOWYCH

Arkadiusz Kosmala:

- Journal of Applied Genetics, członek rady redakcyjnej działu „Genetyka roślin” (2019-)
- BMC Plant Biology, członek rady redakcyjnej działu „Plant-abiotic interactions” (2020-)

Izabela Pawłowicz:

- Journal of Applied Genetics, redaktor działu „Genetyka roślin” (2020-)

Paweł Krajewski:

- Journal of Applied Genetics; członek rady redakcyjnej działu „Genetyka roślin” (2011-)

Anetta Kuczyńska:

- Plants (MDPI) Topic Editor – Special Issue „From genome to phenome: a bridge to accelerate adaptation of crops to climate changes” (od 2020)

Krzysztof Mikołajczak:

- Plants (MDPI) Topic Editor – Special Issue „From genome to phenome: a bridge to accelerate adaptation of crops to climate changes” (od 2020)

Tomasz Pniewski:

- Plants, Guest Editor - Special Issue „Plant-Derived Booster Vaccines or Adjuvants” (od 09.2020)
- Vaccines, Guest Editor - Special Issue „Virus-Like Particle and Nano-Particle Vaccines 2.0” (od 10.2020)

Joanna Kaczmarek:

- Acta Agrobotanica, redaktor działu „Genetyka” (2018-2022)

Małgorzata Jędrzycka:

- Zemdirbyste Agriculture; członek Editorial Board
- Guest Editor wydania specjalnego czasopisma Agronomy „Strategies for the Control of Fusarium Head Blight in Cereals”
- Guest Associate Editor wydania specjalnego czasopisma Frontiers in Microbiology „Soil Fungal Biodiversity for Plant and Soil Health”, Volume II

Łukasz Stępień:

- The Science of Nature, Associate Editor, od czerwca 2017
- Microorganisms, Guest Editor Specjalnego Numeru „Bioactive Compounds in Plant-Pathogen Interactions”, od listopada 2020
- Journal of Fungi, Guest Editor Specjalnego Numeru „Plant-pathogenic *Fusarium* species”, od kwietnia 2021
- Associate Editor czasopisma Encyclopedia, od stycznia 2021
- Associate Editor czasopisma Frontiers in Fungal Biology, od marca 2021

Lidia Błaszczyk:

- Applied Sciences, Guest Editor of Special Issue „Plant Microbiome Responses to Environmental Changes” (1.10.2021 – 31.05.2022)

Sylwia Salamon:

- Applied Sciences, Guest Editor of Special Issue „Plant Microbiome Responses to Environmental Changes” (1.10.2021 – 31.05.2022)

Mohamed Neji:

- Journal of Oasis Agriculture and Sustainable Development
<https://www.joasdjournals.com/editorial-board>)

Karolina Susek:

- Frontiers in Plant Science, Review Editor of Editorial Board (od 2017).

Wojciech Święcicki:

- Genetic Resources and Crop Evolution (Springer, członek redakcji)

Robert Malinowski:

- Frontiers in Plant Sciences, review editor for plant physiology (2018-2021)

Franklin Gregory:

- Scientifica, Editorial Board member (od 2013)
- Plants, Editorial Board member (od 2019)

UCZESTNICTWO Z WYBORU W DZIAŁALNOŚCI EKSPERCKIEJ,
STOWARZYSZENIACH NAUKOWYCH i in.

Arkadiusz Kosmala:

- Polskie Towarzystwo Genetyczne, Oddział w Poznaniu, członek komisji rewizyjnej (2017-)
- Komitet Nauk Agronomicznych PAN, członek (2020-2023)
- Komisja Biotechnologii, O/PAN w Poznaniu, członek (2019-2022)
- The European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources (ECPGR); Członek Grupy Roboczej Roślin Pastewnych (Forages Working Group). (<http://www.ecpgr.cgiar.org>) (2015-)
- Rada Naukowa IHAR-PIB, członek Komisji ds. Rozwoju Kadry Naukowej (2021-)
- przewodniczący komisji ds. oceny śródkresowej doktorantów Szkoły Doktorskiej przy UP w Poznaniu w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo
- członek Core Board of *Festulolium* Working Group within Eucarpia *Fodder Crops and Amenity Grasses* Section (2019-)

Izabela Pawłowicz:

- Polskie Towarzystwo Genetyczne, Oddział w Poznaniu, skarbnik (2017-)

Paweł Krajewski:

- członek Komitetu Nauk Agronomicznych PAN (od 2021)

- EUCARPIA Section Biometrics in Plant Breeding, Board Member (od 2012)
- Polskie Towarzystwo Biometryczne, członek Rady Naukowej (od 2013)

Anetta Kuczyńska:

- członek Komisji Biotechnologii Oddziału Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu (od 2019)
- Zastępca Koordynatora Dyscypliny rolnictwo i ogrodnictwo Poznańskiej Szkoły Doktorskiej Instytutów Polskiej Akademii Nauk (od 2021)
- Zastępca Kierownika Poznańskiej Szkoły Doktorskiej Instytutów Polskiej Akademii Nauk (od 2021)

Tomasz Pniewski:

- Komitet Biotechnologii PAN, członek Sekcji Biotechnologii Roślin (od 2020)
- Komisja Biotechnologii przy Poznańskim Oddziale PAN, członek (od 2019)

Małgorzata Jędrzycka:

- Convenor of the Working Group on Integrated Control in Oilseed Crops International Organisation for Biological Control/West Palearctic Regional Section (od 2013)
- członek Global Council of Innovation in Rapeseed and Canola (GCIRC)
- Polskie Towarzystwo Fitopatologiczne, z-ca sekretarza Oddz. Poznańskiego (od 2000), członek Zarządu Głównego (od 2011), zastępca Przewodniczącego (od 2017)
- Polskie Towarzystwo Genetyczne, członek Zarządu Głównego (od 2013)
- członek Rady Towarzystw Naukowych przy Prezydium Polskiej Akademii Nauk, powołanie przez Prezydium PAN na kadencję 2019-2022
- członek Komisji COBORU ds Rejestracji Odmian Roślin Oleistych i Włóknistych na kadencję 2017-2021
- interesariusz na Wydziale Biologii i Biotechnologii Uniwersytetu Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie
- członek Rady Kuratorów Wydziału II Nauk Rolniczych i Leśnych (2020-2021)

Lukasz Stępień:

- ekspert Komisji Europejskiej, Program Societal Challenge 2 (SFS-28-2018-2019-2020 Scope C) w ramach programu Horyzont 2020, Re-Evaluation (maj 2021),
- udział w Zespole oceniającym w konkursie Oddziału PAN w Poznaniu na najlepsze publikacje naukowe zgłoszone przez doktorantów w zakresie Nauk biologicznych i rolniczych (kwiecień-maj 2021)
- członek Rady Programowej Banku Patogenów Instytutu Ochrony Roślin PIB w Poznaniu, od maja 2019
- ekspert Fundacji na Rzecz Nauki Polskiej w programie POIR, od września 2019
- Przewodniczący Komisji Rewizyjnej Oddziału Poznańskiego Polskiego Towarzystwa Genetycznego (od 2017)
- ekspert NCN do oceny wniosków w Programie Miniatura 5 (kwiecień-październik 2021)

Justyna Lalak-Kańczugowska:

- ekspert Narodowego Centrum Badań i Rozwoju

Monika Urbaniak:

- skarbnik Zarządu Głównego Polskiego Towarzystwa Mykologicznego (od grudnia 2020)

Lidia Błaszczuk:

- Polskie Towarzystwo Fitopatologiczne Oddziału Poznańskiego, Członek Zarządu (od 2021)
- Fundação para a Ciência e a Tecnologia, I.P. (FCT), członek panelu oceniającego „Rolnictwo, leśnictwo i rybołówstwo” w portugalskiej publicznej agencji finansującej projekty badawczo-rozwojowe (B + R) (od 2020)
- Komitet Biotechnologii Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu, członek z wyboru (od 2019)
- Poznańska Szkoła Doktorska Instytutów PAN, koordynator dyscypliny rolnictwo i ogrodnictwo (od 2019)
- Biuletyn Oddziału Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu, współredaktor (od 2019);
- Narodowa Agencja Wymiany Akademickiej, ekspert (od 2018)
- Polskie Towarzystwo Fitopatologiczne, Przewodnicząca Sekcji Mykologii i Mikotoksyn (od 2018)
- Polskie Towarzystwo Genetyczne, sekretarz Zarządu Oddziału Poznańskiego (od 2016)

Barbara Naganowska:

- wiceprezes Zarządu Głównego Polskiego Towarzystwa Genetycznego
- członek Bazy Ekspertów Narodowego Centrum Badań i Rozwoju
- członek Rady Naukowej Instytutu Genetyki Człowieka PAN

Bogdan Wolko:

- członek Rady Naukowej Instytutu Fizjologii Roślin PAN w Krakowie
- członek Rady Naukowej Instytutu Środowiska Rolniczego i Leśnego PAN w Poznaniu

Robert Malinowski:

- członek Komitetu Biotechnologii PAN, Sekcja Biotechnologii Roślin (od 2016)

DZIAŁALNOŚĆ DYDAKTYCZNA, POPULARYZATORSKA I DORADCZA**Zajęcia dydaktyczne**

Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Warsztaty dla studentów kierunku Biologia roślin użytkowych, 9 czerwca 2021 r.

Organizator: **A. Kosmala**. Wykładowcy: **L. Błaszczuk, S. Franaszek, M. Jędrzycka, A. Kosmala, M. Książkiewicz, T. Pniewski, W. Święcicki, H. Wiśniewska** Liczba uczestników: 17 osób. Wykłady w formie prezentacji online:

- „Mykotoksyny – zagrożeniem dla człowieka i zwierząt”, **H. Wiśniewska**, 1 godz.
- „Grzyby endofityczne zasiedlające tkanki roślin uprawnych - klasyfikacja, drogi transmisji, metody wykrywania i identyfikacji oraz rola i znaczenie tych grzybów”, **L. Błaszczuk**, 1 godz.
- „Wielka piątka w świecie roślin”, **W. Święcicki**, 1 godz.
- „Podłoże genetyczne jakości technologicznej pszenicy zwyczajnej”, **S. Franaszek**, 1 godz.

- „Mechanizmy zimotrwałości”, **A. Kosmala**, 1 godz.
- „Tajniki aerobiologii: The answer is blowin' in the wind”, **M. Jędrzycka**, 1 godz.
- „Genetyczne podłoże wczesności kwitnienia soi i łubinu”, **M. Książkiewicz**, 1 godz.
- „Cząstki wirusopodobne otrzymywane w roślinach jako szczepionki oraz nośniki biofarmaceutyków i nanocząstek”, **T. Pniewski**, 1 godz.

Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, 13th Poznan Summer School of Bioinformatics – High-throughput technologies in plant research; 8 lipca 2021, „On data analysis in multi-omic assessment of plant tolerance to water scarcity”, **P. Krajewski**, wykład, 1,5 godz.

Wydział Rolniczy, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, kierunek Rolnictwo, “Integrated plant protection”, 20 stycznia 2021, **M. Jędrzycka**, wykład i ćwiczenia z zakresu aerobiologii, grupa międzynarodowa (8 osób) ERASMUS+, 3 godz.

Wydział Rolniczy, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, kierunek Rolnictwo, “Aeromycology - the study of fungal spores in aeroplankton”, 14 grudnia 2021, **M. Jędrzycka**, wykład i ćwiczenia z zakresu aerobiologii, grupa polska (7 osób) i międzynarodowa (15 osób) ERASMUS+, 3 godz.

Wydział Rolniczy, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, kierunek Rolnictwo, „Integrowana ochrona roślin”, 12 stycznia 2021, **M. Jędrzycka**, wykład i ćwiczenia z zakresu aerobiologii, 3 godz.

Wydział Rolniczy, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, kierunek Rolnictwo, „Aktualne problemy w ochronie roślin”, 14 grudnia 2021, **M. Jędrzycka**, **J. Kaczmarek**; wykład i ćwiczenia z zakresu aerobiologii, 3 godz.

Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, **M. Jędrzycka** zajęcia dla doktorantów:

- 18 marca 2021 „Nowy Zielony Ład”, wykład i debata 2 godz.,
- 15 kwietnia 2021 „Badania prowadzone w Instytucie Genetyki Roślin PAN w Poznaniu. Kariera naukowa” 2 godz.,
- 22 kwietnia 2021 „Wykorzystanie metod aerobiologicznych w rolnictwie” 2 godz.

Studium Podyplomowe IOR-PIB w zakresie integrowanej produkcji, ze szczególnym uwzględnieniem ochrony roślin i rolnictwa ekologicznego; „Ważne gospodarczo gatunki sprawców chorób grzybowych rzepaku. Biologia, rozpoznawanie i zwalczanie z uwzględnieniem zasad integrowanej ochrony roślin. Sygnalizacja, ocena stopnia porażenia i progi ekonomicznej szkodliwości”, 8 maja 2021, **M. Jędrzycka**, wykład 3 godz.

Instytut Genetyki Roślin PAN „Cytogenomics”, 9 i 23 listopada 2021, **K. Susek**, **M. Kroc**, zajęcia dla doktorantów IGR PAN; wykład: 3godz., laboratorium: 1 godz..

Koło Naukowe Przyrodników Uniwersytet im. A. Mickiewicza, „Lupins – complex and fascinating”, 20 listopada 2021, **K. Susek**, wykład plenarny (online, platforma TEAMS) dla studentów i doktorantów Wydziału Biologii UAM; 1 godz..

Université Libre de Bruxelles, Belgium, Faculty of Sciences, “Bioinformatic tools for analyzing RNA-seq data: from transcriptome assembly to differentially expressed

genes”, 16 października 2021; **M. Neji**, wykład dla studentów studiów magisterskich, kierunku: Evolutionary Biology, wykład: 4 godz.

Instytut Genetyki Roślin, „Structural genomics of plants”, 11 października 2021; **M. Książkiewicz**, wykład dla doktorantów IGR PAN; (organizator: L. Błaszczyk); 2 godz.

Instytut Genetyki Roślin, „Example of influence of structural polymorphism on agronomic trait – time to flowering in lupins and soybean”, 26 października 2021; **M. Książkiewicz**, wykład i zajęcia praktyczne dla doktorantów IGR PAN, 2 godz.

Wydział Chemii Uniwersytetu im. A. Mickiewicza, Studium Podyplomowe „Analityka chemiczna”; „Technika HPLC-MS – podstawy i zastosowania w chemii związków naturalnych”, 13 marca 2021, **P. Kachlicki** – wykład, **A. Piasecka**, **N. Witaszak** – ćwiczenia, łącznie 12 godz.

Wydział Chemii Uniwersytetu im. A. Mickiewicza, Studium Podyplomowe „Analityka chemiczna”; „Technika HPLC-MS – podstawy i zastosowania w chemii związków naturalnych”, 20 listopada 2021, **P. Kachlicki** – wykład, **A. Piasecka**, **D. Kruszk** – ćwiczenia, łącznie 12 godz.

Organizacja przedsięwzięć promujących i popularyzujących wyniki badań naukowych

Artykuł na portalu sekcji Rzecz o Innowacjach www.rzecz.pl: „Potęga jęczmienia” **A. Kuczyńska**.

Uniwersytet Przyrodniczy, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii, Koło Naukowe Studentów Biotechnologii – Operon. 13 listopada 2021, **K. Sobańska**, wykład „Wpływ zimna na fotosyntezę, biochemię i anatomię u genotypów o wysokiej i niskiej tolerancji na chłód traw energetycznej *Miscanthus sinensis*”.

Film z serii e-pole do popisu #3: „Kiedy chronić rzepak przed chorobami? Wsparcie systemem SPEC”, **M. Jędrzycka**, **J. Kaczmarek**; Corteva, <https://www.youtube.com/watch?v=vqIa0lvKZIG> (7,9 K wyświetleń)

Film o systemach integrowanej ochrony roślin „1850 ha korzystają z aplikacji do oprysków”, **M. Jędrzycka**; Rolnicze Wieści https://youtu.be/LldtGFN_NsU (6,4 K wyświetleń).

VIII Forum Rolnicze "Gazety Pomorskiej", w Bydgoszczy. 1 października 2021, **M. Jędrzycka** - udział w panelu dyskusyjnym ekspertów (5) „Co zamiast środków chemicznych w związku z wymogami Europejskiego Zielonego Ładu i ograniczeniami w stosowaniu niektórych środków?”, 1,5 godz, wypowiedź i dyskusja moderowana, streaming.

Gazeta Pomorska, Strefa Agro „Postęp biologiczny daje nadzieję” - L. Talaśka-Klich: wywiad z **M. Jędrzyką**, czerwiec 2021.

Mapa zagrożenia rzepaku suchą zgnilizną: <https://www.e-pole.pl/mapa-prognozowania-zagrozenia-sucha-zgnilizna>; regularne dostarczanie danych na temat monitorowania stężenia

zarodników workowych grzybów *Plenodomus lingam* i *P. biglobosus* do firmy Corteva, podstawa do przygotowania i stałego uaktualniania mapy systemu SPEC w aplikacji e-pole; **M. Jędryczka, J. Kaczmarek.**

Wykłady w formie on-line (6 godzin) dla uczniów klas o profilu biologiczno-chemicznym i medycznym, szkół ponadgimnazjalnych i ponadpodstawowych z Poznania (Publiczne Salezjańskie Liceum Ogólnokształcące im. bł. Piątki Poznańskiej, V Liceum Ogólnokształcące im. Kludyny Potockiej w Poznaniu), kwiecień-maj 2021, **L. Błaszczyk**, „Grzyby mikroskopowe – ich rola w przyrodzie i w życiu człowieka”,

Udział w audycji Rozmowy Niedokończone TV Trwam, 16 czerwca 2021 r. **W. Święcicki**, wykład pt. „Wielka piątka roślin – gatunki i geny, które zmieniały oblicze Świata”.

DZIAŁALNOŚĆ WYDAWNICZA

Journal of Applied Genetics – oficjalne wydawnictwo Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, kwartalnik w języku angielskim, od 2006 roku na liście czasopism wyróżnionych przez Journal Citation Reports. Od 2011 r. wydawcą jest Springer Verlag GmbH Berlin Heidelberg. Dostęp online: Wirtualna Biblioteka Nauki, kolekcja Springer <http://www.springer.com/life+sciences/journal/13353>. Aktualny IF₂₀₂₀=3,240; punkty MEiN 140.

Zwierzynowski Z. (2021). Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu. Bibliografia 1961-2020. **Wyd. Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań**, 222 str. ISBN 978-83-85583-30-1.

Zwierzynowski Z. (2021). Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu. Dokumentacja 1961-2020. **Wyd. Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań**, 227 str. ISBN 978-83-85583-31-8.