

Instytut Genetyki Roślin
Polskiej Akademii Nauk



SPRAWOZDANIE

z działalności naukowo-badawczej
w 2017 roku

SPIS TREŚCI

INFORMACJE OGÓLNE INSTYTUT GENETYKI ROŚLIN PAN.....	2
SAMODZIELNI PRACOWNICY NAUKOWI	2
RADA NAUKOWA	3
JEDNOSTKI ORGANIZACYJNE.....	4
STRUKTURA ZATRUDNIENIA.....	5
UPRAWNIENIA	5
INFORMACJA FINANSOWA	6
INFORMACJE O DZIAŁALNOŚCI INSTYTUTU I DOROBKU NAUKOWYM.....	7
PUBLIKACJE	7
PROJEKTY BADAWCZE	7
UDZIAŁ W KONFERENCJACH NAUKOWYCH	7
WSPÓLPRACA Z ZAGRANICĄ	7
KONSORCJA I SIECI.....	8
OCHRONA WŁASNOŚCI INTELEKTUALNEJ.....	9
<i>Patenty przyznane:</i>	9
<i>Złożone wnioski patentowe:</i>	10
NAGRODY I WYRÓŻNIENIA	10
ROZWÓJ KADRY NAUKOWEJ	11
<i>Stopień naukowy doktora habilitowanego</i>	11
<i>Stopień naukowy doktora</i>	11
<i>Stopień naukowy licencjata</i>	12
<i>Doktoranci</i>	12
<i>Magistranci</i>	13
<i>Inżynieranci</i>	13
<i>Stażysci</i>	13
UCZESTNICTWO W KOMITETACH REDAKCYJNYCH CZASOPISM NAUKOWYCH.....	15
UCZESTNICTWO Z WYBORU W DZIAŁALNOŚCI EKSPERCKIEJ, STOWARZYSZENIACH NAUKOWYCH I IN.....	16
DZIAŁALNOŚĆ DYDAKTYCZNA, POPULARYZATORSKA I DORADCZA	19
DZIAŁALNOŚĆ WYDAWNICZA	23
INFORMACJE O DZIAŁALNOŚCI NAUKOWEJ	24
WAŻNIEJSZE OSIĄGNIĘCIA.....	24
SPRAWOZDANIE Z REALIZACJI BADAŃ	26
<i>ZAKŁAD BIOLOGII STRESÓW ŚRODOWISKOWYCH</i>	26
<i>ZAKŁAD BIOMETRII I BIOINFORMATYKI</i>	30
<i>ZAKŁAD BIOTECHNOLOGII</i>	34
<i>ZAKŁAD GENETYKI PATOGENÓW I ODPORNOŚCI ROŚLIN</i>	39
<i>ZAKŁAD GENOMIKI</i>	43
<i>ZAKŁAD ZINTEGROWANEJ BIOLOGII ROŚLIN</i>	49
WSPÓLPRACA KRAJOWA	52
WSPÓLPRACA Z ZAGRANICĄ	59
<i>Współpraca bezpośrednia IGR PAN z partnerami zagranicznymi</i>	59
<i>Uczestnictwo w międzynarodowych organizacjach naukowych</i>	64
<i>Wymiana osobowa</i>	64
KONFERENCJE NAUKOWE – ORGANIZACJA I UDZIAŁ	67
<i>Konferencje, warsztaty i seminaria zorganizowane przez IGR PAN</i>	68
<i>Doniesienia na konferencjach krajowych</i>	69
<i>Doniesienia na konferencjach międzynarodowych</i>	73
<i>Uczestnictwo w krajowych i międzynarodowych konferencjach naukowych</i>	76
SPIS PUBLIKACJI.....	79

INFORMACJE OGÓLNE INSTYTUT GENETYKI ROŚLIN PAN

dyrektor	- prof. dr hab. Bogdan Wolko
z-ca dyrektora ds. naukowych	- prof. dr hab. Małgorzata Jędrzycka
z-ca dyrektora ds. ogólnych	- prof. dr hab. Zbigniew Zwierzykowski

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

1. prof. dr hab. Tadeusz Adamski
2. prof. dr hab. Stanisław Jeżowski
3. prof. dr hab. Małgorzata Jędrzycka
4. prof. dr hab. Piotr Kachlicki
5. prof. dr hab. Paweł Krajewski
6. prof. dr hab. Barbara Naganowska
7. prof. dr hab. Tadeusz Rorat (do 31 maja 2017 r.)
8. prof. dr hab. Wojciech Rybiński
9. prof. dr hab. Bolesław Salmanowicz (31 października 2017 r.)
10. prof. dr hab. Maria Surma
11. prof. dr hab. Wojciech Świącicki, czł. koresp. PAN
12. prof. dr hab. Halina Wiśniewska
13. prof. dr hab. Bogdan Wolko
14. prof. dr hab. Zbigniew Zwierzykowski
15. dr hab. Andrzej Górny, prof. IGR PAN
16. dr hab. Arkadiusz Kosmala, prof IGR PAN
17. dr hab. Karolina Krystkowiak (do 31 lipca 2017 r.)
18. dr hab. Anetta Kuczyńska
19. dr hab. Lidia Błaszczyk
20. dr hab. Robert Malinowski
21. dr hab. Tomasz Pniewski, prof. IGR PAN
22. dr hab. Łukasz Stępień

RADA NAUKOWA

Członkowie PAN:

1. czł. koresp. prof dr hab. Zbigniew W. Kundzewicz
2. czł. koresp. prof dr hab. Jerzy J. Lipa
3. czł. koresp. prof dr hab. Stefan Malepszy
4. czł. koresp. prof dr hab. Małgorzata Mańka – *Zastępca Przewodniczącej*
5. czł. koresp. prof dr hab. Marian Saniewski
6. czł. koresp. prof dr hab. Marek Świtoński

Samodzielni pracownicy naukowci zatrudnieni w IGR PAN:

7. prof. dr hab. Tadeusz Adamski
8. dr hab. Andrzej Górny, prof. IGR PAN
9. prof. dr hab. Stanisław Jeżowski
10. prof. dr hab. Małgorzata Jędrzycka
11. prof. dr hab. Piotr Kachlicki
12. dr hab. Arkadiusz Kosmala
13. prof. dr hab. Paweł Krajewski
14. dr hab. Anetta Kuczyńska – *Zastępca Sekretarza*
15. dr hab. Lidia Błaszczak
16. dr hab. Robert Malinowski
17. prof. dr hab. Barbara Naganowska
18. dr hab. Tomasz Pniewski, prof. IGR PAN
19. prof. dr hab. Tadeusz Rorat – *Zastępca Przewodniczącej*
20. prof. dr hab. Wojciech Rybiński
21. prof. dr hab. Bolesław Salmanowicz
22. dr. hab. Łukasz Stępień
23. prof. dr hab. Maria Surma
24. prof. dr hab. Wojciech Święcicki, czł. koresp. PAN
25. prof. dr hab. Halina Wiśniewska
26. prof. dr hab. Bogdan Wolko
27. prof. dr hab. Zbigniew Zwierzykowski

Pracownicy naukowci niezatrudnieni w Instytucie:

28. prof. dr hab. Iwona Bartkowiak-Broda - IHAR Oddz. w Poznaniu
29. prof. dr hab. Jerzy Chełkowski
30. prof. dr hab. Franciszek Dubert - IFR PAN w Krakowie
31. prof. dr hab. Jolanta Floryszak-Wieczorek - UP w Poznaniu
32. prof. dr hab. Robert Hasterok - UŚ w Katowicach
33. prof. dr hab. Zygmunt Kaczmarek
34. prof. dr hab. Krzysztof Kowalczyk - UP w Lublinie
35. prof. dr hab. Piotr Masojć - ZUT w Szczecinie
36. prof. dr hab. Cezary Mądrzak - UP w Poznaniu
37. prof. dr hab. Marcin Rapacz - UR w Krakowie
38. prof. dr hab. Maciej Stobiecki - IBCH PAN w Poznaniu
39. prof. dr hab. Iwona Szarejko - UŚ w Katowicach
40. prof. dr hab. Zofia Szwejkowska-Kulińska - UAM w Poznaniu – *Przewodnicząca*
41. prof. dr hab. Marian Wiwart - UWM w Olsztynie
42. prof. dr hab. Andrzej Wojciechowski - UP w Poznaniu

Przedstawiciele asystentów i adiunktów IGR PAN:

43. dr Agnieszka Kiełbowicz-Matuk – *Sekretarz*
44. dr Magdalena Kroc
45. dr Michał Kwiatek
46. dr Karolina Susek

JEDNOSTKI ORGANIZACYJNE

1. Zakład Biologii Stresów Środowiskowych

kierownik: dr hab. Arkadiusz Kosmala

2. Zakład Biometrii i Bioinformatyki

kierownik: prof. dr hab. Paweł Krajewski

3. Zakład Biotechnologii

kierownik: dr hab. Tomasz Pniewski, prof. IGR PAN

4. Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin

kierownik: prof. dr hab. Piotr Kachlicki

5. Zakład Genomiki

kierownik: prof. dr hab. Barbara Naganowska

6. Zakład Zintegrowanej Biologii Roślin

kierownik: dr hab. Robert Malinowski

7. Biblioteka

kierownik: mgr Barbara Sadowska

8. Dział Księgowości

główna księgowa: mgr Kinga Chałupniczak

9. Dział Gospodarczo-Techniczny

kierownik: Andrzej Gięda

10. Dział Zaopatrzenia

kierownik: Krzysztof Kobla

STRUKTURA ZATRUDNIENIA

(stan na 31 grudnia 2017 r.)

Grupy pracowników	Liczba osób	Liczba etatów	Liczba osób zatrudnionych w projektach	Liczba etatów w projektach
Profesorowie zwyczajni i nadzwyczajni	14	14,00	-	-
Adiunkci	18	17,50	7	7,00
Asystenci	12	12,00	10	10,00
Badawczo-techniczni	1	0,50	-	-
Inżynierzy z wyższym wykształceniem	17	16,30	6	5,30
Techniczni	6	4,83	3	1,83
Administracja	12	11,40	1	1,00
Biblioteka	1	0,50	-	-
Robotnicy + obsługa	10	10,00	-	-
	91	87,03	27	25,13

Osoby pobierające stypendia doktoranckie: 21 osób.
Liczba doktorantów (razem z pracownikami): 31 osób

UPRAWNIENIA

Instytut posiada uprawnienia do nadawania stopnia doktora i doktora habilitowanego nauk rolniczych w dyscyplinie agronomia.

INFORMACJA FINANSOWA

I. Przychody	(zł)
Dotacja na działalność statutową	4 622 760
Dotacje na badania młodych naukowców	110 700
Przychody z innych źródeł (naprawa szklarni)	233 380
Projekty badawcze	
Projekty zagraniczne	2 231 039
MNiSW (projekty i dopłaty do projektów UE)	463 738
Projekty NCN i NCBiR	6 673 880
Projekty finansowane przez MRiRW	3 138 204
Prace naukowo-wdrożeniowe finansowane przez inne podmioty	117 259
Razem projekty	12 624 120
Przychody ogółem	17 590 960
II. Przychody z projektów w % dotacji na działalność statutową	273,1
Osobowy fundusz płac w działalności statutowej (zł)	3 654 061
- w % dotacji na działalność statutową	79,0
- w % przychodów ogółem	20,8
Koszty ogrzewania i energii elektrycznej (% dotacji na działalność statutową)	14,3

III. W 2017 roku, a także do dnia sporządzenia niniejszego sprawozdania, nie wystąpiły zdarzenia, które miały istotny wpływ na działalność jednostki.

IV. Instytut Genetyki Roślin zakłada w 2018 roku kontynuację działalności na podobnym poziomie jak w 2017 roku, przy czym, w związku z nową kategoryzacją, zakłada się wzrost dotacji statutowej na utrzymanie potencjału badawczego.

V. Jednostka nie dokonała nabycia udziałów własnych w 2017 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 otrzymuje dotację statutową na utrzymanie potencjału badawczego, 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 Nauki i Szkolnictwa Wyższego 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. Kluczowym niefinansowym wskaźnikiem efektywności związanym z działalnością Instytutu Genetyki Roślin jest liczba publikacji. Wskaźnik ten został szczegółowo omówiony w niniejszym sprawozdaniu.

INFORMACJE O DZIAŁALNOŚCI INSTYTUTU I DOROBKU NAUKOWYM

PUBLIKACJE (Spis: strony 79 – 87)

Prace opublikowane w 2017 roku, w tym:

w czasopismach wyróżnionych przez Journal Citation Reports	59
w czasopismach recenzowanych wymienionych w wykazie Ministra NiSW	1
w innych czasopismach naukowych (w tym branżowych i pop. naukowych)	1
autorstwo rozdziału w monografii w j. angielskim	1
	<u>Ogółem</u> 63
doniesienia konferencyjne	87

PROJEKTY BADAWCZE

Finansowane przez:

– źródła zagraniczne	3
– NCN/NCBiR	37
– Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi	10
– Program Wieloletni („Polskie białko”)	1
– inne podmioty	
	<u>Ogółem</u> 51

UDZIAŁ W KONFERENCJACH NAUKOWYCH (Szczegóły: strony 69 – 78)

Konferencje, warsztaty i seminaria zorganizowane przez Instytut:

– krajowe i międzynarodowe	10
----------------------------	----

Udział pracowników w konferencjach:

– Konferencje krajowe	11
– Konferencje międzynarodowe	24
	<u>Ogółem</u> 35

WSPÓŁPRACA Z ZAGRANICĄ (Szczegóły: strony 59 – 67)

Realizowano: 10 tematów w ramach umów międzynarodowych,
41 tematów z 39 instytucjami w ramach współpracy bezumownej.

Przyjęto: 12 gości zagranicznych,
18 pracowników IGR PAN wyjeżdżało na krótkoterminowe pobyty zagraniczne,
1 osoba przebywała na stażu długoterminowym.

KONSORCJA I SIECI

Konsorcjum BIOTRIGEN

Konsorcjum powołano w celu opracowania i wdrożenia modelu przyspieszania hodowli pszenicy (*Triticum aestivum* L.) z wykorzystaniem metod biotechnologicznych. W skład konsorcjum wchodzi: Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Danko, Hodowla Roślin Sp. z o.o., Hodowla Roślin Rolniczych „Nasiona Kobierzyc” Sp. z o.o. oraz IGR PAN.

Konsorcjum Cost Action CA 15223 – iPlanta

Celem akcji COST iPlanta jest wyjaśnienie zjawisk związanych z wyciszaniem genów u roślin. Konsorcjum zrzesza 36 członków z 35 krajów: Austria, Belgia, Bośnia i Hercegowina, Bułgaria, Cypr, Czarnogóra, Dania, Estonia, Finlandia, Francja, Grecja, Hiszpania, Holandia, Irlandia, Islandia, Kreta, Litwa, Luksemburg, Łotwa, Macedonia, Malta, Niemcy, Norwegia, Polska, Portugalia, Republika Czeska, Rumunia, Serbia, Słowacja, Słowenia, Szwajcaria, Szwecja, Turcja, Węgry, Wielka Brytania. Dr. Jorge Paiva jest członkiem Komitetu Sterującego oraz koordynatorem krótkich wyjazdów stażowych.

Konsorcjum EPPN2020

Konsorcjum powołano w celu realizacji dostępu do platform automatycznego, nieinwazyjnego fenotypowania roślin oraz opracowania 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 Julich, 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.

Konsorcjum FLOWPLAST

Celem konsorcjum jest koordynacja i współpraca w zakresie wykonania projektu ERA-CAPS FLOWPLAST "Plasticity of flowering time in response to environmental signals in *Arabidopsis thaliana*". Jednostki tworzące: Max Planck Institute for Developmental Biology, Tübingen, Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Cologne, Leeds University, Wageningen University oraz IGR PAN.

Konsorcjum HYBRE

Celem konsorcjum jest realizacja projektu BIOSTRATEG: "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.

Konsorcjum LEGATO

Konsorcjum LEGATO "LEGumes for the Agriculture of TOMorrow" (Consortium Agreement no: 613551 LEGATO - umowa konsorcjum w ramach projektu FP7 KBBE.2013.1.2-02), w skład którego wchodzi 29 jednostek z 12 krajów Europy powstało w celu promocji roślin strączkowych w Europie poprzez określenie głównych czynników ograniczających ich uprawę oraz opracowanie rozwiązań dla wytwarzania nowych odmian, praktyk rolniczych i zastosowań w żywieniu. Wynikiem LEGATO będzie dostarczenie

narzędzi i zasobów, które będą podstawą nowoczesnej metodyki hodowli oraz pełnego wykorzystania dostępnych źródeł zmienności genetycznej.

Konsorcjum PLANTOVAC

Konsorcjum powołano w celu otrzymania szczepionki pochodzenia roślinnego przeciwko wirusowemu zapaleniu wątroby typu B i ochrony własności intelektualnej. Uczestnikami konsorcjum są: Instytut Biotechnologii i Antybiotyków (IBA) w Warszawie, Medana S.A. Sieradz, Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich w Poznaniu, Centrum Badań DNA w Poznaniu oraz IGR PAN.

Konsorcjum SEGENMAS

Konsorcjum powołano w ramach Programu Badań Stosowanych: „Sekwencjonowanie nowej generacji i mapowanie asocjacyjne jako metody generowania markerów molekularnych cech użytkowych łubinu wąskolistnego”, nr wniosku 244227; 2014-2017. W skład konsorcjum wchodzi: UP w Poznaniu, UMCS w Lublinie, UR w Krakowie, Instytut Fizjologii Roślin PAN w Krakowie, HR Smolice, Poznańska Hodowla Roślin oddział Wiatrowo oraz IGR PAN (koordynator).

Konsorcjum SORMISOL

Celem powołania konsorcjum jest opracowanie innowacyjnej technologii produkcji bioetanolu II generacji z biomasy sorgo (*Sorghum* sp.) i miskanta (*Miscanthus* sp.). W skład konsorcjum wchodzi: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu, Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich w Poznaniu, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu oraz IGR PAN.

Wielkopolskie Centrum Zaawansowanych Technologii

Konsorcjum Wielkopolskie Centrum Zaawansowanych Technologii (WCZT) w Poznaniu zostało utworzone w 2006 r. przez Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Uniwersytet Przyrodniczy, Politechnikę Poznańską, Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego, Uniwersytet Ekonomiczny, Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Instytut Fizyki Molekularnej PAN, Instytut Genetyki Człowieka PAN, Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich, Poznański Park Naukowo-Technologiczny Fundacji UAM oraz IGR PAN.

OCHRONA WŁASNOŚCI INTELEKTUALNEJ

Patenty przyznane:

Pniewski T., Kapusta J., Bociąg P., Kostrzak A., **Wolko B.**, Płucienniczak A., Płucienniczak G., Wójcik P., Otta H., Wojciechowicz J.: "Expression cassette, T-DNA molecule, plant expression vector, transgenic plant as well as their use in the manufacturing of a vaccine", EP 2 173 885, 30.03.2017 r., opublikowany w European Patent Bulletin 03.05.2017 r.

Kozłowska E., Hoc N., Dymarska M., Kostrzewa-Susłow E., Grzeszczuk J., Płaskowska E., **Urbaniak M.**, **Stępień Ł.**, Janeczko T.: „Sposób wytwarzania 3 β ,7 β -dihydroksyandrost-5-en-17-onu”, P-417200, 19.12.2017 r.

Kozłowska E., Hoc N., Dymarska M., Kostrzewa-Susłow E., Grzeszczuk J., Płaskowska E., **Urbaniak M.**, **Stępień Ł.**, Janeczko T.: „Sposób wytwarzania 3 β ,7 α -dihydroksyandrost-5-en-17-onu”, P-417201, 19.12.2017 r.

Złożone wnioski patentowe:

Kozłowska E., Dymarska M., Kancelista A., **Urbaniak M., Stępień Ł.**, Kostrzewa-Susłow E., Janeczko T.: „Sposób wytwarzania androst-1,4-dien-3,17-dionu” P-420186, 13.01.2017 r.

Kozłowska E., Dymarska M., Kancelista A., Kostrzewa-Susłow E., **Urbaniak M., Stępień Ł.**, Janeczko T.: „Sposób wytwarzania $3\beta,7\alpha,17\alpha$ -trihydroksyandrost-5-enu”, P-420193, 13.01.2017 r.

Kozłowska E., Dymarska M., Kostrzewa-Susłow E., **Urbaniak M.**, Kancelista A., **Stępień Ł.**, Janeczko T.: „Sposób wytwarzania $3\beta,7\alpha$ -dihydroksyandrost-5-en-17-onu”, P-420192, 13.01.2017 r.

Kozłowska E., Kancelista A., **Urbaniak M., Stępień Ł.**, Dymarska M., Kostrzewa-Susłow E., Janeczko T.: „Sposób wytwarzania 17α -oxa-D-homo-androst-4-en-17-onu”, P-420187, 13.01.2017 r.

Kozłowska E., Kancelista A., **Urbaniak M., Stępień Ł.**, Dymarska M., Kostrzewa-Susłow E., Janeczko T.: „Sposób wytwarzania 17α -oxa-D-homo-androst-4-en-17-onu”, P-420191, 13.01.2017 r.

NAGRODY I WYRÓŻNIENIA

A. Basińska-Barczak, L. Błaszczyk, nagroda trzeciego stopnia za najlepszą prezentację ustną wyników: „*Trichoderma* - wheat (*Triticum aestivum* L.) interactions”, 12th International Conference of Young Naturalists – „From Biotechnology to Environmental Protection”, Zielona Góra, 22 – 24.11.2017 r.

W. Bielski, Stypendium Instytutu Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk dla najlepszych doktoratów na rok akademicki 2016/2017 oraz 2017/2018.

S. Blicharz, Stypendium Instytutu Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk dla najlepszych doktoratów na rok akademicki oraz 2017/2018.

J. Czarnecka, Stypendium Instytutu Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk dla najlepszych doktoratów na rok akademicki oraz 2017/2018.

G. Franklin, Nagroda Dyrektora Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk za wybitne osiągnięcia naukowe w latach 2015-2016, 13 grudnia 2017 r.

C. Gomes, Stypendium Instytutu Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk dla najlepszych doktoratów na rok akademicki 2017/2018.

K. Górna, Nagroda naukowa im. Stefana Barbackiego II stopnia za opracowanie genetycznej i molekularnej charakterystyki patogenicznych grzybów z rodzaju *Fusarium*, wrzesień 2017 r.

M. Jędrzycka, Nagroda Dyrektora Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk za wybitne osiągnięcia naukowe w latach 2015-2016, 13 grudnia 2017 r.

J. Kaczmarek, Nagroda Dyrektora Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk za wybitne osiągnięcia naukowe w latach 2015-2016, 13 grudnia 2017 r.

G. Koczyk, Nagroda Dyrektora IGR PAN II stopnia za publikację naukową: Fedorowicz-Strońska O, Koczyk G, Kaczmarek M, Krajewski P, Sadowski J. (2017) Genome-wide identification, characterisation and expression profiles of calcium-dependent

protein kinase genes in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Journal of Applied Genetics* 58 (1): 11 – 22.

A. Kosmala, Nagroda Dyrektora Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk za wybitne osiągnięcia naukowe w latach 2015-2016, 13 grudnia 2017 r.

P. Krajewski, Nagroda Dyrektora Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk za wybitne osiągnięcia naukowe w latach 2015-2016, 13 grudnia 2017 r.

J. Majka, Stypendium Instytutu Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk dla najlepszych doktoratów na rok akademicki 2017/2018.

M. Majka, Stypendium Instytutu Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk dla najlepszych doktoratów na rok akademicki 2017/2018.

K. Masajada, Stypendium Instytutu Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk dla najlepszych doktoratów na rok akademicki 2017/2018.

D. Perlikowski, Stypendium dla wybitnych młodych uczonych na początku kariery naukowej „START” Fundacji na Rzecz Nauki Polskiej 2017 r.

M. Pyrski, Stypendium Instytutu Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk dla najlepszych doktoratów na rok akademicki 2017/2018.

P. Shakya, Stypendium Instytutu Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk dla najlepszych doktoratów na rok akademicki 2016/2017 oraz 2017/2018.

Wyróżnienie Wydziału II Nauk Biologicznych i Rolniczych Polskiej Akademii Nauk dla zespołu naukowego M. Jędrzycka (35%), J. Kaczmarek (25%), I. Kasprzyk (10%), A. Grinn-Gofroń (10%), M. Sadyś (10%), A. Brachaczek (10%) za cykl prac pt. „Opracowanie narzędzi aerobiologicznych do ochrony zdrowotności roślin i zdrowia ludzi”, 9 listopada 2017 r.

ROZWÓJ KADRY NAUKOWEJ

Stopień naukowy doktora habilitowanego

Dr Lidia Błaszczuk – stopień doktora habilitowanego w dziedzinie nauk rolniczych w dyscyplinie agronomii nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 5 września 2017 r. za cykl sześciu publikacji naukowych powiązanych tematycznie pt. „Zróżnicowanie gatunkowe polskich szczepów *Trichoderma* i ich właściwości antagonistyczne względem fitopatogenów *Fusarium*”.

Stopień naukowy doktora

Mgr Karolina Górna – stopień doktora nauk rolniczych nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 13 grudnia 2017 r. na podstawie pracy „Zróżnicowanie genetyczne i charakterystyka metaboliczna izolatów *Fusarium proliferatum* jako patogena roślin uprawnych”; promotor dr hab. Ł. Stępień.

Mgr Michał Knopkiewicz - stopień doktora nauk rolniczych nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 13 grudnia 2017 r. na podstawie pracy „Identyfikacja i charakterystyka loci odpowiedzialnych za odporność na wyleganie i askochytozę u grochu siewnego (*Pisum sativum* L.)”; promotor: prof. dr hab. W. Świącicki, promotor pomocniczy: dr M. Gawłowska.

Stopień naukowy licencjata

licencjat Zuzanna Dutkiewicz – stopień licencjata nauk biologicznych nadany przez Wydział Informatyki Politechniki Poznańskiej w dniu 12 września 2017 r.; na podstawie pracy „Analiza eksperymentalna i bioinformatyczna homologów genu reduktazy ketoizowalerianianowej w biosyntezie wtórnych metabolitów przez grzyby wyższe”, promotor: dr Grzegorz Koczyk.

Doktoranci

mgr Adam Augustyniak, opiekun naukowy: dr hab. A. Kosmala, od 01 listopada 2014 r.

mgr Bakro Fatema, opiekun naukowy: dr hab. R. Malinowski, od 01 maja 2016 r.

mgr Aneta Basińska-Barczak, opiekun naukowy: dr hab. L. Błaszczyk, od 01 listopada 2014 r.

mgr Wojciech Bielski, opiekun naukowy: dr K. Susek, od 17 marca 2014 r.

mgr Blicharz Sara, opiekun naukowy: dr hab. R. Malinowski, od 01 maja 2016 r.

mgr Joanna Cerazy-Waliszewska, opiekun naukowy: prof. dr hab. S. Jeżowski, od 01 listopada 2012 r.

mgr Jagoda Czarnecka, opiekun naukowy: dr A. Kiełbowicz-Matuk, prof. dr hab. T. Rorat, od 01 stycznia 2013 r.

mgr Anna Durska, opiekun naukowy prof. dr hab. W. Święcicki, od 24 października 2016 r.

mgr Joanna Fidler, opiekun naukowy: dr D. Babula-Skowrońska, od 04 grudnia 2017 r.

mgr Carolina Gomes, opiekun naukowy: dr Jorge Paiva, od 06 czerwca 2016 r.

mgr Michał Kempa, opiekun naukowy: dr hab. A. Kuczyńska, od 05 listopada 2015 r.

mgr Kamil Kowalik, opiekun naukowy: dr hab. A. Kuczyńska, od 02 listopada 2017 r.

mgr Dariusz Kruszka, opiekun naukowy: dr F. Gregory, prof. dr hab. P. Kachlicki, od 01 kwietnia 2017 r.

mgr Joanna Majka, promotor: dr hab. A. Kosmala, promotor pomocniczy: dr T. Książczyk, od 01 października 2013 r.

mgr Maciej Majka, opiekun naukowy: prof. dr hab. H. Wiśniewska, od 01 października 2013 r.

mgr Katarzyna Masajada, opiekun naukowy: dr I. Pawłowicz, dr hab. A. Kosmala, od 01 grudnia 2014 r.

mgr Soham Mukhopathyay, opiekun naukowy: dr W. Truman, od 13 grudnia 2016 r.

mgr Juan Camilo Ochoa, opiekun naukowy: dr W. Truman, od 19 stycznia 2017 r.

mgr inż. Piotr Plewiński, opiekun naukowy: dr M. Książkiewicz, od 20 października 2016 r.

mgr inż. Marcin Pyrski, opiekun naukowy: dr hab. T. Pniewski, od 01 listopada 2013 r.

mgr Noor Ramzi, opiekun naukowy prof. dr hab. M. Jędryczka, od 12 grudnia 2016 r.

mgr Joanna Różańska, opiekun naukowy: dr D. Babula-Skowrońska, od 02 listopada 2017 r.

mgr Elżbieta Rudy, opiekun naukowy: prof. dr hab. B. Wolko, od 01 maja 2015 r.

mgr Sandra Rychel, opiekun naukowy: prof. dr hab. B. Wolko, od 01 października 2011 r.

mgr Paweł Serbiak, opiekun naukowy: prof. dr hab. M. Jędrzycka, od 01 listopada 2012 r.

mgr Preeti Shakya, opiekun naukowy: dr hab. R. Malinowski, od 05 listopada 2015 r.

mgr Karolina Sobańska, opiekun naukowy: dr hab. T. Pniewski, od 01 listopada 2012 r.

mgr Urszula Talar, opiekun naukowy: dr A. Kiełbiewicz-Matuk, prof. dr hab. T. Rorat, od 01 grudnia 2014 r.

mgr Waldemar Ułaszewski, opiekun naukowy: dr K. Susek, od 24 października 2016 r.

mgr Monika Urbaniak, opiekun naukowy: dr hab. Ł. Stępień, od 01 października 2013 r.

mgr inż. Natalia Witaszak, opiekun naukowy: prof. dr hab. P. Kachlicki, od 01 stycznia 2016 r.

Magistranci

Andżelika Drozda, realizacja pracy magisterskiej, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, od 01.10.2016 r., opiekun mgr inż. J. Cerazy-Waliszewska, promotor dr hab. T. Pniewski.

Lucyna Szymańska, realizacja pracy magisterskiej, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, 01 października – 31 grudnia 2017 r., opiekun dr hab. L. Błaszczyk, mgr A. Basińska-Barczak.

Inżynieranci

Joanna Matuszek, realizacja pracy inżynierskiej, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, 01.10.2015 r. – 05.01.2017 r., opiekun mgr K. Sobańska, promotor dr hab. T. Pniewski.

Stażyci

Angelika Andrzejewska, Dominik Czaja, Klaudia Staszak, Monika Ziábka, program stażowy dla studentów Wydziału Rolnictwa i Bioinżynierii Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu (UDA-POWR.03.01.00-00-S237/15), 23.01 – 28.02.2017 r., opiekun dr hab. A. Kuczyńska.

Pani Sophia Baldysz, staż naukowy, Wydział Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza, 03.07 – 02.10.2017 r., opiekun dr R.K. Selvakesavan.

Kinga Barczak, staż naukowy, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, 06.02 – 06.03.2017 r., opiekun dr M. Gawłowska.

Joanna Biernat, staż naukowy, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, 01.07 – 01.08.2017 r., opiekun dr M. Kroc.

Daria Budzyńska, staż naukowy w ramach wygranego konkursu na pracę w zespole BIO-TALENT, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, 01.09 – 01.10.2017 r.; opiekun dr hab. R. Malinowski.

Marcin Drzewiecki, staż naukowy, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, 01 – 30.06.2017 r., opiekun dr J. Paiva.

Mateusz Durbacz, staż naukowy, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, 03.07 – 03.08.2017 r., opiekun naukowy dr hab. R. Malinowski.

Seweryn Frasiński, staż naukowy, IHAR-PIB Radzików, 05 – 30.06.2017 r.; opiekun dr hab. Ł. Stępień.

Julia Grupa, staż naukowy, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, 02.07 – 02.10.2017 r.; opiekun dr hab. L. Błaszczyk.

Katarzyna Jasiewicz, praktyki, studentka Wydziału Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, 01.07 – 31.10.2017 r., opiekun dr. A. Kielbowicz-Matuk.

Dorota Jasińska, mgr Krzysztof Rubrycki, Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o., poznanie technik laboratoryjnych oraz przeprowadzenie analiz zawartości deoksyriwalenolu w ziarnie jęczmienia, 13 – 24.02.2017 r., opiekun dr hab. A. Kuczyńska.

Karolina Jędrzak, staż naukowy, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, 02.07 – 29.09.2017 r., opiekun dr hab. Ł. Stępień.

Norbert Jędrzejczak, staż naukowy – wolontariat, 03 – 28.07.2017 r., opiekun mgr A. Gryciuk, mgr inż. J. Ceraży-Waliszewska, mgr inż. M. Pyrski, dr hab. T. Pniewski.

Natalia Katulska, stażystka z funduszu europejskiego, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, 03.07 – 02.10.2017 r., opiekun prof. dr hab. H. Wiśniewska.

Piotr Kopec, staż naukowy, Wydział Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, 03.07 – 02.10.2017 r., opiekun dr hab. R. Malinowski.

Magdalena Magaj, program stażowy dla studentów Wydziału Rolnictwa i Bioinżynierii Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu (UDA-POWR.03.01.00-00-S237/15), 03 – 28.07.2017 r., opiekun mgr A. Gryciuk, mgr inż. J. Ceraży-Waliszewska, mgr inż. M. Pyrski, dr hab. T. Pniewski.

Jakub Michalski, staż naukowy, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, 23.01 – 23.02.2017 r., opiekun dr J. Paiva.

Katarzyna Mikołajczak, staż naukowy długoterminowy, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, 04.09 – 04.12.2017 r., opiekun dr hab. L. Błaszczyk.

Aleksandra Mrozek, 3 miesięczny staż naukowy, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, 10.07 – 09.10.2017 r., opiekunowie dr K. Susek (2 mies.) i dr M. Książkiewicz (1 mies.).

Paulina Musiał, staż naukowy, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, 01 – 30.09.2017 r., opiekun prof. dr hab. M. Jędrzycka.

Marta Pietras, program stażowy dla studentów Wydziału Rolnictwa i Bioinżynierii Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu (UDA-POWR.03.01.00-00-S237/15), 03 – 28.07.2017 r., opiekun dr M. Langner.

Szymon Rutecki, staż naukowy, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, 06.02 – 06.03.2017 r., opiekun dr M. Kroc.

Malwina Wegner, krótkoterminowy staż naukowy, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, 01.08 – 31.08.2017 r., opiekun dr J. Paiva.

Martyna Werkowska, staż naukowy, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, 03.07 – 11.08.2017 r., opiekun dr M. Kroc.

Paweł Zalewski, staż naukowy, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, 23.01 – 23.02.2017 r., opiekun dr J. Paiva.

Joanna Żuraszek, staż naukowy, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, 27.06 – 27.07.2017 r., opiekun dr M. Gawłowska.

UCZESTNICTWO W KOMITETACH REDAKCYJNYCH CZASOPISM NAUKOWYCH

Acta Agrobotanica

- dr Joanna Kaczmarek – członek komitetu redakcyjnego.

Acta Societatis Botanicorum Poloniae

- prof. dr hab. B. Wolko – członek komitetu redakcyjnego.

Biodiversity Research and Conservation

- prof. dr hab. Z. Kaczmarek – członek komitetu redakcyjnego.

Biohelikon

- dr hab. A. Kuczyńska – członek komitetu redakcyjnego.

Biomed Research International

- dr hab. Łukasz Stępień – członek komitetu redakcyjnego numeru specjalnego.

Biometrical Letters

- dr hab. A. Kuczyńska – członek komitetu redakcyjnego.

Genetic Resources and Crop Evolution

- prof. dr hab. W.K. Świącicki – członek komitetu redakcyjnego.

Journal of Applied Biotechnology

- dr hab. A. Kuczyńska – członek komitetu redakcyjnego.

Journal of Applied Genetics

- dr hab. A. Górny, prof. IGR PAN – redaktor działu „Plant Genetics”,
- prof. dr hab. Z. Kaczmarek – członek komitetu redakcyjnego,
- prof. dr hab. P. Krajewski – członek komitetu redakcyjnego,
- prof. dr hab. M. Surma – członek komitetu redakcyjnego.

Journal of Integrated OMICS

- dr hab. A. Kosmala – członek komitetu redakcyjnego.

Legume Perspectives

- prof. dr hab. W. Świącicki – członek komitetu redakcyjnego.

Polish Botanical Journal

- prof. dr hab. Z. Kaczmarek – członek komitetu redakcyjnego.

Plant Physiology

- dr R. Malinowski – członek komitetu redakcyjnego.

Polish Journal of Microbiology

- prof. dr hab. M. Jędrzycka – członek komitetu redakcyjnego.

Frontiers in Pharmacology

- dr J. Paiva – członek komitetu redakcyjnego,

- dr F. Gregory – członek komitetu redakcyjnego.

Frontiers in Plant Science

- dr F. Gregory – członek komitetu redakcyjnego,
- dr J. Paiva – członek komitetu redakcyjnego,
- dr R. Malinowski – członek komitetu redakcyjnego,
- dr hab. A. Kosmala – członek komitetu redakcyjnego,
- dr D. Babula-Skowrońska – członek komitetu redakcyjnego,
- dr A. Kiełbowicz-Matuk – członek komitetu redakcyjnego.

Frontiers in Microbiology

- prof. dr hab. M. Jędrzycka – redaktor techniczny tomu „Soil fungal biodiversity for soil and plant health”.

Science of Nature

- dr hab. Łukasz Stępień – członek komitetu redakcyjnego.

Scientifica

- dr F. Gregory – członek komitetu redakcyjnego.

Rośliny oleiste

- prof. dr hab. M. Jędrzycka – członek rady programowej.

Rozprawy i Monografie Instytutu Genetyki Roślin PAN

- prof. dr hab. T. Adamski – członek komitetu redakcyjnego,
- prof. dr hab. P. Krajewski – członek komitetu redakcyjnego,
- prof. dr hab. B. Salmanowicz – członek komitetu redakcyjnego,
- prof. dr hab. Z. Zwierzykowski – członkowie komitetu redakcyjnego.

Zemdirbyste Agriculture

- prof. dr hab. M. Jędrzycka – członek rady programowej.

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

prof. dr hab. Tadeusz Adamski

- Członek XVIII Kadencji Rady Naukowej Instytutu Genetyki i Hodowli Roślin PIB w Radzikowie.

dr hab. L. Błaszczak

- Sekretarz Zarządu Oddziału Poznańskiego Polskiego Towarzystwa Genetycznego.

prof. dr hab. M. Jędrzycka

- Zastępca sekretarza w Zarządzie Oddziału Poznańskiego Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego.
- Zastępca przewodniczącego w Zarządzie Oddziału Poznańskiego Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego.
- Członek Zarządu Głównego Polskiego Towarzystwa Genetycznego.

- Kierownik Grupy roboczej Integrated Control in Oilseed Crops (ICOC), International Organisation for Biological Control/West Palaearctic Regional Section.
- Członek Rady Programowej ds. Studium Doktoranckiego na Wydziale Rolniczym Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu.

prof. dr hab. Piotr Kachlicki

- Członek Zarządu Polskiego Towarzystwa Spektrometrii Mas.

dr J. Kaczmarek

- Członek Komisji Rewizyjnej Zarządu Głównego Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego.
- Członek Polskiego Towarzystwa Mykologicznego, wiceprzewodnicząca sekcji *Micromycetes* i ich metabolity.

prof. dr hab. Z. Kaczmarek

- Członek Rady Naukowej Instytutu Fizjologii Roślin PAN w Krakowie.

dr A. Kielbowicz-Matuk

- Członek Rady Młodych Pracowników Naukowych IGR PAN.
- Sekretarz Rady Naukowej IGR PAN.

mgr H. Ćwiek – Kupczyńska

- Członek Rady Młodych Pracowników Naukowych IGR PAN.

dr I. Pawłowicz

- Członek Zarządu Oddziału Poznańskiego Polskiego Towarzystwa Genetycznego, skarbnik.

dr hab. A. Kuczyńska

- Zastępca sekretarza Rady Naukowej Instytutu Genetyki Roślin PAN w Poznaniu.

dr hab. A. Kosmala

- Członek Komisji Rewizyjnej Oddziału Poznańskiego Polskiego Towarzystwa Genetycznego.
- Członek Komisji ds. Badań Rady Naukowej IGR PAN.

prof. dr hab. P. Krajewski

- Członek Rady Naukowej Polskiego Towarzystwa Biometrycznego.
- Członek Zarządu EUCARPIA Section Biometrics in Plant Breeding.

dr M. Kroc

- Przewodnicząca Rady Młodych Pracowników Naukowych IGR PAN.

dr M. Langner

- Członek i sekretarz Rady Młodych Pracowników Naukowych IGR PAN.

dr hab. R. Malinowski

- Członek Komitetu Biotechnologii PAN.
- Członek panelu ekspertów Narodowego Centrum Nauki, panel NZ9.

mgr K. Masajada

- Członek Samorządu Doktorantów przy Środowiskowym Studium Doktoranckim Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN.
- Przedstawiciel Doktorantów IGR PAN.
- Członek Komisji Stypendialnej przy Środowiskowym Studium Doktoranckim Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN.

mgr Wojciech Bielski

- Członek Komisji Stypendialnej przy Środowiskowym Studium Doktoranckim Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN.

prof. dr hab. B. Naganowska

- Wiceprezes Zarządu Głównego Polskiego Towarzystwa Genetycznego.
- Członek Bazy Ekspertów Narodowego Centrum Badań i Rozwoju.

dr J. Paiva

- Delagat na Polskę COST ACTION CA15223.
- Członek International Legume Society.

dr hab. Tomasz Pniewski, prof. IGR PAN

- Członek Komisji ds. Rozwoju Kadry Naukowej Rady Naukowej Instytutu Genetyki Roślin PAN w Poznaniu.

prof. dr hab. T. Rorat

- Członek panelu recenzentów NCBiR.
- Członek Komitetu Fizjologii, Genetyki i Hodowli Roślin Wydziału II PAN.

dr K. Susek

- Członek Komisji ds. Rozwoju Kadry Naukowej Rady Naukowej Instytutu Genetyki Roślin PAN w Poznaniu.
- Przedstawiciel pracowników naukowych adiunktów i asystentów Rady Naukowej IGR PAN w Poznaniu.

dr hab. Ł. Stępień

- Przewodniczący Komisji Rewizyjnej Oddziału Poznańskiego Polskiego Towarzystwa Genetycznego.

prof. dr hab. W. Święcicki

- Członek korespondent Polskiej Akademii Nauk i Rady Kuratorów II Wydziału.
- Wiceprzewodniczący Rady Naukowej Instytutu Środowiska Rolniczego i Leśnego PAN w Poznaniu.
- Wiceprzewodniczący Rady Naukowej Ogrodu Botanicznego PAN w Powsinie.
- Członek Rady Naukowej Instytutu Genetyki Roślin PAN w Poznaniu.
- Członek Komitetu Agronomii PAN.
- Członek prezydium Komitetu Fizjologii, Genetyki i Hodowli Roślin PAN.
- Członek Rady Konsultacyjnej COBORU w Słupi Wielkiej.
- Członek Zarządu *Pisum* Genetics Association i Komitetu dla Genomu *Pisum*.
- Członek założyciel „Legume Society”.
- Przewodniczący Rady ds. Ochrony Zasobów Genowych Roślin Uprawnych.

prof. dr hab. B. Wolko

- Członek Komitetu Fizjologii PAN w Krakowie.
- Członek Rady Naukowej Instytutu Środowiska Rolniczego i Leśnego PAN w Poznaniu.

prof. dr hab. Z. Zwierzykowski

- Członek Zarządu Grupy Roboczej *Festulolium* w ramach Sekcji Roślin Pastewnych i Traw Gazonowych EUCARPIA (Festulolium Working Group under the Fodder Crops and Amenity Grasses Section of EUCARPIA).
- Członek Komitetu Koordynacyjnego Wielkopolskiego Centrum Zaawansowanych Technologii.

DZIAŁALNOŚĆ DYDAKTYCZNA, POPULARYZATORSKA I DORADCZA

Warsztaty dla studentów kierunku Biologia roślin użytkowych, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, 24 i 25 maja 2017 r. Organizatorzy: prof. dr hab. M. Jędrzycka, dr hab. A. Kosmała, dr. A. Stachowiak-Szrejbrowska.

Wykłady i zajęcia w IGR PAN:

- „Tolerancja stresów biotycznych u jęczmienia”, prowadząca dr hab. A. Kuczyńska.
- „Identyfikacja molekularna grzybów *Cunninghamella* spp. używanych do biodegradacji toksycznych odpadów”, prowadzący mgr inż. P. Serbiak.
- „Wykorzystanie metod aerobiologicznych w ochronie roślin uprawnych przed chorobami”, prowadząca prof. dr hab. M. Jędrzycka.
- „Główne gatunki strączkowe uprawiane w Polsce – groch i łubin. Obserwacje wybranych cech morfologicznych w różnych populacjach mapujących, w warunkach polowych. Analiza sprzężeń”, prowadzące dr M. Gawłowska, dr M. Kroc.
- „Genomika strukturalna łubinów”, prowadzący dr M. Książkiewicz.
- „Trawy pastewne, kompleks *Lolium-Festuca* (kostrzewy-życice), krzyżowanie oddalone, tolerancja stresów abiotycznych u traw (susza, niska temperatura, zasolenie)”, prowadząca dr I. Pawłowicz.
- „Grzyby z rodzaju *Trichoderma* w biologicznej ochronie roślin uprawnych”, prowadzące dr hab. L. Błaszczyk, mgr A. Basińska.

Zajęcia praktyczne i pokazy na polu doświadczalnym IGR PAN w Cerkwicy:

- „Zmienność genetyczna i fenotypowa wierzb. Charakterystyka form wykorzystywanych do produkcji biomasy”, prowadząca prof. dr hab. M. Jędrzycka.
- „Ślazowiec pensylwański – jak wygląda i do czego jest stosowany? Pokaz inokulacji grzybem *Sclerotinia sclerotiorum*, wywołującym zgniliznę twardzikową”, prowadząca prof. dr hab. M. Jędrzycka.
- „Do czego służy test płatkowy? Pokaz możliwości praktycznego zastosowania wiedzy o metabolitach grzybów chorobotwórczych wobec rzepaku”, prowadząca prof. dr hab. M. Jędrzycka.
- „Zboża (pszenica, pszenżyto) i ich podatność na choroby (fuzarioza)”, prowadząca prof. dr hab. H. Wiśniewska.

- „Gatunki roślin strączkowych. Lędźwian siewny jako literaturowo modelowa roślina dla potrzeb zrównoważonego rolnictwa”, prowadzący prof. dr hab. W. Rybiński.

Spotkanie Sekcji Traw i Motylkowatych Drobnonasiennych PIN, Szelejewo, 07 czerwca 2017 r.

Wykłady:

- „Mieszance traw *Lolium-Festuca* – historia i teraźniejszość”, prowadzący prof. dr hab. Z. Zwierzykowski,
- „Mieszance traw *Lolium-Festuca* – przyszłość”, prowadzący dr hab. A. Kosmala.

Seminarium naukowe Zakładu Biotechnologii i Bioinformatyki Politechniki Rzeszowskiej, Rzeszów, 26 kwietnia 2017 r.

- „Fizjologiczna i molekularna reakcja rośliny na stresy abiotyczne”, prowadząca dr I. Pawłowicz.

Seminarium naukowe organizowane w ramach projektu KNOW– Poznańskie Konsorcjum RNA, Poznań, 7 lipca 2017 r.

- „B-box zinc finger proteins in potato – function of StBBX24 protein in photoperiodic and circadian clock regulation of *Solanum tuberosum* development”, prowadząca dr A. Kielbowicz-Matuk.

Seminarium naukowe organizowane w ramach Polskiego Towarzystwa Genetycznego, Poznań, 28 czerwca 2017 r.

- „Fotoperiodyczna regulacja kwitnienia u gatunków należących do rodzaju *Solanum*”, prowadząca dr A. Kielbowicz-Matuk.

Ćwiczenia dla studentów Uniwersytetu Przyrodniczego.

- „Matematyka”, 120 godzin, prowadząca dr A. Sawikowska.
- „Technologie informacyjne”, 40 godzin, prowadząca dr A. Sawikowska.

Wykłady i ćwiczenia dla studentów Uniwersytetu Zielonogórskiego.

- „Biotechnologia roślin”, 30 godzin, prof. dr hab. T. Adamski.
- „Mikrorozmnażanie roślin”, 45 godzin, prowadzący prof. dr hab. T. Adamski.

Wykłady z cyklu Genetyka Roślin dla doktorantów Środowiskowego Studium Doktoranckiego Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu.

- „Podstawy genetyki klasycznej”, 20.04.2017 r., prowadzący prof. dr hab. T. Adamski.
- „Basics of classical genetics”, 21.04.2017 r., prowadzący prof. dr hab. T. Adamski.
- „Genetyka cech ilościowych”, 25.04.2017 r., prowadząca prof. dr hab. M. Surma.
- „Genetics of quantitative traits”, 26.04.2017 r., prowadząca prof. dr hab. M. Surma.
- „Metody biometryczne stosowane w badaniach genetycznych, cz. 1”, 09.06.2017 r., prowadzący prof. dr hab. Z. Kaczmarek.
- „Biometrical methods used in genetic studies, part 1”, 10.06.2017 r., prowadzący prof. dr hab. Z. Kaczmarek.
- „Metody biometryczne stosowane w badaniach genetycznych, cz. 2”, 16.06.2017 r., prowadzący prof. dr hab. Z. Kaczmarek.

- „Biometrical methods used in genetic studies, part 2”, 17.06.2017 r., prowadzący prof. dr hab. Z. Kaczmarek.
- „Genetyka odporności”, 23.05.2017 r., prowadząca prof. dr hab. M. Jędrzycka.
- „Genetics of plant resistance”, 24.05.2017 r., prowadząca prof. dr hab. M. Jędrzycka.
- Zajęcia terenowe – wyjazd na pole doświadczalne IGR PAN w Cerekwicy, 25.06.2017 r., dr hab. A Kosmala.
- „Podstawy cytogenetyki”, 30.05.2017 r., prowadząca prof. dr hab. B. Naganowska.
- „Basic cytogenetics”, 31.05.2017 r., prowadząca prof. dr hab. B. Naganowska.
- „Zarys inżynierii genetycznej roślin”, 06.06.2017 r., prowadzący dr hab. T. Pniewski prof. IGR PAN.
- „Introduction into plant genetic engineering”, 07.06.2017 r., prowadzący dr hab. T. Pniewski prof. IGR PAN.
- „Genetyka stosowana, czyli hodowla roślin”, 13.06.2017 r., prowadzący prof. dr hab. W. Święcicki.
- „Applied genetics – plant breeding”, 14.06.2017 r., prowadzący prof. dr hab. W. Święcicki.
- „Metabolomika roślin, cz. 1”, 20.06.2017 r., prowadzący prof. dr hab. P. Kachlicki.
- „Plant metabolomics, part 1”, 21.06.2017 r., prowadzący prof. dr hab. P. Kachlicki.
- „Metabolomika roślin, cz. 2”, 27.06.2017 r., prowadzący prof. dr hab. P. Kachlicki.
- „Plant metabolomics, part 2”, 28.06.2017 r., prowadzący prof. dr hab. P. Kachlicki.
- „Introduction to Molecular Plant Signalling”, 12 godz, prowadzący dr hab. R. Malinowski, dr W. Truman.

Zajęcia dla studentów Studium Podyplomowego „Analityka chemiczna” Wydziału Chemii Uniwersytetu im. A. Mickiewicza w Poznaniu.

Wykład:

- „Analizy roślinnych metabolitów wtórnych techniką HPLC-MS”, 16 grudnia 2017 r., prowadzący prof. dr hab. P. Kachlicki.

Ćwiczenia:

- „Analizy roślinnych metabolitów wtórnych techniką HPLC-MS”, 10 godzin, prowadzący dr. A. Piasecka, mgr D. Kruszka.

Wykłady dla studentów Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu, Wydziału Rolnictwa i Bioinżynierii, I roku studiów magisterskich w ramach przedmiotu „Innowacje w naukach rolniczych”.

- „Właściwości antagonistyczne polskich szczepów *Clonostachys* i *Trichoderma* względem toksynotwórczych gatunków *Fusarium*”; 04 kwietnia 2017 r., 1 godzina, prowadząca dr hab. L. Błaszczyk.
- „Oddziaływanie grzybów *Trichoderma* z roślinami pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.)”, 04 kwietnia 2017 r., 1 godzina, prowadząca mgr A. Basińska-Barczak.

Wykład dla słuchaczy studiów podyplomowych kierunku biologia realizowanych przez Niepubliczny Ośrodek Doskonalenia Nauczycieli Behaviour w Poznaniu.

- "Diagnostyka molekularna – na czym polega i gdzie jest wykorzystywana”, 19 listopada 2017 r. 2 godziny, dr hab. L. Błaszczyk.

Wykład dla lekarzy Uniwersytetu Medycznego w Poznaniu, Katedry i Kliniki Dermatologii, Pracowni Mykologii Lekarskiej.

- „Diagnostyka molekularna grzybów”, 20 września 2017 r., 2 godziny, dr hab. L. Błaszczuk.

Wykłady na Studium Podyplomowym Instytutu Ochrony Roślin.

- „Ważne gospodarczo gatunki sprawców chorób grzybowych rzepaku. Biologia, rozpoznawanie i zwalczanie”, 22 kwietnia 2017 r., 1 godzina, prowadząca prof. dr hab. M. Jędrzycka.
- „Sygnalizacja i prognozowanie występowania chorób grzybowych rzepaku”, 22 kwietnia 2017 r., 1 godzina, prowadząca prof. dr hab. M. Jędrzycka.
- „Ocena stopnia porażenia roślin rzepaku przez choroby grzybowe i prognozy ekonomicznej szkodliwości wybranych sprawców”, 22 kwietnia 2017 r., 1 godzina, prowadząca prof. dr hab. M. Jędrzycka.

Szkolenie w Centrum Doradztwa Rolniczego Oddział w ramach operacji zgłoszonej do Planu Operacyjnego KSOW w latach 2016 r. – 2017 r. „Innowacje w rolnictwie – upowszechnianie badań naukowych i przykłady wdrożeń w produkcji roślinnej”

- „Najnowsze wyniki prowadzonych badań naukowych i wdrożeń z zakresu produkcji zbóż i roślin oleistych”, 06 – 07 czerwca 2017 r., 45 min, prowadząca prof. dr hab. M. Jędrzycka.
- „Współczesne systemy wspomagania decyzji w ochronie zbóż i rzepaku, wykorzystujące metody aerobiologiczne”, 06 – 07 czerwca 2017 r., 45 min, prowadząca prof. dr hab. M. Jędrzycka.

Wykład na spotkaniu Oddziału Poznańskiego PTFit w dniu 23 czerwca 2017 r.

- „Fitopatologia w Europie: z impetem wgląd – sprawozdanie z konferencji EFPP w Dunkierce, maj 2017 r.” prowadzący prof. dr hab. M. Jędrzycka, M. Bełka.

Zajęcia z zakresu aerobiologii rolniczej dla studentów II stopnia kierunku Ogrodnictwo Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu

- „Współczesne kierunki w żywieniu i ochronie roślin”, 04 grudnia 2017 r., 3 godz, prowadząca prof. dr hab. M. Jędrzycka.

Zajęcia z zakresu aerobiologii rolniczej dla studentów II stopnia kierunku Medycyna Roślin Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu

- „Ochrona roślin rolniczych i Ochrona roślin ogrodniczych”, 06 grudnia 2017 r., 3 godz, prowadząca prof. dr hab. M. Jędrzycka.

Zajęcia z zakresu aerobiologii rolniczej dla studentów I stopnia anglojęzycznego kierunku Ogrodnictwo Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu

- „Integrated control of plant diseases”, 08 grudnia 2017 r., 3 godz, prowadząca prof. dr hab. M. Jędrzycka.
- Szkolenie dla studentów kierunku Biologia roślin użytkowych, IGR PAN, 25.05.2017 r., W. Rybiński - prezentacja bioróżnorodności marginalnych roślin strączkowych na przykładzie polowej kolekcji IGR PAN.

Cykl wykładów w ramach popularyzacji wyników Programu Wieloletniego w Ośrodkach Doradztwa Rolniczego

- „Deficyt białka paszowego w Polsce – hodowla odmian roślin strączkowych dla jego zaspokojenia”, 11 wykładów, prowadzący prof. dr hab. W. Świącicki.

Popularyzacja wyników Programu Wieloletniego, TV Trwam

- Udział w audycji „Wieś to też Polska”, 05.11.2017 r., prof. dr hab. W. Świącicki.

Noc Biologów 2017r. – warsztaty dla dzieci i młodzieży, Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu, 13.01.2017 r.

- Współorganizacja i prowadzenie zajęć mgr A. Durska, mgr inż. P. Plewiński, mgr W. Ułaszewski.

XX Festiwal Nauki i Sztuki, Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, 24.04.2017 r.

- Udział w przygotowaniu warsztatów dla dzieci i prowadzenie zajęć – mgr N. Witaszak, mgr A. Durska, dr M. Kroc, mgr P. Wilczura, mgr inż. P. Plewiński, mgr W. Ułaszewski.
- Przygotowanie plakatów – mgr S. Rychel.
- Sesja fotograficzna – mgr W. Bielski.

Wykłady w ramach cyklu BIOMs – BIO-TALENT.

- Wykład popularyzatorski oraz prezentacja aktywności Zakładu Zintegrowanej Biologii Roślin dla uczniów szkoły podstawowej, 27.04.2017 r., prowadzący dr J. Paiva.
- „Rośliny idą na wojnę”, 11.12.2017 r. wykład popularyzatorski dla uczniów gimnazjum, prowadzący dr hab. R. Malinowski.

Wykłady w ramach cyklu BIOCAFE, Uniwersytet Adama Mickiewicza w Poznaniu.

- “Legumes around the world”, 13.12.2017 r., prowadząca mgr F. Bakro.

„Fascination Plant day”, 18.05.2017 r.

- Zajęcia laboratoryjne i prezentacja prac z zakresu biologii molekularnej i genomiki roślin drzewiastych dla uczniów szkół podstawowych, prowadzący – doktoranci: Carolina Gomes, Dariusz Kruszka, Preeti Shakya, Fatema Bakro, Sara Blicharz, Soham Mukhopadhyay, Juan Camilo Ochoa and Marcin Olszak, koordynatorzy: dr Anna Stachowiak-Szrejbrowska, dr Jorge Paiva.

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 IF₂₀₁₆=1,655.

INFORMACJE O DZIAŁALNOŚCI NAUKOWEJ

WAŻNIEJSZE OSIĄGNIĘCIA

- 1 Opracowano mapę cytogenetyczną genomu diploidalnej i tetraploidalnej formy kostrzewy łąkowej (*Festuca pratensis*). Wykorzystując markery cytogenetyczne zmapowane w obrębie poszczególnych chromosomów *F. pratensis* scharakteryzowano rearanżacje strukturalne w chromosomach roślin pokolenia F₁-F₉ tetraploidalnych mieszańców *F. pratensis* × *Lolium perenne* (**Zakład Biologii Stresów Środowiskowych**).
- 2 Zidentyfikowano 30 różnych genów *BBX* (B-box) w genomie *Solanum tuberosum* odm. Desiree i dokonano ich charakterystyki pod względem właściwości strukturalnych oraz wzorów ekspresji w cyklu okołodobowym oraz w warunkach etiolacji/de-etiolacji. (**Zakład Biologii Stresów Środowiskowych**).
- 3 Stwierdzono, że obecność modyfikacji chromatyny typu H3K4me3 jest dobrym predyktorem ekspresji genów w merystemie wierzchołkowym *Arabidopsis thaliana* oraz że modyfikacja H3K27me3 może towarzyszyć zarówno aktywnym, jak i nieaktywnym genom. Opisano występowanie nakładających się modyfikacji H3K4me3 i H3K27me3 i zaproponowano wyjaśnienie tego faktu poprzez specyficzne funkcje komórek merystemu wierzchołkowego (**Zakład Biometrii i Bioinformatyki**).
- 4 Wykazano niejednorodność pochodzenia genów biosyntezy poliketydów makrolaktonowych u grzybów rzędu *Hypocreales*. Wyniki wskazują na szczególnie istotną rolę horizontalnego transferu genów pomiędzy odległymi taksonami z klasy *Sordariomycetes* (**Zakład Biometrii i Bioinformatyki**).
- 5 W badaniach nad podatnością jęczmienia jarego na fuzariozę kłosów (FHB) i akumulacją deoksyniwalenolu (DON) w ziarnie, prowadzonych z wykorzystaniem populacji zgenotypowanych za pomocą markerów SNP, stwierdzono sprzężenie QTL dla odporności na FHB i zawartości DON z markerem SNP 11_21037 zlokalizowanym na chromosomie 2H, co wskazuje na potencjalną możliwość wykorzystania tego markera w hodowli jęczmienia o zmniejszonej podatności na FHB (**Zakład Biotechnologii**).
- 6 Opracowano podstawy metody koekspresji do otrzymywania kapsydopodobnych cząstek mozaikowych (mCLPs), złożonych z HBcAg oraz pochodnego białka HBcAg-epitop, co umożliwia tworzenie mCLPs jako komponentu bionanocząstek (**Zakład Biotechnologii**).
- 7 Przy wykorzystaniu roślin mieszańcowych *Salix viminalis* oraz *S. schwerinii* uzyskanych na UWM w Olsztynie, zidentyfikowano 11 QTL-i związanych z odpornością na rdzę powodowaną przez grzyb *Melampsora larici-epitea*. Największy procent zmienności cechy odporności na rdzę u form mieszańcowych (15,47%) wyjaśniała interakcja z izolatem *Mle 1* (najbliższy marker OPE04b) (**Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin**).

- 8 Zidentyfikowano szczepy grzybów (głównie z rodzaju *Isaria*) zdolnych do efektywnej biotransformacji związków biologicznie czynnych (dehydroepiandrosteron, 6-metyloflawon) w warunkach laboratoryjnych, co potencjalnie pozwoli na ich wykorzystanie biotechnologiczne (**Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin**).
- 9 Analizy profilu kwasów tłuszczowych w zasobach genowych łubinu białego pozwoliły zidentyfikować genotypy o najbardziej korzystnym stosunku nienasyconych kwasów tłuszczowych omega 3 : omega 6, co jest istotne z żywieniowego punktu widzenia (**Zakład Genomiki**).
- 10 Opracowano finalną wersję konsensusowej mapy genetycznej łubinu białego, zawierającą 3966 markerów (3669 sekwencyjnie zdefiniowanych), rozlokowanych w 25 grupach sprzężeń. Łączna długość mapy wynosi 2950 cM, mapa zawiera 1974 loci unikatowych (średni dystans 1,49 cM/marker). Na mapie zlokalizowano loci cech ilościowych wczesności kwitnienia i odporności na antraknozę, dla których uzyskano blisko sprzężone markery SNP, potwierdzone przez amplifikację i sekwencjonowanie produktów PCR (**Zakład Genomiki**).
- 11 Wykazano, że ekspresja genu gametocydalnego (Gc) *Aegilops geniculata* (*Ae. ovata*) u mieszańców tego gatunku z pszenżytem (\times *Triticosecale*), zachodząca w anafazie II podziału mejotycznego, skutkowałą fragmentacją chromosomów, ale obserwowano częściową żywotność gamet, w których doszło do tego zjawiska. Stwierdzono, że pofragmentowane chromosomy mają zdolność do losowego łączenia się i tworzenia translokacji chromosomowych. Mechanizm ten może zostać wykorzystany do manipulacji chromosomowych u pszenżyta (**Zakład Genomiki**).
- 12 Stwierdzono, że metaliczne nanocząstki mogą zakłócić wtórną przemianę materii roślin i wyzwać odporność wrodzoną (konstytutywną) rośliny. Jest to pierwszy dowód na indukcję odporności rośliny przez nanocząstki. Odkrycie to może mieć znaczenie dla tworzenia nowych strategii zwalczania szkodników roślin oraz patogenów infekujących rośliny (**Zakład Zintegrowanej Biologii Roślin**).
- 13 Zidentyfikowano gen będący kluczowym czynnikiem odpowiedzialnym za reakcję oporności roślin na transformację z wykorzystaniem *Agrobacterium*. Odkrycie to będzie miało duże znaczenie dla dalszego rozwoju inżynierii genetycznej roślin użytkowych, ponieważ wiele istotnych gospodarczo roślin jest opornych na modyfikacje genetyczne (**Zakład Zintegrowanej Biologii Roślin**).

SPRAWOZDANIE Z REALIZACJI BADAŃ

ZAKŁAD BIOLOGII STRESÓW ŚRODOWISKOWYCH

Kierownik Zakładu	<i>dr hab. Arkadiusz Kosmala, prof. IGR PAN</i>
Zespół Regulacji Ekspresji Genów (REG)	<i>dr Agnieszka Kielbowicz-Matuk</i> <i>prof. dr hab. Tadeusz Rorat – 50% etatu (do 31.05.2017 r.)</i> <i>mgr inż. Magdalena Biegańska</i> <i>mgr inż. Jagoda Czarnecka (doktorantka)</i> <i>mgr inż. Urszula Talar (doktorantka, urlop macierzyński do 23.08.2017 r.)</i>
Zespół Fizjologii Molekularnej i Cytogenetyki Roślin (FMiCR)	<i>dr hab. Arkadiusz Kosmala, prof. IGR PAN</i> <i>prof. dr hab. Zbigniew Zwierzykowski</i> <i>dr Danuta Babula-Skowrońska (urlop rodzicielski do 9.05.2017 r.)</i> <i>dr Tomasz Książczyk (urlop bezpłatny od 01.07.2017 r.)</i> <i>dr Izabela Pawłowicz</i> <i>dr Dawid Perlikowski</i> <i>mgr inż. Włodzimierz Zwierzykowski</i> <i>mgr Adam Augustyniak (doktorant)</i> <i>mgr Joanna Fidler (doktorantka od 04.12.2017 r.)</i> <i>mgr Joanna Majka (doktorantka)</i> <i>mgr Katarzyna Masajada (doktorantka)</i> <i>mgr Joanna Różańska (doktorantka od 02.11.2017 r.)</i>

Współautorstwo publikacji		Kierownictwo projektów	
<u>ogółem</u>	11	<u>ogółem</u>	5
Lista A	11	UE	-
Lista B	-	międzynarodowy-bilateralny	-
Lista C	-	Rządowe	-
Monografie i rozdziały	-	NCN/NCBiR/POIG	4
Inne	-	MRiRW	1
Liczba „N”	8,4	Inne	-

Prace koncentrują się na poznaniu mechanizmów adaptacji roślin do zmiennych warunków środowiska. Główne nurty badań obejmują: (i) podstawy tolerancji stresów abiotycznych i biotycznych u gatunków i mieszańców traw pastewnych kompleksu *Lolium-Festuca*; (ii) mechanizmy hartowania na mróz i mechanizmy kontrolujące plastyczność odpowiedzi rzepaku na stesy abiotyczne oraz (iii) funkcje białek StZPR1 i StBBX24 u *Solanum tuberosum* podczas rozwoju oraz w odpowiedzi na stesy środowiskowe.

Temat: Mechanizmy adaptacji roślin do stresowych warunków środowiska.

Prace badawcze Zakładu Biologii Stresów Środowiskowych prowadzone są w obrębie dwóch Zespołów – Zespołu Fizjologii Molekularnej i Cytogenetyki Roślin oraz Zespołu Regulacji Ekspresji Genów. Celem badań jest (i) poznanie fizjologiczno-molekularnych podstaw tolerancji stresów środowiskowych, m.in. niskiej temperatury, deficytu wody i zasolenia gleby u traw pastewnych kompleksu *Lolium-Festuca*; (ii) poznanie molekularnych mechanizmów kontrolujących plastyczność odpowiedzi rzepaku (*Brassica napus*) na stresse abiotyczne oraz procesów komórkowych, zachodzących podczas zimowania rzepaku, związanych z hartowaniem na mróz i odpowiedzią na infekcję patogenami *Peronospora parasitica* i *Plasmodiophora brassicae*; (iii) analiza funkcjonalna białek StZPR1 i StBBX24 u *Solanum tuberosum* podczas rozwoju oraz w odpowiedzi na stresse środowiskowe.

Prace **Zespołu Fizjologii Molekularnej i Cytogenetyki Roślin** mają charakter wieloletni i są w dużej mierze kontynuacją badań zainicjowanych w latach wcześniejszych. W 2017 r. badano w warunkach kontrolnych i stresowych zmiany w poziomie akumulacji białek chloroplastowych u dwóch genotypów kostrzewy trzcinowej (*F. arundinacea*), różniących się potencjałem tolerancji zasolenia gleby. W pracach wykorzystano metodę 2-D elektroforezy i spektrometrii mas. Wśród białek wykazujących zróżnicowanie międzygenotypowe pod względem poziomu akumulacji zidentyfikowano m.in. białka OEE1 i OEE2 (ang. *oxygen evolving enhancer proteins*), plastydową formę aldolazy fruktozo-1,6-bifosforanu (enzym cyklu Calvina) oraz lipokalinę.

Analizowano poziom ekspresji genów, kodujących akwaporyny tonoplastowe tip 1-1 i tip 1-2 oraz poziom akumulacji tych białek w warunkach kontrolnych, w warunkach deficytu wodnego i po ponownym nawodnieniu u dwóch form introgresywnych *L. multiflorum*/*F. arundinacea* pokolenia BC₅, różniących się poziomem tolerancji suszy. Wykazano, że w przypadku genu *tip 1-1* analizowane formy różniły się poziomem akumulacji transkryptu w warunkach kontrolnych i w warunkach rehydratacji. Wyższy poziom ekspresji zaobserwowano u formy o niższym potencjale tolerancji suszy. Nie stwierdzono natomiast różnic między genotypami w warunkach deficytu wodnego. W przypadku genu *tip 1-2* analizowane formy introgresywne różniły się poziomem akumulacji transkryptu tylko w warunkach kontrolnych. Wyższy poziom ekspresji zaobserwowano w tym wypadku również u formy o niższym potencjale tolerancji. Poziom akumulacji białek tip 1-1 i tip 1-2 był natomiast w każdym badanym punkcie czasowym eksperymentu wyższy u formy introgresywnej o większym potencjale tolerancji suszy.

Badano zmiany w lipidomie błon biologicznych, metabolomie pierwotnym i proteomie korzeni w warunkach deficytu wodnego i po jego ustąpieniu u dwóch form introgresywnych *L. multiflorum*/*F. arundinacea* pokolenia BC₄, różniących się stopniem rozwoju systemu korzeniowego i poziomem tolerancji suszy. Wykazano m.in., że w trakcie eksperymentu obie formy charakteryzowały się wzrostem poziomu akumulacji lipidów z klasy fosfatydylocholiny o wysokonasyconych kwasach tłuszczowych. Ponadto po wtórnym nawodnieniu, u obu form obserwowano również wzrost poziomu akumulacji lipidów z klas fosfatydyloglicerolu i sulfochinowozyloglicerolu. W przypadku lipidów z klasy triacylogliceroli (TAG), u formy introgresywnej o słabiej rozwiniętym systemie korzeniowym obserwowano ich wyższy poziom akumulacji w początkowych etapach deficytu wodnego, natomiast u drugiej badanej formy istotnie wyższy wzrost poziomu akumulacji lipidów z klasy TAG obserwowano dopiero po 60 dniach deficytu wodnego oraz po powtórny nawodnieniu. Forma introgresywna charakteryzująca się bardziej rozwiniętym systemem korzeniowym wykazała również wyższy poziom akumulacji proliny, rafinozy, rybitolu i trehalozy w warunkach deficytu wodnego i po

powtórny nawodnieniu. Przy wykorzystaniu metody 2-D elektroforezy i spektrometrii mas zidentyfikowano białka o zróżnicowanym poziomie akumulacji w korzeniach u dwóch badanych form *L. multiflorum*/*F. arundinacea*, m.in. chloroplastową dehydrogenazę D-3-fosfoglicerynianową, mitochondrialną syntazę ATP i V-ATPazę.

Zakończono prace zmierzające do opracowania pierwszej cytogenetycznej mapy diploidalnej i tetraploidalnej formy *F. pratensis*. Wybrane sekwencje nukleotydowe *F. pratensis* zmapowano następnie w chromosomach diploidalnej i tetraploidalnej formy *L. perenne* i u mieszańców tetraploidalnych *F. pratensis* × *L. perenne*. Ponadto analizowano rearanżacje strukturalne w chromosomach roślin pokolenia F₁-F₉ u tych mieszańców.

Rozpoczęto prace związane z analizą aktywności systemu antyoksydacyjnego w warunkach niskiej temperatury u form introgresywnych *L. multiflorum*/*F. arundinacea*, różniących się potencjałem mrozoodporności oraz w warunkach deficytu wodnego i po jego ustąpieniu u *F. arundinacea*, *F. glaucescens* i form introgresywnych *L. multiflorum*/*F. arundinacea*, różniących się potencjałem tolerancji suszy. Wstępne wyniki wskazały na zróżnicowanie w poziomie akumulacji anionorodnika ponadtlenkowego i nadtlenu wodoru pomiędzy badanymi roślinami zarówno w warunkach kontrolnych, jak i stresowych.

Analizowano dwuskładnikowy system regulacyjny ABI1/HB6 w kontrolowaniu indukcji i/lub hamowania transkrypcji genów w odpowiedzi na stres solny i suszę u *B. napus*. W 2017 r. sklonowano cztery paralogi genu *BnaHB6* (kodującego czynnik transkrypcyjny HD-Zip). Ponadto wyselekcjonowano genotypy rzepaku ozimego o zróżnicowanej zimotrwałości. Wybrano cztery genotypy – dwa o stosunkowo wysokim poziomie zimotrwałości (Minerva i Mercedes) oraz dwa o niskim poziomie zimotrwałości (Casoar i Cabriolet).

Prace **Zespołu Regulacji Ekspresji Genów** mają również charakter wieloletni i są kontynuacją badań zainicjowanych w latach wcześniejszych. W 2017 r. przeprowadzono charakterystykę fenotypową roślin *S. tuberosum* odm. Desirée z wyłączoną ekspresją genu *StZPR1* oraz roślin typu dzikiego uprawianych w fitotronie i w warunkach szklarniowych przy 16-godzinnym fotoperiodzie. Nie odnotowano istotnej różnicy u roślin transformowanych w porównaniu do roślin typu dzikiego pod względem tempa wzrostu wegetatywnego, liczby węzłów oraz liczby, kształtu i wielkości liści. Nie zaobserwowano także różnic w architekturze i liczbie kwiatów oraz istotnych różnic w liczbie i wielkości bulw pomiędzy liniami transgenicznymi a wyjściową odmianą Desirée. Zaobserwowano natomiast znaczną różnicę w fazie początku kwitnienia. Obserwacje wykazały, że linie transgeniczne z wyłączoną ekspresją genu *StZPR1* kwitły około 15 dni wcześniej niż rośliny typu dzikiego. Biorąc pod uwagę fakt, że białko StZPR1 wiąże się w warunkach *in vivo* do sekwencji „CIRC” (CAACAGCATC) występującej w rejonie promotorowym genu *StBBX24* charakteryzującego się okołodobowym rytmem ekspresji, można było przypuszczać, że StZPR1 pełni funkcję regulatora transkrypcji genów ulegających ekspresji w cyklu okołodobowym. Dla wykazania, czy białko StZPR1 posiada rzeczywiście wpływ na regulację ekspresji genów podlegających dobowej regulacji, przeprowadzono wysokoprzepustowe sekwencjonowanie transkryptomu roślin transgenicznych z wyłączoną ekspresją genu *StZPR1* oraz roślin typu dzikiego. Wśród genów, których ekspresja uległa zwiększeniu u linii amiRZPR1_3.3, na uwagę zasługują geny kodujące białka związane z regulacją cyklu okołodobowego i geny związane z regulacją czasu kwitnienia i kształtowania się organów kwiatowych. Przeprowadzono również charakterystykę fenotypową roślin z wyłączoną ekspresją genu *StZPR1* w odpowiedzi na działanie wysokiej temperatury, chłodu, zasolenia i egzogenego ABA.

W porównaniu do roślin typu dzikiego, nie odnotowano istotnych różnic w cechach fenotypowych u roślin transgeniczných w wyniku poddawania roślin działaniu wysokiej temperatury, chłodu, zasolenia i egzogenego ABA.

Ponadto, celem identyfikacji miejsc w kompleksie chromatynowym, do których wiąże się białko StZPR1, w roku 2017 przeprowadzono izolację odpowiednio usieciowanej (utrwalonej) chromatyny z liści roślin *S. tuberosum* odm. Desirée oraz przeprowadzono jej fragmentację za pomocą sonikacji.

Zidentyfikowano białka oddziaływujące z StBBX24 metodą koimmunoprecypitacji. Wyselekcjonowano trzech potencjalnych partnerów białkowych oddziaływujących z białkiem StBBX24. Przygotowano konstrukty dla potwierdzenia interakcji pomiędzy białkiem StBBX24 a jego potencjalnymi partnerami w warunkach *in vivo* przy zastosowaniu dwuhybrydowego systemu drożdżowego i za pomocą techniki mikroskopowej FRET-FLIM.

Efekt praktyczny

Uzyskane formy introgressywne *L. multiflorum*/*F. arundinacea* o ulepszonych parametrach tolerancji deficytu wodnego i mrozoodporności będą mogły być wykorzystane w pracach hodowlanych zmierzających do wyprowadzenia nowych odmian *Festulolium*.

Lista projektów badawczych Zakładu

NCN

OPUS 9: „Analiza funkcjonalna białka SsBBX24 zawierającego domeny wiążące cynk w cyklu okołodobowym podczas rozwoju i w odpowiedzi na zasolenie”, nr 2014/15/B/NZ9/04809, 21 lipca 2015 r. – 20 lipca 2018 r., **T. Rorat, A. Kielbowicz-Matuk**, J. Czarnecka, M. Biegańska, Z. Szweykowska-Kulińska (UAM, Poznań), M. Pieczyński (UAM, Poznań).

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, 3 lipca 2017 r. – 2 lipca 2020 r., **A. Kosmala**, I. Pawłowicz, K. Masajada, M. Arasimowicz-Jelonek (UAM, Poznań).

OPUS12: „Plastyczność odpowiedzi poliploidów na stresy środowiskowe: zbadanie regulonu ABI1/HB6 w warunkach stresów solnego i suszy u rzepaku (*Brassica napus*)”, nr 2016/23/B/NZ9/02175, 26 lipca 2017 r. – 25 lipca 2020 r., **D. Babula-Skowrońska**, J. Różańska, J. Fidler, T. Cegielska-Taras (IHAR, Poznań), L. Szała (IHAR, Poznań), A. Ludwików (UAM, Poznań).

PRELUDIUM 8: „Analiza wybranych komponentów architektury systemu korzeniowego i metabolizmu korzenia w odniesieniu do tolerancji deficytu wodnego u traw kompleksu *Lolium-Festuca*”, nr 2014/13/N/NZ9/00914, 21 stycznia 2015 r. – 21 stycznia 2017 r., **D. Perlikowski**, A. Augustyniak, A. Kosmala (opiekun naukowy).

MRiRW

„Identyfikacja genów związanych z ekspresją zimotrwałości i tolerancji suszy u form introgressywnych *Lolium multiflorum*/*Festuca arundinacea*”, projekt nr 35, 1 stycznia 2014 r. – 31 grudnia 2020 r., **A. Kosmala**, A. Augustyniak, K. Masajada, D. Perlikowski, I. Pawłowicz, W. Zwierzykowski, Z. Zwierzykowski, A. Płazek (UR w Krakowie), E. Pocięcha (UR w Krakowie), M. Rapacz (UR w Krakowie).

ZAKŁAD BIOMETRII I BIOINFORMATYKI

Kierownik Zakładu	<i>prof. dr hab. Paweł Krajewski</i>
Zespół Biometrii i Bioinformatyki (ZBiB)	<i>prof. dr hab. Paweł Krajewski</i> <i>prof. dr hab. Zygmunt Kaczmarek (prof. em.)</i> <i>dr Aneta Sawikowska – (od 01.04.2017 r.)</i> <i>mgr inż. Hanna Ćwiek-Kupczyńska</i>
Zespół Ewolucji Funkcji Systemów Biologicznych (ZEFSB)	<i>dr Grzegorz Koczyk</i> <i>dr Katarzyna Czyż</i> <i>mgr Piotr Zaremba (wolontariusz)</i>

Współautorstwo publikacji		Kierownictwo projektów	
	<u>ogółem</u>		<u>ogółem</u>
	17		7
Lista A	17	UE	1
Lista B	-	międzynarodowy-bilateralny	1
Lista C	-	lub multilateralny	
Monografie i rozdziały	-	Rządowe	-
Inne	-	NCN/NCBiR/POIG	5
Liczba „N”	3,4	MRiRW	-
		Inne	-

Badania Zakładu Biometrii i Bioinformatyki w roku 2017 dotyczyły metod i zastosowań analizy danych NGS w genomice roślin i grzybów, metod statystycznych i semantycznych w analizie wyników fenotypowania roślin, mechanizmów molekularnych odpowiedzialnych za regulację poziomu giberelin u jęczmienia, modyfikacji chromatyny oraz zmian ekspresji genów we floemie *Arabidopsis thaliana* oraz potencjalnych producentów makrolaktonów wśród izolatów grzybów nitkowatych.

Temat: Informatyczna i statystyczna analiza białek i DNA.

Zespół Biometrii i Bioinformatyki

Realizowano badania przewidziane harmonogramem projektów badawczych i planem badań statutowych. Dotyczyły one lokalizacji i charakteryzacji zdarzeń zachodzących w genomach na podstawie danych typu NGS oraz metodologii modelowania statystycznego i semantycznego cech ilościowych obserwowanych w doświadczeniach roślinnych.

Celem projektu ERA-CAPS FLOWPLAST jest zbadanie podstaw molekularnych plastyczności kontroli czasu kwitnienia u *Arabidopsis thaliana* w reakcji na czynniki środowiskowe (temperaturę i długość dnia). Zakończono opracowywanie wyników doświadczeń dotyczących zmian modyfikacji chromatyny H3K4me3 i H3K27me3 i równoczesnych zmian ekspresji genów w merystemie. Stwierdzono, że obecność H3K4me3 jest dobrym predyktorem ekspresji genów, zaś H3K27me3 może towarzyszyć zarówno aktywnym, jak i nieaktywnym genom. Opisano występowanie nakładających się modyfikacji H3K4me3 i H3K27me3 i zaproponowano wyjaśnienie tego faktu poprzez specyficzne funkcje komórek merystemu wierzchołkowego. Kontynuowano analizy danych opisujących położenie modyfikacji chromatyny oraz zmiany ekspresji genów we

floemie. Kontynuowano badania nad estymacją częstości zdarzeń alternatywnego splicingu w doświadczeniach z roślinami *A. thaliana* poddawanymi zmianom temperatury otoczenia.

Rozpoczęto realizację projektu międzynarodowego EPPN2020, który ma na celu dostarczenie europejskim grupom badawczym możliwości dostępu do nowoczesnych platform fenotypowania roślin. Pakiety typu R&D projektu poświęcone są rozwojowi metod fenotypowania, rozwojowi metod analizy statystycznej wyników doświadczeń oraz budowie systemu informatycznego pozwalającego na zorganizowane składowanie i przetwarzanie obserwacji z doświadczeń. Rozpoczęto prace nad implementacją w projekcie rekomendacji Minimum Information About a Plant Phenotyping Experiment (MIAPPE) dotyczących adnotacji i formatowania danych fenotypowych opracowanych w latach poprzednich w projekcie europejskim transPLANT. Materiałem do prac są wyniki doświadczeń udostępnione przez partnerów projektu. Rozpoczęto także prace nad opracowaniem metod adnotacji i formatowania danych pochodzących z obserwacji parametrów środowiskowych towarzyszących fenotypowaniu roślin. Prace te zmierzają do utworzenia ontologii zmiennych środowiskowych, która będzie stosowana w projekcie.

Rozpoczęto realizację projektu Harmonia, którego celem jest poznanie mechanizmów molekularnych odpowiedzialnych za regulację poziomu giberelin u jęczmienia w stadium krzewienia roślin. Materiałem doświadczalnym są odmiana jęczmienia Bowman oraz jej dwie linie prawie izogeniczne (NIL): BW827 and BW828, niosące, odpowiednio, mutacje *sdw1.a* i *sdw1.d*. Przeprowadzona zostanie analiza działania wybranych czynników transkrypcyjnych oraz całogenomowa analiza ekspresji genów. Partnerem zagranicznym jest grupa dr Kerstin Kaufmann z Uniwersytetu Humboldta w Berlinie. Na wstępie badań przygotowano materiał roślinny i wykonano sekwencjonowanie regionu genu *sdw* w trzech badanych formach oraz analizę wyników sekwencjonowania zmierzającą do ustalenia interesujących polimorfizmów. Wykonano zasoby informacyjne pozwalające na pracę w projekcie z wykorzystaniem najnowszej wersji genomu referencyjnego jęczmienia. Metodami bioinformatycznymi zidentyfikowano pulę jęczmiennych ortologów czynników transkrypcyjnych, które mogą wpływać na regulację genów kodujących enzymy niezbędne do syntezy giberelin.

Celem rozpoczętego projektu Biostrateg HYBRE jest opracowanie strategii dla realizacji programu polskiej hodowli pszenicy heterozyjnej. IGR PAN (P. Krajewski) kieruje zadaniem projektu mającym na celu poznanie genomów badanych form pszenicy, opracowanie metod genotypowania zoptymalizowanych dla selekcji pszenicy, przeprowadzenie analiz asocjacyjnych oraz opracowanie kryteriów wyboru genotypów rodzicielskich. Wykonano plan doświadczeń prowadzonych w pierwszym roku projektu. Rozpoczęto przygotowanie do prowadzenia analiz asocjacyjnych.

Rozpoczęto realizację projektu Preludium nr 2016/21/N/ST6/0235 „Semantyczne porównywanie zasobów danych ilościowych”, którego celem jest opracowanie metody porównywania zbiorów danych ilościowych pochodzących z eksperymentów fenotypowania roślin w oparciu o ich adnotacje semantyczne. Opracowano model danych umożliwiający opis eksperymentu i jego wyników. Przygotowano model opisu analizy danych za pomocą liniowych modeli mieszanych oraz przeprowadzono analizę istniejących ontologii terminów statystycznych, pomocnych w adnotowaniu tego opisu. Zrealizowano dwumiesięczny pobyt badawczy mgr inż. Hanny Ćwiek-Kupczyńskiej na uniwersytecie w Oksfordzie, gdzie – we współpracy z grupą z kierowaną przez dr Susanna-Assunta Sansone – pracowano nad rozbudowaniem ontologii terminów statystycznych STATO.

Ponadto (w ramach badań własnych) kontynuowano utrzymywanie platformy internetowej PlantPhenoDB (<http://cropnet.pl/plantphenodb/>) przeznaczonej do składowania i publikowania danych fenotypowych oraz udostępniania narzędzi analizy takich danych. W repozytorium umieszczono nowe dane poddane adnotacji

i formatowaniu zgodnie z rekomendacjami MIAPPE. Opracowana platforma zostanie wykorzystana jako narzędzie kolekcjonowania i integracji danych w projektach aplikacyjnych zawierających doświadczenia fenotypowania roślin. Prowadzono również badania dotyczące przetwarzania i analizy danych chromatograficznych. Opisane i porównane zostały dwa podejścia: jedno oparte na detekcji pików (które definiujemy jako przedziały zawierające badany związek lub grupę związków), a drugie oparte na analizie całych profili chromatograficznych. W obu przypadkach wykonane zostały niezbędne kroki przetwarzania takie jak: normalizacja, usuwanie linii bazowej i wyrównanie czasu retencji. Porównanie metod przeprowadzono na danych rzeczywistych i danych symulowanych. Wyniki badań zostały przygotowane do publikacji.

Zespół Ewolucji Funkcji Systemów Biologicznych

Celem realizowanych badań jest opracowanie i zastosowanie w praktyce metod obliczeniowych pozwalających analizować dane genomowe i transkryptomowe roślin i grzybów.

W ramach nowego projektu SONATA (2016/21/D/NZ8/01300) prowadzono prace nad otrzymaniem materiału roślinnego roślin strączkowych, izolacją RNA oraz przygotowaniem prób do NGS w celu identyfikacji rodzin genowych, wykazujących różnicową ekspresję u gatunków posiadających zdolność do nodulacji.

Ponadto, w trakcie realizacji projektu OPUS (2016/21/B/NZ9/01875) rozpoczęto analizy potencjalnych producentów makrolaktonów (m.in. kurwularyna, dehydrokurwularyna, zearalenon, resorcynol, pochoniny i radicikol) wśród dostępnych izolatów grzybów nitkowatych. Wobec trudności z efektywną analizą przesiewową oraz stosunkowo słabego pokrycia taksonomicznego genów biosyntezy makrolaktonów, w uprzednio opublikowanej analizie syntaz poliketydowych wykorzystano opracowane przez Zespół techniki konstrukcji filogenomicznych map drogowych do szczegółowej analizy ponad 1000 dostępnych genomów grzybów pod kątem producentów makrolaktonów. Rekonstrukcje filogenetyczne historii ewolucyjnej dwu genów głównych biosyntezy (nieredukująca i redukująca syntaza poliketydowa w układzie tandemowym), w powiązaniu z historią gatunkową, pozwoliły wskazać polifiletyczność genów syntezy makrolaktonów poliketydowych u *Hypocreales*. Jest to wniosek istotnie ułatwiający ulepszanie istniejących narzędzi diagnostyki molekularnej genów biosyntezy toksyn makrolaktonowych (np. diagnostyki biosyntezy zearalenonu, do tej pory relatywnie mniej czułej/specyficznej niż innych grup toksyn fuzaryjnych).

Opracowywane przez Zespół markery, odzwierciedlające ancestralne w obrębie fitopatogenicznych workowców kłady genów biosyntezy i umożliwiające pozycjonowanie fragmentów sekwencji (częściową identyfikację taksonomiczną), mogą posłużyć bardziej specyficznej i czułej diagnostyce zanieczyszczeń produktów biologicznych odpowiednio toksynami depsytydowymi i/lub makrolaktonowymi.

W ramach badań własnych zestaw analizowanych narzędzi algorytmicznych poszerzono o opracowanie i wstępne przetestowanie metodyki porównywania sekwencji w oparciu o dyskretną transformację Ramanujana (DTR). Zastosowanie DTR pozwala na uzyskanie oszacowań podobieństwa, pomiędzy sekwencjami genów, odpornych na rearanżacje i różnice długości porównywanych sekwencji, przy znacznej korelacji z odległością edycji, w analizowanych prostych przypadkach (sekwencje 20-100pz).

W ramach współpracy z Zakładem Genetyki Patogenów i Odporności Roślin IGR PAN, zanalizowano historię ewolucyjną, wzorce selekcji oraz przewidywane struktury białkowe homologów genu kodującego reduktazę ketoizowalerianianowej (KIVR, gen pomocniczy biosyntezy bowerycyny; publikacja w przygotowaniu). Wyniki przeprowadzonych badań wykazały, że obecność homologów KIVR kodujących białko

o zbliżonej strukturze i przypuszczalnej funkcji, nie jest cechą wyłącznie grzybów reprezentujących rząd *Hypocreales*, ale również innych rzędów należących do klasy *Sordariomycetes*. Rekonstrukcje filogenetyczne potwierdziły jednak monofiletyczne pochodzenie podgrupy KIVR występujących jako część klastra biosyntezy cyklicznych depsytydów, a jej reprezentacja taksonomiczna jest ograniczona do rzędu *Hypocreales*. Nieciągły rozkład gatunkowy występowania kopii KIVR, istotna konserwacja struktury białkowej oraz wzorce epizodycznej selekcji różnicującej świadczą iż „biosyntetyczne” kopie KIVR po rekrutacji ewoluowały jedynie jako część klastra, również na drodze transferu horyzontalnego (sprzężonego z transferem genu głównego). Jednocześnie, obecne u części workowców, „wolne” homologi reprezentują wcześniejsze ewolucyjne kłady, mogą w pewnych warunkach działać komplementarnie umożliwiając biosyntezę śladowych ilości pochodnych bowerycyny również u taksonów o innym chemotypie.

Lista projektów badawczych Zakładu

ERA-CAPS

FLOWPLAST: "Plasticity of flowering time in response to environmental signals in *Arabidopsis thaliana*", nr ERA-CAPS-I/1/2014, 01.09.2014 r. – 28.02.2018 r., koordynator WUR, Holandia; **P. Krajewski**, A. Sawikowska, H. Ćwiek-Kupczyńska.

EU H2020

EPPN2020: "European Plant Phenotyping Network 2020", nr 731013, koordynator INRA, Francja, 01 maja 2017 r. – 30 kwietnia 2021 r., **P. Krajewski**, H. Ćwiek-Kupczyńska.

NCN

OPUS 11: „Geneza i rozpowszechnienie zdolności do biosyntezy oraz metabolizmu makrolaktonów wśród grzybów wyższych”, nr 2016/21/B/NZ9/01875, 07 marca 2017 r. – 06 marca 2020 r., **G. Koczyk**, K. Czyż, Ł. Stępień, M. Urbaniak, Z. Dutkiewicz, A. Waśkiewicz (UP Poznań)

HARMONIA 8: "Regulacja ekspresji genu półkarłowatości *sdw1/denso* u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.) i jej związek z architekturą i fizjologią roślin", nr 2016/22/M/NZ9/00251, 18 kwietnia 2017 r. – 17 kwietnia 2020 r., **P. Krajewski**, K. Kaufman (HU Berlin), A. Kielbowicz-Matuk, K. Mikołajczak, Agata Daszkowska-Golec (UŚ Katowice).

SONATA 11: „Dynamika zmian genomu w ewolucji i utrzymaniu zdolności symbiotycznego wiązania azotu, w świetle starych ewolucyjnie linii roślin strączkowych” nr 2016/21/D/NZ8/01300, 3 marca 2017 r. – 2 marca 2020 r., **K. Czyż**, M. Tomaszewska.

PRELUDIUM 11: "Semantyczne porównywanie zasobów danych ilościowych", nr 2016/21/N/ST6/02358, 24 lutego 2017 r. – 23 lutego 2019 r., **H. Ćwiek-Kupczyńska**, P. Krajewski, A. Ławrynowicz (PP Poznań).

NCBiR

BIOSTRATEG: HYBRE "Zintegrowana strategia dla reaktywacji polskiej hodowli pszenicy heterozyjnej", nr BIOSTRATEG3/343665/6/NCBR/2017, 21 sierpnia 2017 r. – 20 sierpnia 2020 r., **P. Krajewski** (kierownik pakietu).

ZAKŁAD BIOTECHNOLOGII

Kierownik Zakładu	<i>dr hab. Tomasz Pniewski, prof. IGR PAN</i>
Zespół Fenotypowania i Genotypowania Zbóż (ZFiGZ)	<p><i>prof. dr hab. Maria Surma</i> <i>prof. dr hab. Tadeusz Adamski</i> <i>prof. dr hab. Bolesław Salmanowicz</i> <i>(do 31.10.2017 r.)</i> <i>dr hab. Anetta Kuczyńska</i> <i>dr hab. Karolina Krystkowiak</i> <i>(do 31.07.2017 r.)</i> <i>dr Krzysztof Mikołajczak</i> <i>dr Piotr Ogrodowicz</i> <i>dr Monika Langner (do 31.10.2017 r.)</i> <i>mgr Renata Trzeciak</i> <i>Alina Anioła,</i> <i>Renata Holewińska</i> <i>mgr Michał Kempa (doktorant)</i> <i>mgr Kamil Kowalik (doktorant, od 01.11.2017 r.)</i></p>
Zespół Bioinżynierii (ZB)	<p><i>dr hab. Tomasz Pniewski, prof. IGR PAN</i> <i>prof. dr hab. Stanisław Jeżowski</i> <i>dr hab. Katarzyna Głowacka</i> <i>(staż podoktorski, Stany Zjednoczone)</i> <i>mgr Aleksandra Gryciuk (do 30.09.2017 r.)</i> <i>mgr inż. Joanna Ceraży-Waliszewska</i> <i>(doktorantka)</i> <i>mgr Karolina Sobańska (doktorantka)</i> <i>mgr inż. Marcin Pyrski (doktorant)</i> <i>mgr Hanna Pudelska</i> <i>Teresa Szcześniak (do 22.12.2017 r.)</i></p>

Współautorstwo publikacji		Kierownictwo projektów	
<u>ogółem</u>	18	<u>ogółem</u>	8
Lista A	17	UE	-
Lista B	1	międzynarodowy-bilateralny	-
Lista C	-	Rządowe	1
Monografie i rozdziały	-	NCN/NCBiR/POIG	5
Inne	-	MRiRW	2
Liczba „N”	12,95	Inne	-

Tematyka badawcza Zakładu Biotechnologii realizowana przez jest w kilku kierunkach, o odrębnych celach i efektach. Celem prac badawczych jest zwiększanie potencjału użytkowego roślin uprawnych poprzez: a) badania naturalnej zmienności i selekcję; b) ulepszanie naturalnych cech; c) wprowadzanie nowych cech; d) opracowywanie podstaw procesów technologicznych wykorzystujących materiał roślinny. Prace badawcze prowadzone są z wykorzystaniem modyfikacji genetycznych, kultur *in vitro*, markerów

molekularnych i białkowych, metod reologicznych, analiz fizjologicznych i biometrycznych.

**Temat: Biotechnologiczne narzędzia w zwiększaniu potencjału użytkowego roślin.
Zespół Fenotypowania i Genotypowania Zbóż**

Badania koncentrują się na poszukiwaniu markerów molekularnych związanych z plonowaniem oraz reakcją na stresy biotyczne i abiotyczne roślin pszenicy (*Triticum aestivum* L.) i jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.). Prace Zespołu obejmują także opracowanie technik pozwalających na skrócenie czasu potrzebnego do wytworzenia z heterozygotycznych mieszańców populacji linii homozygotycznych, wykorzystywanych następnie w badaniach genetycznych i w pracach hodowlanych.

W ramach badań nad pszenicą kontynuowano prace nad wpływem translokacji 1B/1R na poprawność segregacji alleli wybranych genów związanych z cechami użytkowymi w populacjach linii podwojonych haploidów oraz linii SSD. Uzyskane wyniki wskazują, że w niektórych kombinacjach krzyżówkowych może wystąpić mniejsza od oczekiwanej częstość genotypów translokowanych w populacjach SSD niż w DH. Zakończono badania nad zastosowaniem metod biotechnologicznych w hodowli pszenicy. Opracowano procedurę hodowli pozwalającą na skrócenie czasu potrzebnego do wytworzenia nowych odmian przez zastosowanie systemu DH w powiązaniu z wczesną selekcją mieszańców na podstawie obserwacji fenotypowych oraz markerów molekularnych. Badania dotyczyły cech o znaczeniu agronomicznym, w tym wysokości roślin, wartości wypiekowej, odporności na łamliwość podstawy źdźbła i fuzariozę kłosów, a także poziomu akumulacji deoksynivalenolu w porażonym ziarnie.

Kontynuowano prace nad skrócaniem cyklu hodowlanego łubinu białego i bobiku z wykorzystaniem techniki pojedynczych nasion w połączeniu z kulturą *in vitro* zarodków. Prowadzono także badania dotyczące zróżnicowania odmian i mieszańców grochu siewnego ze względu na allele markerów SSR związanych z odpornością grochu siewnego na mączniaka prawdziwego, wędnięcie fuzaryjne oraz wirusa mozaiki grochu PSbMV. Wyniki analiz molekularnych opracowano statystycznie analizując rozkład korzystnych alleli w badanych odmianach i ich mieszańcach. Przeprowadzono m.in. analizę podobieństwa genotypów na podstawie obecnych w nich markerów oraz utworzono ranking genotypów według liczby korzystnych alleli. W obliczeniach wykorzystano metody analizy skupień, w szczególności grupowanie hierarchiczne z metodą pojedynczego połączenia opartą na metryce indeksu Jaccarda, oraz metody wizualizacji danych. Wyodrębniono odmiany i mieszańce najbardziej zbliżone do genotypu idealnego, to jest zawierającego wszystkie korzystne allele markerów związanych z analizowanymi chorobami.

Zakończono prace dotyczące efektów plejotropowych genów *Ppd-H1* i *Ppd-H2* jęczmienia w powiązaniu z podatnością jęczmienia jarego na fuzariozę kłosów (FHB) i akumulacją DON w ziarnie. Badania obejmowały charakterystykę populacji linii RIL jęczmienia jarego pod względem wczesności, stopnia porażenia kłosa, zawartości mikotoksyn, a także identyfikację loci dla cech ilościowych (QTL) związanych z kształtowaniem się cech plonotwórczych w warunkach stresu biotycznego. Populacje zgenotypowano za pomocą markerów SNP na platformie Illumina iSelect. Utworzona mapa genetyczna zawiera 1995 markerów, łączna długość mapy wynosi 1624 cM, a średnia odległość między markerami 0,81 cM. Fenotypowanie przeprowadzono w doświadczeniach polowych w warunkach naturalnych oraz z zastosowaniem sztucznej inokulacji. Na podstawie analizy QTL stwierdzono m.in. sprzężenie QTL odporności na FHB i zawartości DON z markerem SNP 11_21037 zlokalizowanym w chromosomie 2H

w rejonie locus *Ppd-H1*, co wskazuje na potencjalną możliwość wykorzystania tego markera w hodowli jęczmienia o zmniejszonej podatności na FHB. Wyniki fenotypowania populacji RIL weryfikowano na puli 60 odmian jęczmienia znajdujących się w Krajowym Rejestrze.

Innym kierunkiem badań były prace zmierzające do poznania poziomu ekspresji genu *nsLTP2* w warunkach stresów abiotycznych u jęczmienia. Prace prowadzone w 2017 r. koncentrowały się głównie na jakościowo-ilościowym oznaczeniu zawartości lipidów w wybranych liniach jęczmienia. Ponadto opracowano technikę analizy zawartości białka LTP2 w warstwie aleuronowej ziarniaków jęczmienia metodą Western Blot. Dodatkowo podjęto badania zmierzające do wyjaśnienia współdziałania hormonów (giberelin, brasinosteroidów i strigolaktonów) i jego roli w kształtowaniu architektury roślin jęczmienia, określenia zmian w ekspresji genów, na poziomie całego genomu, pod wpływem stresów abiotycznych działających symultanicznie, a także zbadania roli czynnika transkrypcyjnego HvGAMYB w regulacji kwitnienia i jego związku z odpowiedzią fotoperiodyczną w warunkach stresu suszy.

Zespół Biochemii i Technologii Zbóż

Odrębnymi kierunkami badań w Zespole, realizowanych uprzednio w Zespole Biochemii i Technologii Zbóż i zakończonych w 2017 r., było określenie wpływu podjednostki gluteninowej Bx7^{OE} kodowanej przez gen *Glu-B1a1* na cechy jakościowe ziarna pszenicy w zmiennych warunkach środowiska oraz ocena efektywności selekcji mieszańców pszenicy o korzystnych cechach jakościowych na podstawie markerów funkcjonalnych. Celem pierwszego z nich było określenie wpływu podjednostki gluteninowej Bx7, występującej u pszenicy zwyczajnej w dwóch wariantach Bx7 i Bx7^{OE} kodowanych odpowiednio przez allele *Glu-B1b* oraz *Glu-B1a1*, na cechy jakościowe ziarna oraz parametry reologiczne ciasta. Obiektem badań były mieszańce pokolenia F5 dwóch kombinacji krzyżówkowych, w których jeden z rodziców zawierał allel *Glu-B1a1*. Do identyfikacji allelu *Glu-B1a1* wykazującego zwiększony poziom ekspresji zastosowano dwa allelo-specyficzne markery, które amplifikowały produkty o długości 447 lub 844 pz. Przy zastosowaniu techniki NIR określono zawartość białka, mokrego glutenu i skrobi oraz wilgotność ziarna. Do oceny zmienności składu ilościowego wysokocząsteczkowych podjednostek gluteninowych (HMW-GS) zastosowano elektroforezę kapilarną (CZE). Uzyskane profile CZE wykazały występowanie w badanych liniach istotnych różnic w udziale podjednostki Bx7 w stosunku do ogólnej zawartości HMW-GS; w liniach wykazujących obecność allelu *Glu-B1a1* udział podjednostki Bx7^{OE} kształtował się na poziomie 4 – 57%, natomiast w tradycyjnych liniach udział podjednostki Bx7 był na poziomie rzędu 28 – 32%. Przeprowadzona analiza reologiczna mąki wykazała, że wszystkie linie zawierające allel *Glu-B1a1* (podjednostka Bx7^{OE}) charakteryzują się znacznie wyższą siłą ciasta, większym wydłużeniem do zerwania oraz dłuższym czasem rozwoju ciasta, niż linie zawierające podjednostkę Bx7. Podjednostka Bx7^{OE} występuje bardzo rzadko w krajowych odmianach pszenicy, stąd też wprowadzenie jej do nowych odmian jest szczególnie ważne do poprawy jakości pszenicznego glutenu.

Celem drugiego kierunku badań była weryfikacja efektywności białkowych markerów funkcjonalnych determinujących cechy jakościowe pszenicy zwyczajnej. Obiektem badań było 150 linii DH uzyskanych z czterech kombinacji krzyżówkowych o zróżnicowanym składzie jakościowym wysoko- oraz niskocząsteczkowych podjednostek białek gluteninowych (HMW- oraz LMW-GS), zidentyfikowanym na podstawie analiz molekularnych przeprowadzonych z wykorzystaniem reakcji PCR z zastosowaniem odpowiednio 14 i 21 allelo-specyficznych markerów molekularnych. Badane ziarno i mąkę poddano analizie spektrometrycznej oraz testom mikroreologicznym celem określenia

parametrów jakościowych. Uzyskane wyniki badań potwierdziły, że korzystniejsze parametry jakościowe posiadają genotypy wykazujące obecność wariantów allelicznych *Glu-A1b*, *Glu-B1c* lub *h* oraz *Glu-D1d* kodujących odpowiednio HMW podjednostki 2*, 7+9 lub 14+15/5+10. Uwzględniając podział badanych linii pod względem wyróżnionych 12 wariantów LMW podjednostek gluteninowych stwierdzono, że najkorzystniejsze własności reologiczne posiadały linie DH zawierające warianty alleliczne *Glu-A3e/Glu-B3e/Glu-D3a* oraz *Glu-A3f/Glu-B3c/Glu-D3a*.

Zespół Bioinżynierii prowadzi badania w dwóch zasadniczych dziedzinach: bioenergetyce – nad wykorzystaniem naturalnego potencjału oraz modyfikacją miskanta do produkcji bioenergii i biopaliw oraz biofarmingu – nad otrzymywaniem w roślinach cząstek wiruso- i kapsydopodobnych do zastosowań biomedycznych. W roku 2017 kontynuowano prace nad selekcją genotypów miskanta pod względem wysokości plonu biomasy i jej składu chemicznego oraz odporności na stres suszy i niskich temperatur, w ramach których wykonano analizy statystyczne wyników uzyskanych w poprzednich doświadczeniach. Rozpoczęto kilkuletnie badania polowe nad określeniem struktury i jakości plonu oraz fizjologii roślin miskanta uzyskanych z sadzonek *in vitro* w porównaniu do sadzonek rizomowych. Kontynuowano prace nad wykorzystaniem biomasy miskanta do produkcji bioetanolu i określeniem czynników determinujących wydajność procesu. W ramach tych prac uzyskano wyniki składu pierwiastkowego (we współpracy z Uniwersytetem w Kolonii) oraz przygotowano próby biomasy wszystkich posiadanych genotypów miskanta do analiz zawartości polisacharydów i ligniny oraz prób fermentacji (we współpracy z UP w Poznaniu). Rozszerzeniem tego kierunku badawczego jest kontynuacja prac nad modyfikacją roślin w kierunku zmiany składu i/lub struktury ścian komórkowych przez wprowadzenie do genomu sekwencji antysens wybranych genów szlaku syntezy ligniny oraz genów enzymów rozkładających niektóre wiązania sieciujące w kompleksie ligninocelulozowym. Prace te prowadzono głównie na tytoniu jako gatunku modelowym, gdzie wykonano pomiary biometryczne, analizy mikroskopowe (współpraca z Zespołem Interakcji Roślina-Mikroorganizm) oraz analizy molekularne dotyczące poziomu transkrypcji transgenów (we współpracy z IChB PAN), jak również przygotowano próby do analiz biochemicznych i testów fermentacji (współpraca z UP Poznań). We współpracy z IChB PAN kontynuowano prace nad uzyskaniem modyfikowanego miskanta z wykorzystaniem opracowanej uprzednio metodyki mikrobombardowania.

W ramach prac nad otrzymywaniem i zastosowaniem 'roślinnych' cząstek wiruso- i kapsydopodobnych zrealizowano kilka zadań. Zakończono prace nad oczyszczaniem cząstek HBcAg oraz określono podklasy indukowanych przeciwciał i typ wywoływanej przez nie odpowiedzi immunologicznej. Kontynuowano współpracę z WCZT nad otrzymywaniem złożonych bionanocząstek magnetycznych typu rdzeń (tlenek żelaza) - otoczka (HBcAg). Opracowano wstępnie warunki koekspresji, umożliwiającej otrzymywanie cząstek mozaikowych, złożonych z HBcAg oraz pochodnego białka HBcAg-epitop 'a'-SHBsAg, w technologii ekspresji przejściowej.

Lista projektów badawczych Zakładu

Rządowy Program Wieloletni

„Zwiększenie wykorzystania krajowego białka paszowego dla produkcji wysokiej jakości produktów zwierzęcych w warunkach zrównoważonego rozwoju” Obszar 2. „Nowe metody i techniki dla ulepszenia wartości odmian roślin strączkowych” zadanie nr 2.3 „Zastosowanie metod biotechnologicznych dla zwiększenia i przyspieszenia postępu biologicznego w hodowli roślin strączkowych”, 01 stycznia 2016 r. – 31 grudnia 2020 r.,

M. Surma, T. Adamski, H. Ćwiek, Z. Kaczmarek, K. Krystkowiak, A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak.

NCN

OPUS 9: „Wpływ stresów abiotycznych na poziom ekspresji genu *LTP2* w odniesieniu do lipidomu i fenomu u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.)”, nr 2015/17/B/NZ9/01481, 20 stycznia 2016 r. – 19 stycznia 2019 r., **A. Kuczyńska**, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa, H. Ćwiek.

OPUS 12: „Wyjaśnianie współdziałania hormonów i jego roli w kształtowaniu architektury roślin jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.)”, nr 2016/23/B/NZ9/03548, 06 września 2017 r. – 05 września 2020 r., **A. Kuczyńska**, T. Adamski, M. Surma, P. Krajewski, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa, K. Kowalik, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak.

SONATA 12: „Zmiany ekspresji genów na poziomie całego genomu liścia flagowego jęczmienia pod wpływem stresów abiotycznych działających symultanicznie”, nr 2016/23/D/NZ9/00043, 10 sierpnia 2017 r. – 09 sierpnia 2020 r., **K. Mikołajczak**, M. Kempa.

SONATA 12: „Czynnik transkrypcyjny HvGAMYB w regulacji kwitnienia i jego związku z odpowiedzią fotoperiodyczną w warunkach stresu suszy u jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.)”, nr 2016/23/D/NZ9/00042, 10 sierpnia 2017 r. – 09 sierpnia 2020 r., **P. Ogrodowicz**, M. Kempa.

NCBiR

BIOTRIGEN: „Opracowanie i wdrożenie modelu przyspieszania hodowli pszenicy (*Triticum aestivum* L.) z wykorzystaniem metod biotechnologicznych” PBS2/B8/0/2013; 01 października 2013 r. – 28 lutego 2017 r.. Koordynator: **T. Adamski**.; H. Wiśniewska, M. Kwiatek, M. Majka, J. Belter, M. Gawłowska.

MRiRW

„Efekty plejotropowe genów *Ppd-H1* i *Ppd-H2* a podatność roślin jęczmienia jarego na fuzariozę kłosów i akumulację mikotoksyn”, nr HOR hn-501-19/15 Zadanie 88, 01 stycznia 2016 r. – 31 grudnia 2016 r., **A. Kuczyńska**, H. Ćwiek, T. Adamski, M. Surma, K. Krystkowiak, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak.

„Badania nad wpływem translokacji 1B/1R na efektywność uzyskiwania linii DH pszenicy oraz ich wartość technologiczną”, nr HOR hn-801-8/14 Zadanie 3, 01 stycznia 2017 r. – 31 grudnia 2017 r., **T. Adamski**, M. Surma, K. Krystkowiak, A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak.

ZAKŁAD GENETYKI PATOGENÓW I ODPORNOŚCI ROŚLIN

Kierownictwo Zakładu	prof. dr hab. Piotr Kachlicki
Zespół Fitopatologii Molekularnej (ZFM)	prof. dr hab. Małgorzata Jędrzycka <i>dr Joanna Kaczmarek (urlop macierzyński)</i> <i>mgr inż. Witold Irzykowski (biochemik)</i> <i>Romana Wawrzyniak (technik, do 01.10.2017 r.)</i> <i>Magdalena Właszczuk (technik, zwolnienie lekarskie)</i> <i>mgr inż. Paweł Serbiak (doktorant)</i> <i>mgr Noor Ramzi (doktorantka, zwolnienie lekarskie)</i>
Zespół Interakcji Roślina-Mikroorganizm (ZIRM)	dr hab. Łukasz Stępień <i>dr hab. Lidia Błaszczuk</i> <i>dr Joanna Lalak-Kańczugowska (od 01.04.2017 r.)</i> <i>mgr Karolina Górna (specjalista, do 30.09.2017 r.)</i> <i>mgr inż. Monika Urbaniak (doktorant)</i> <i>mgr Aneta Basińska-Barczak (doktorant)</i> <i>mgr Natalia Witaszak (doktorantka)</i>
Zespół Metabolomiki (ZM)	prof. dr hab. Piotr Kachlicki <i>dr Mariusz Czyżniejewski (do 31.07. 2017 r.)</i> <i>dr Anna Piasecka (1/2 etatu)</i>

Współautorstwo publikacji		Kierownictwo projektów	
	<u>ogółem</u>		<u>ogółem</u>
	16		7
Lista A	17	UE	1
Lista B	-	międzynarodowy-bilateralny	1
Lista C	-	lub multilateralny	
Monografie i rozdziały	-	Rządowe	-
Inne	-	NCN/NCBiR/POIG	5
Liczba „N”	8,1	MRiRW	-
		Inne	-

Celem badań jest wszechstronna charakterystyka patogenów roślin uprawnych i ich mikroorganizmów antagonistycznych od strony genetycznej i molekularnej dla oznaczenia ich stanowiska taksonomicznego, poznania ich właściwości biologicznych i chemicznych, opracowania metod ich wykrywania i eliminacji ze środowiska rolniczego. Prace prowadzone w roku sprawozdawczym zmierzały do charakterystyki mikroorganizmów chorobotwórczych i endofitycznych roślin uprawnych oraz identyfikacji aktywnych biologicznie metabolitów wtórnych grzybów i roślin.

Temat: Genetyka patogenów oraz ich interakcja z mikroorganizmami antagonistycznymi i roślinami użytkowymi.

W ramach badań prowadzonych w **Zakładzie Fitopatologii Molekularnej** oceniono odporność 303 linii *Brassica* sp. na kiłę kapusty powodowaną przez pierwotniaka *Plasmodiophora brassicae*. Spośród badanych linii część (35 genotypów) stanowiła materiał mieszańcowy *Brassica* pokolenia F3 (pochodzący z UP w Poznaniu), a część sprowadzono z banków genów, w tym: *B. oleracea* - 223 genotypy, *B. napus* - 34 oraz *B. villosa* - 1. Ponadto wykorzystano 6 form *Brassica* i *Raphanus* z Kurdystanu (Erbil, Irak) oraz genotypy służące jako standardy odporności (3) i podatności (1). Pierwszym etapem pracy było rozmnożenie poszczególnych patotypów patogena, służących do inokulacji. Siewki znajdujące się w stadium wczesnego rozwoju liścieni inokulowano zarodnikami poszczególnych patotypów *P. brassicae* (P1A, P1B, P2, P3, P4 oraz P5). Po upływie 6 tygodni oceniono odporność roślin. Badania prowadzono w warunkach szklarniowych. Spośród 223 badanych genotypów *B. oleracea* uzyskanych z Brassica Database, Centre for Genetic Resources for Food and Agriculture w Holandii tylko w jednym przypadku (0,45%) znaleziono formę odporną na kiłę kapusty. Był to genotyp *B. oleracea* CGR89 cechujący się odpornością na wszystkie badane patotypy *P. brassicae*, w tym na patotyp P1B, który jest najgroźniejszy dla upraw roślin kapustowatych w Polsce. Jest to pierwszy przypadek znalezienia genotypu *Brassica* odpornego na wszystkie patotypy patogena występujące w Polsce. Genotyp ten zostanie przeznaczony do dalszych badań i do hodowli odpornościowej, prowadzonej we współpracy z UP w Poznaniu.

Uzyskano 50 izolatów *Plasmodiophora brassicae* zebranych z plantacji na terenie północno-wschodniej Polski. Stwierdzono, iż wśród nich występują trzy warianty sekwencji ITS1-5.8s-ITS2, cechujące się polimorfizmem jednego nukleotydu, przy czym dwa warianty opisano we wcześniejszej literaturze, zaś jeden nie był dotychczas opisany. Trzema metodami oceniono jakość mikrobiologiczną gleb na 50 polach w woj. warmińsko-mazurskim pod względem przydatności do uprawy rzepaku, w kolejności stosując następujące metody: 1) biotest glebowy, 2) metoda LAMP, 3) metoda Real-Time PCR z sondami TaqMan. Wykazano, iż na badanym terenie uprawa odmian podatnych na kiłę kapusty bez utraty plonu spowodowanego przez tę chorobę możliwa jest tylko na 4% pól, gdy tymczasem takie same warunki dla odmian odpornych spełnia 20% pól. Na 44% pól wystąpiło ryzyko strat plonu wyższych niż 10% przy uprawie odmian podatnych, a uprawa rzepaku była niewskazana na 32% pól. Ustalono, iż 60% badanych izolatów należało do patotypu P1A, podczas gdy aż 40% należało do patotypu P1B, przełamującego wszystkie geny odporności wprowadzone do odmian rzepaku uprawianych w Polsce. Przy zastosowaniu sekwencjonowania nowej generacji (NGS) podjęto także pilotażowe badania nad mikrobiomem glebowym towarzyszącym uprawie rzepaku.

Zespół Interakcji Roślina-Mikroorganizm od lat koncentruje swoje prace na grupie grzybów związanych ze środowiskiem rolniczym i leśnym. Mają one zdolność do antybiozy i mykopasożytnictwa (*Trichoderma* spp.) lub są oportunistycznymi patogenami roślin i zwierząt (*Fusarium*, *Beauveria*, *Isaria*, *Metarhizium*, *Cordyceps*). Analizy obejmują naturalne zróżnicowanie genetyczne populacji patogenów, częstości poszczególnych gatunków, profile metabolitów wtórnych, sekwencje i mechanizmy regulacji szlaków biosyntezy metabolitów wtórnych oraz enzymów zaangażowanych w procesy infekcji i patogenezы, związane z trybem życia i środowiskiem bytowania.

Przeprowadzono analizę populacji około 1000 izolatów *Fusarium* infekujących kukurydzę w 2016 roku w kilkunastu lokalizacjach w Polsce, wykazując ponownie dominację *F. verticillioides*, ale też większy niż w poprzednich latach udział

F. graminearum (szczególnie we wschodniej części kraju). Po raz kolejny potwierdzono występowanie *F. temperatum* oraz typowych gatunków *F. subglutinans*, *F. proliferatum* i *F. poae*. Wykonano analizę sekwencji poszczególnych domen katalitycznych genu syntazy cyklicznych peptydów, odpowiedzialnym za biosyntezę eniatyn i bowerycyn w grupie prawie 30 szczepów należących do rzędu *Hypocreales*. Analizy bioinformatyczne są w toku.

Wykazano zróżnicowaną reakcję *F. proliferatum* na różne czynniki wywołujące stres abiotyczny. Odpowiedź ta przejawiała się różnym przyrostem biomasy w stosunku do warunków kontrolnych. Stres osmotyczny skutkowało prawie zawsze zwiększoną masą badanych szczepów, temperatura i zasolenie nie powodowały podobnej reakcji. Analizy zmian w biosyntezie fumonizyn pod wpływem tych czynników są w toku, a zebrane próbki grzybni na różnych etapach hodowli pozwolą na porównanie zmian w ekspresji wybranych genów powiązanych z reakcją na stresy.

W ramach projektu OPUS pod kierunkiem dr. G. Koczyka rozpoczęto analizy szlaku biosyntezy makrolaktonów w zróżnicowanej grupie szczepów grzybów.

Część badań prowadzonych w Zespole koncentruje się na określeniu bioróżnorodności grzybów zasiedlających wewnętrzne tkanki roślin w różnych odmianach pszenicy uprawnej (*Triticum aestivum* L.), a także na poznaniu mechanizmów oddziaływań grzybów *Trichoderma* z pszenicą.

W celu uzyskania wstępnych informacji na temat obecności grzybów endofitycznych w pszenicy zwyczajnej, wykorzystano jedną odmianę pszenicy jarej i osiem odmian pszenicy ozimej. Doświadczenie prowadzone było w warunkach polowych na polu doświadczalnym IGR PAN w Cerekwicy. Próby całych roślin zbierano w fazie BBCH 71 i w fazie BBCH77. Grzyby zasiedlające tkanki wewnętrzne roślin izolowane były z odpowiednio przygotowanych (sterylizacja powierzchniowa i krojenie) fragmentów korzeni, łodyg, liści i ziarniaków. Uzyskane izolaty identyfikowano na podstawie obserwacji morfologicznych i analiz molekularnych. Badania wykazały dużą różnorodność gatunkową grzybów (reprezentujących przynajmniej 14 rodzajów), wyizolowanych z endosfery badanych roślin, zarówno pomiędzy poszczególnymi organami roślin, jak i pomiędzy genotypami pszenicy. Gatunkami grzybów, które wykryto w endosferze wszystkich odmian, zarówno w częściach nadziemnych jak i podziemnych roślin, były gatunki z rodzajów *Fusarium* i *Alternaria*. Badania te będą kontynuowane.

W celu określenia zmian morfologicznych, anatomicznych, fizjologicznych oraz zmian na poziomie proteomu, transkryptomu i metabolomu w roślinach pszenicy (odmiany jarej Bombona i ozimej Legenda) wynikających z kolonizacji korzeni przez dwa wyselekcjonowane szczepy *Trichoderma*, przeprowadzone zostały doświadczenia w trzech systemach: w warunkach *in vitro*, w kontrolowanych warunkach w fitotronach i w doświadczeniach polowych. Oceniono wpływ szczepów *Trichoderma* na kiełkowanie ziarniaków, wzrost i rozwój siewek oraz roślin dorosłych pszenicy, a także dokonano pomiarów fluorescencji chlorofilu w liściach i przeanalizowano parametry plonu. Zebrany materiał roślinny przygotowano do analiz mikroskopowych i molekularnych. Obserwacje mikroskopowe wykazały wstępnie zmiany anatomiczne na przekrojach korzeni siewek i roślin dorosłych pszenicy pod wpływem *Trichoderma*. Z pozostałego materiału przygotowano ekstrakty do identyfikacji metabolitów i białek związanych z odpowiedzią roślin na inokulację grzybami *Trichoderma*. Badania te będą kontynuowane.

Prace **Zespołu Metabolomiki** mają na celu identyfikację biologicznie aktywnych metabolitów wtórnych wytwarzanych przez rośliny i grzyby chorobotwórcze, poznanie ich właściwości oraz roli pełnionej przez te związki w interakcji roślina-patogen oraz w odpowiedzi roślin na stresy biotyczne i abiotyczne.

Zakończono prace w fitotronie związane z przeprowadzeniem infekcji patogenem *Fusarium culmorum* na kłosach w stadium kwitnienia jęczmienia, pszenicy oraz kłosownicy dwukłoskowej (*Brachypodium distachyon*). Zebrano materiał badawczy oraz rozpoczęto ekstrakcję materiału do analiz metabolomicznych a także analiz mykotoksyn. Jednocześnie trwają analizy RT-PCR nad określeniem poziomu ekspresji wybranych genów ze szlaków biosyntezy poliamin oraz kwasów hydroksycynamonowych.

Kontynuowano prace związane z profilowaniem metabolitów wtórnych i identyfikowaniem związków mających wpływ na właściwości farmakologiczne roślin zielarskich. Na różnych etapach prac laboratoryjnych i edytorskich znalazły się w roku 2017 badania dotyczące roślin różnych gatunków wierzbowicy (*Epilobium* spp.), szalwii (*Salvia* spp.) i rozwaru (*Platycodon* spp.). Podjęto prace zmierzające do rozpoznania metabolitów wtórnych wytwarzanych przez rośliny aronii (*Aronia melanocarpa*) i goryczki (*Gentiana* spp.). U wszystkich badanych roślin przy użyciu komplementarnych systemów chromatografii cieczowej i spektrometrii mas wykrywano obecność nowych związków.

Lista projektów badawczych Zakładu

UE-FP7

“The creation of the Department of Integrative Plant Biology”, FP7-ERA Chairs-Pilot Call-2013, grant agreement nr 621321, 1 września 2014 r. – 31 sierpnia 2019 r., Koordynacja: **M. Jędrzycka**, A. Stachowiak-Szrejbrowska.

NCN

OPUS 8: „Genetyczne podstawy biosyntezy cyklicznych peptydów przez patogeniczne grzyby z rzędu *Hypocreales*”, 13 lipca 2015 r. – 12 lipca 2018 r., **Ł. Stępień**, M. Urbaniak, G. Koczyk, A. Waśkiewicz (UP Poznań), A. Perczak (UP Poznań).

OPUS 9: „Roślinne związki bioaktywne indukujące odpowiedź na stres u patogenicznego grzyba *Fusarium proliferatum*”, 18 stycznia 2016 r. – 17 stycznia 2019 r., **Ł. Stępień**, K. Górna, A. Waśkiewicz (UP Poznań).

OPUS 10: „Molekularne podstawy reakcji pszenicy (*Triticum aestivum* L.) na kolonizację korzeni przez gatunki *Trichoderma*”, 23 lipca 2016 r. – 22 lipca 2019 r., L. Błaszczyk, A. Basińska-Barczak, A. Kosmala, A. Piasecka, A. Sawikowska, N. Witaszak.

SONATA 9: „Metabolomiczne i proteomiczne aspekty konserwatywnych mechanizmów odpowiedzi roślin z rodziny Poaceae na fuzariozę kłosów”, nr 2015/17/D/NZ9/03347, 09 marca 2016 r. – 8 marca 2019 r., A. Piasecka, J. Kaczmarek, A. Sawikowska, N. Witaszak.

PRELUDIUM 10: „Analiza zmian zachodzących w korzeniach pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) w wyniku interakcji tych roślin z grzybami *Trichoderma*” NCN 2015/19/N/NZ9/01625, 23 lipca 2016 r. – 22 lipca 2019 r., A. Basińska-Barczak.

MRiRW

„Zastosowanie konwencjonalnych i molekularnych narzędzi fitopatologicznych w poszukiwaniu źródeł odporności na kiłę kapusty oraz charakterystyka aktualnej populacji patogenu w Polsce”, umowa HOR hn-801-8/14 nr 50, 1 stycznia 2014 r. – 31 grudnia 2020 r., **M. Jędrzycka**, J. Kaczmarek, T. Książczyk, W. Irzykowski, M. Kasprowicz.

Ekspertyzy finansowane przez podmioty gospodarcze

DuPont Poland; “Optymalizacja terminu ochrony chemicznej rzepaku przed suchą zgnilizną kapustnych w Polsce”, 01 marca – 30 listopada 2017, **M. Jędrzycka**, J. Kaczmarek.

ZAKŁAD GENOMIKI

Kierownik Zakładu	<i>prof. dr hab. Barbara Naganowska</i>
Zespół Genomiki Porównawczej Roślin Strączkowych (ZSPRS)	<p><i>prof. dr hab. Wojciech Święcicki</i> <i>prof. dr hab. Wojciech Rybiński</i> <i>dr Magdalena Gawłowska</i> <i>dr Magdalena Kroc</i> <i>dr Aurelia Ślusarkiewicz-Jarzina</i> <i>mgr inż. Barbara Góryniewicz (urlop macierzyński)</i> <i>mgr inż. Szymon Ornatowski (zastępstwo do 26.11.2017 r.)</i> <i>mgr Katarzyna Kamel (świadczenie rehabilitacyjne do 22.06.2017 r., 0,5 etatu do 13.07.2017 r.)</i> <i>mgr Katarzyna Czepiel (biolog, zastępstwo, od 01.08.2017 r.)</i> <i>Paulina Wilczura</i> <i>mgr inż. Dominika Ratajczak</i> <i>inż. Czesława Nawrot (0,75 etatu do 30.06.2017 r.)</i> <i>dr hab. Andrzej Górny (0,3 etatu)</i> <i>Katarzyna Beczek (0,5 etatu)</i> <i>mgr Anna Durska (doktorantka, do 30.10.2017 r.)</i></p>
Zespół Struktury i Funkcji Genów (ZSiFG)	<p><i>prof. dr hab. Barbara Naganowska</i> <i>prof. dr hab. Bogdan Wolko</i> <i>dr Michał Książkiewicz</i> <i>dr Karolina Susek</i> <i>mgr Sandra Rychel</i> <i>mgr Elżbieta Rudy (urlop macierzyński)</i> <i>mgr inż. Piotr Plewiński (zastępstwo)</i> <i>mgr inż. Magdalena Tomaszewska (0,2 etatu)</i> <i>mgr Wojciech Bielski (doktorant)</i> <i>mgr Waldemar Ułaszewski (doktorant)</i></p>
Zespół Genomiki Zbóż (ZGZ)	<p><i>prof. dr hab. Halina Wiśniewska</i> <i>dr Michał Kwiatek (do 30.09.2017 r.)</i> <i>mgr inż. Jolanta Belter</i> <i>mgr Maciej Majka (doktorant)</i> <i>Joanna Maszner (do 30.06.2017 r.)</i></p>

Współautorstwo publikacji	ogółem	16	Kierownictwo projektów	ogółem	17
Lista A	16	16	UE	1	1
Lista B	-	-	międzynarodowy-bilateralny	-	-
Lista C	-	-	Rządowe	2	2
Monografie i rozdziały	-	-	NCN/NCBiR/POIG	8	8
Inne	-	-	MRiRW	6	6
Liczba „N”	18,23	18,23	Inne	-	-

Badania obejmują analizy struktury i funkcji genomów roślinnych na poziomie chromosomowym i sekwencyjnym oraz profilowanie transkryptomów. Celem badań jest charakteryzowanie i poszerzanie zmienności genetycznej roślin, określenie ekspresji wybranych genów, jak również poznanie mechanizmów ewolucyjnych przemian genomów i filogenezy badanych taksonów. Ponadto prowadzone jest generowanie markerów związanych z cechami użytkowymi oraz analizy wskaźników fizjologicznych jako elementu determinowania plonu.

Temat: **Analiza genomów roślinnych na poziomie struktury i funkcji genów.**

Zespół Genomiki Porównawczej Roślin Strączkowych

Jednym z kierunków prac prowadzonych w Zespole było badanie parametrów fizjologicznych jako istotnego elementu determinowania plonu i cech nasion u grochu i łubinu. Celem badań było poznanie zakresu zmienności parametrów, ich interakcji ze środowiskiem, wzajemnej korelacji oraz zmian w wyniku postępu hodowlanego. Mierzono efektywność wykorzystania azotu u grochu (NUtE), uzupełnioną o aktywność nitrogenazy jako wskaźnika aktywności bakterii *Rhizobium*, oraz zróżnicowanie NUtE zależnie od zaopatrzenia w azot, w warunkach polowych i kontrolowanych. Zależności pomiędzy plonem nasion, efektywnością wykorzystania wody i azotu były znacznie silniejsze w warunkach niedoboru azotu. Badano możliwości zwiększenia produktywności łubinu wąskolistnego i grochu poprzez ulepszenie wskaźników fizjologicznych, takich jak fluorescencja, zawartość chlorofilu i potencjał wodny liści. Analizowano przebieg procesów fotosyntezy liści i rozwój korzeni w zróżnicowanych warunkach środowiskowych. Ponadto badania uzupełniono o aspekt funkcjonalny głównych genów uczestniczących w tych procesach. Dodatkowo u grochu prowadzono badania ekspresji genów warunkujących metabolizm cukrowców i odporność na askochytozę. Ich celem było potwierdzenie współwystępowania tych genów ze zidentyfikowanymi wcześniej QTL, odpowiedzialnymi za badane cechy.

Prowadzone w roku 2017 badania łubinu miały na celu identyfikację genów szlaku syntezy alkaloidów i odporności na fuzariozę. Przeprowadzone sekwencjonowanie transkryptomu linii łubinu żółtego, znacznie różniących się ogólną zawartością alkaloidów w nasionach, oraz analiza różnicowej ekspresji genów pozwoliły na identyfikację genów kandydackich, potencjalnie uczestniczących w szlaku biosyntezy alkaloidów chinolizydynowych, których ekspresja będzie weryfikowana w kolejnym roku. W RNA-seq uwzględniono tkankę liścia oraz kwiaty, co pozwoli na wytypowanie genów tkankowo specyficznych. Przetestowano również 6 genów kandydackich związanych z odpornością łubinu żółtego na fuzariozę, wytypowanych po analizie różnicowej ekspresji genów (technika real-time PCR). Wykazano zaangażowanie badanych genów w odporność na wędnięcie fuzaryjne.

W ramach waloryzacji zasobów genowych łubinu białego i wąskolistnego charakteryzowano zmienność na poziomie fenotypowym i biochemicznym, z uwzględnieniem związków decydujących o jakości nasion, w materiałach o różnym pochodzeniu. Prowadzone były badania dla piramidyzacji genów takich cech, jak odporność na antraknozę, wczesność dojrzewania, niska zawartość alkaloidów i wysoka zawartość tłuszczu w łubinie białym i wąskolistnym. Ponadto, scharakteryzowano zasoby genowe dzikich gatunków łubinów Starego Świata pod kątem zawartości ogólnej i składu jakościowego alkaloidów w nasionach, co może być wykorzystane w chemotaksonomii.

Zespół Struktury i Funkcji Genów

Prace obejmują zagadnienia z dziedziny genomiki i transkryptomiki (badania związane z procesami lub cechami ważnymi dla rolnictwa) oraz filogenezy (badania zmienności genomów w aspekcie ewolucji) rodzaju *Lupinus* i rodziny Fabaceae. Obiektem badań były trzy gatunki łubinów: wąskolistny (*L. angustifolius*), biały (*L. albus*) i żółty (*L. luteus*). Wykorzystywano też do badań porównawczych bazy danych sekwencji genomów gatunków pokrewnych.

W ramach analiz łubinu białego ukończone zostały prace nad konsensusową mapą genetyczną, zawierającą 3966 markerów (w tym 3669 sekwencyjnie zdefiniowanych), rozlokowanych w 25 grupach sprzężeń. Łączna długość mapy wynosi 2950 cM, przy czym mapa zawiera 1974 loci unikatowych (średni dystans 1,49 cM/marker). Na mapie zlokalizowano loci cech ilościowych wczesności kwitnienia i odporności na antraknozę. Ponadto zlokalizowano locus niskiej zawartości alkaloidów. Dla każdego z loci wygenerowano sekwencyjnie zdefiniowane markery molekularne do rutynowego testowania genotypów metodą amplifikacji PCR i trawienia enzymatycznego. Markery te potwierdzono przez amplifikację i sekwencjonowanie produktów PCR. Rozpoczęto profilowanie linii z kolekcji łubinu białego przy użyciu tych markerów.

W ramach badań nad łubinem wąskolistnym przeprowadzono analizę filogenetyczną genów kodujących cytozolową karboksylazę acetylokoenzymu A i genów kodujących plastydowe podjednostki tego enzymu w odniesieniu do wybranych przedstawicieli roślin strączkowych. Ponadto wykonano analizę presji selekcyjnej zarówno w obrębie par genów zduplikowanych, jak i dla całych gałęzi ewolucyjnych. Kontynuowano analizy związane z uzyskaniem zestawu markerów sekwencyjnych (technika MACE) do mapowania asocjacyjnego kolekcji łubinu wąskolistnego oraz mapowania genetycznego populacji mapującej tego gatunku. Kontynuowano pracę nad utworzeniem konsensusowej mapy łubinu wąskolistnego poprzez integrację mapy dla polskiej populacji Emir × LAE-1 z referencyjną mapą genetyczną 83A:476 × P27255. Analizy bioinformatyczne pozwoliły na przyrównanie 1907 markerów DArTseq (reprezentujących wszystkie 20 grup sprzężeń mapy Emir × LAE-1) do referencyjnego genomu gatunku. Na podstawie wcześniejszych wyników genotypowania oraz analiz bioinformatycznych przyrównano obie mapy, wyniki integracji zwizualizowano używając oprogramowania CIRCOS.

Wykonano ocenę terminu kwitnienia i dojrzewania strąków oraz wymagań wernalizacyjnych zestawu ponad stu linii z kolekcji łubinu żółtego (odmiany, rody hodowlane, mutanty i populacje dzikie). Dla wybranych linii wczesnych i późnych wykonano amplifikację PCR i sekwencjonowanie kilkudziesięciu homologów genów uczestniczących w procesie indukcji kwitnienia, w celu zidentyfikowania loci polimorficznych. Ponadto uzyskano pokolenie F₄ populacji mapującej.

W celu cytogenetycznego zmapowania loci genów indukcji kwitnienia w chromosomach łubinu żółtego przeprowadzono fluorescencyjną hybrydyzację *in situ* z użyciem klonów BAC jako sond molekularnych (BAC-FISH). Klony pochodziły z biblioteki BAC genomu jądrowego łubinu wąskolistnego i zawierały homologii badanych genów. Określono lokalizację 27 klonów w genomie łubinu żółtego oraz wzór hybrydyzacji. Zidentyfikowano 4 klony 'unikatowe' (dające pojedyncze sygnały), pozostałe klony hybrydowały do wielu loci. Dla precyzyjnego określenia lokalizacji i liczby loci badanych genów przeprowadzono: amplifikację (PCR) wybranych homologów genów, klonowanie produktów PCR do plazmidów pGEM, sekwencjonowanie i analizę sekwencyjną otrzymanych produktów klonowania. Pozwoliło to na wybór sekwencji stanowiących sondę do lokalizacji chromosomowej metodą FISH. W wyniku

badan zidentyfikowano 2 loci genów *TFL1* uczestniczących w procesie indukcji kwitnienia u łubinu żółtego.

Kontynuowane były badania zmierzające do wyjaśnienia mechanizmów ewolucyjnych wpływających na strukturę i funkcje genomów badanych gatunków. Prowadzone były prace mające na celu określenie profilu transkryptomów kilku gatunków łubinów i innych wybranych roślin strączkowych.

Zespół Genomiki Zbóż

Celem prac jest poszerzenie zmienności genetycznej uprawnych form pszenżyta poprzez przeniesienie chromatyny z gatunków pokrewnych (m.in. z rodzaju *Aegilops*), z wykorzystaniem krzyżowań oddalonych, dających możliwość wytworzenia nowych genotypów o zwiększonej odporności na choroby wywoływane przez grzyby patogeniczne. Zespół zajmuje się również poszukiwaniem markerów fenotypowych, metabolicznych i molekularnych do badania typów odporności.

Analizowano organizację chromosomów *Ae. tauschii* przy użyciu klonów BAC pszenicy, zawierających sekwencje powtarzalne. Hybrydyzacja *in situ* pozwoliła na identyfikację poszczególnych chromosomów oraz analizę ich organizacji. W badaniach wykorzystano również markery SSR m.in. sprzężone z genami warunkującymi odporność na rdzę brunatną. Wykazano, że w genomie tego gatunku występuje umiarkowany lub wysoki poziom polimorfizmu, determinowany przez pochodzenie geograficzne.

Na wyselekcjonowanych formach mieszańcowych *Ae. tauschii* i pszenżyta przeprowadzone zostały inokulacyjne testy szklarniowe dotyczące odporności na rdzę brunatną w stadium siewki oraz w stadium rośliny dojrzałej (liść flagowy). Wykazano zróżnicowaną odpowiedź roślin mieszańcowych w zależności od wykorzystanego izolatu *Puccinia triticina*, co więcej - zaobserwowano różnice pomiędzy oceną makroskopową a porażeniem na poziomie mikroskopowym. Introgresja chromatyny genomu D prowadziła do uzyskania podwyższonej odporności roślin w stadium rośliny dojrzałej. Z wybranych form mieszańcowych wyprowadzono linie podwojonych haploidów.

Zidentyfikowano markery sprzężone z genami odporności na rdzę brunatną, fuzariozę kłosa i łamliwość podstawy źdźbła w formach mieszańcowych pszenżyta i pszenicy. Wykonano szereg krzyżowań między wybranymi formami mieszańcowymi celem piramidyzacji genów odporności na badane patogeny. Badano ekspresję genów odporności oraz typy odporności w inokulowanych roślinach mieszańcowych. Uzyskano formy pszenicy i pszenżyta posiadające gen/geny warunkujące odporność na rdzę brunatną, łamliwość podstawy źdźbła i fuzariozę kłosów, których działanie zidentyfikowano makro- (*in vivo*) i mikroskopowo.

Lista projektów badawczych Zakładu

UE-FP7

“LEGumes for the Agriculture of TOMorrow”, LEGATO Consortium Agreement nr 613551, 1 stycznia 2014 r. – 31 grudnia 2017 r., **B. Wolko**, B. Naganowska, M. Książkiewicz, S. Rychel.

Rządowy Program Wieloletni

„Zwiększenie wykorzystania krajowego białka paszowego dla produkcji wysokiej jakości produktów zwierzęcych w warunkach zrównoważonego rozwoju”, uchwała RM nr

222/2015 z dnia 15.12.2015 r., 2016 r. – 2020 r., Obszar badawczy 2 „Nowe metody i techniki dla ulepszenia wartości odmian roślin strączkowych”.

Zad. 2.1. „Poprawa wartości użytkowej grochu (*Pisum sativum* L.), łubinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.) oraz łubinu białego (*L. albus* L.) poprzez obniżenie w nasionach zawartości anty-żywnieniowych oligosacharydów rodziny rafinozy oraz obniżenie podatności grochu na askochytozę”, **M. Gawłowska**, W. Świącicki, A. Durska, L. Boros L. (IHAR Radzików) Lahuta L. (UWM, Olsztyn).

Zad. 2.2. „Identyfikacja genów warunkujących zawartość alkaloidów oraz zawiązywanie i utrzymywanie organów generatywnych u łubinów”, **M. Kroc**, W. Świącicki, K. Czepiel, G. Koczyk, P. Wilczura.

Zad. 2.4. „Krzyżowania oddalone w obrębie rodzajów *Lupinus*, *Pisum* i *Vicia* – poszukiwanie nowej zmienności genetycznej i sposobu skrócenia cyklu hodowlanego z wykorzystaniem kultur *in vitro*”, **A. Ślusarkiewicz-Jarzina**, H. Pudelska.

Zad. nr 2.5. „Analiza zmienności, sposobu dziedziczenia wskaźników fizjologicznych u łubinu wąskolistnego i grochu siewnego oraz możliwości ich wykorzystania w ulepszaniu produktywności roślin”. **B. Górniewicz**, W. Świącicki, W. Mikulski, T. Pilarczyk (UP Poznań).

Zad. 2.6. „Fotosynteza liści, formowanie i aborcja organów generatywnych, rozwój korzeni oraz wiązanie azotu atmosferycznego jako procesy istotne dla poziomu i jakości plonu roślin strączkowych w warunkach stresowych”, **A. Górny**, D. Ratajczak, K. Beczek.

„Tworzenie naukowych podstaw postępu biologicznego i ochrona roślinnych zasobów genowych źródłem innowacji i wsparcia zrównoważonego rolnictwa oraz bezpieczeństwa żywnościowego kraju” Uchwała RM nr 104/205. 2016 r. – 2020 r.. Umowa nr 8/PW 1.2 – IGR Poznań/2016 „Prowadzenie kolekcji zasobów genowych marginalnych roślin strączkowych gruboziarnistych”. 1 stycznia 2017 r. – 30 listopada 2017 r., **W. Rybiński**.

NCN

HARMONIA 7: „Mechanizmy leżące u podstaw genomów roślinnych, dywersyfikacji i specjacji”, nr 2016/M/NZ2/00422, 13 maja 2016 r. – 12 maja 2019 r., **K. Susek**, M. Kroc, W. Ułaszewski, M. Tomaszewska.

SONATA 6: „Charakterystyka struktury oraz procesów odpowiedzialnych za dziedziczenie chromosomów mieszańców międzyrodzajowych uzyskanych w wyniku krzyżowań pomiędzy wybranymi gatunkami kozińców (*Aegilops* spp.) a żytem (*Secale cereale* L.) i pszenżytem (*X Triticosecale* Witt.), 2013/11/D/NZ9/02719, 23 lipca 2014 r. – 22 lipca 2017 r., **Kwiatek M.**, Majka M., Majka J., Belter J.

SONATA 9: „Profilowanie transkryptomu łubinu wąskolistnego podczas interakcji roślin-patogen: poznanie molekularnych i genetycznych podstaw odporności na grzyby patogeniczne: *Colletotrichum lupini* i *Diaporthe toxica*” nr 2015/17/D/NZ9/02112, 3 marca 2016 r. – 02 marca 2019 r., **M. Książkiewicz**, J. Kaczmarek, S. Rychel, E. Lewartowska, N. Ramzi, R. Wawrzyniak, S. Ornatowski, W. Irzykowski.

PRELUDIUM 7: „Profile ekspresji wybranych genów warunkujących biosyntezę alkaloidów chinolizydynowych w różnych organach łubinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.)”, nr 2014/13/N/NZ9/03943, 27 stycznia 2015 r. – 27 stycznia 2019 r., **K. Czepiel**, opiekun W. Świącicki.

PRELUDIUM 8: „Wpływ wzajemnych powiązań szlaków fotoperiodycznego i wernalizacyjnego na regulację terminu kwitnienia u łubinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.)”, nr 2014/15/N/NZ9/03919, 05 sierpnia 2015 r.– 04 sierpnia 2017 r., **S. Rychel**, M. Książkiewicz, opiekun B. Wolko.

PRELUDIUM 8: „Doskonalenie genetyczne pszenżyta poprzez krzyżowania oddalone z formami amfiploidalnymi *Aegilops tauschii* x *Secale cereale* celu przeniesienia genów odporności na rdzę brunatną, nr: 2014/15/N/NZ9/00448, 21 lipca 2015 r.– 20 lipca 2018 r., **M. Majka**, Opiekun: H. Wiśniewska.

PRELUDIUM 12 „Zróżnicowane losy chromosomów łubinów”, nr 2016/23/N/NZ2/01509, 06 lipca 2017 r. – 05 lipca 2019 r., **W. Bielski**, opiekun B. Naganowska.

NCBiR

SEGENMAS: „Sekwencjonowanie nowej generacji i mapowanie asocjacyjne jako metody generowania markerów molekularnych cech użytkowych łubinu wąskolistnego” nr PBS 3/A8/28/2015; 01 marca 2015 r. - 28 lutego 2018 r. Koordynator: **B. Wolko**; B. Naganowska, W. Święcicki, M. Książkiewicz, M. Kroc, P. Plewiński, S. Rychel, W. Bielski.

MRiRW

„Identyfikacja rejonów w genomie grochu, warunkujących wybrane parametry sprawności fizjologicznej, jako istotnego elementu odporności na stropy abiotyczne”, HORhn-801-PB-9/17 Zad. nr 40/2017, 01 stycznia – 31 grudnia 2017 r., **W. Święcicki**, M. Gawłowska, A. Górny, A. Niewiadomska (UP Poznań), L. Boros (IHAR Radzików), A. Wawer (IHAR Radzików), D. Ratajczak.

„Identyfikacja i sposób dziedziczenia genów warunkujących odporność na choroby grzybowe i niską zawartość alkaloidów w doskonaleniu wartości użytkowej łubinów, ze szczególnym uwzględnieniem łubinu żółtego”, Zad. nr 41/2017, 01 stycznia – 31 grudnia 2017 r., **W. Święcicki**, M. Kroc, K. Kamel, P. Barzyk, P. Wilczura, G. Koczyk.

„Analiza zmienności genetycznej i piramidyzacja genów warunkujących cechy użytkowe łubinu białego”, Zad. nr 42/2017, 01 stycznia – 31 grudnia 2017 r., **W. Rybiński**, W. Święcicki, P. Barzyk, P. Wilczura, Cz. Nawrot.

„Cecha wczesności kwitnienia u łubinu białego i łubinu żółtego – podstawy genetyczne i molekularne”, Zad. nr 39/2017, 1 stycznia – 31 grudnia 2017 r., **M. Książkiewicz**, B. Naganowska, B. Wolko, K. Susek, P. Plewiński, M. Tomaszewska, S. Rychel, W. Ułaszewski.

„Wykorzystanie markerów molekularnych i fenotypowych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła powodowaną przez *Oculimacula yallundae* i *Oculimacula aciformis*”, nr HOR. hn.802.14.2017, 1 stycznia – 31 grudnia 2017 r., **H. Wiśniewska**, M. Kwiatek, M. Gawłowska, M. Majka, M. Korbas (IOR-PIB, Poznań), J. Belter.

„Badanie typów odporności na fuzariozę kłosów u pszenżyta ozimego za pomocą markerów fenotypowych i metabolicznych”, HOR. hn.802.14.2017, 1 stycznia – 31 grudnia 2017 r., **H. Wiśniewska**, M. Kwiatek, M. Majka, T. Góral (IHAR PIB, Radzików), P. Ochodzki (IHAR PIB, Radzików), D. Walentyn-Góral (IHAR PIB, Radzików), J. Belter.

ZAKŁAD ZINTEGROWANEJ BIOLOGII ROŚLIN

Kierownik Zakładu	<i>dr hab. Robert Malinowski</i>
Zespół Biologii Systemów Roślinnych	<i>dr hab. Robert Malinowski</i> <i>dr Karolina Stefanowicz</i> <i>dr William Truman</i> <i>mgr inż. Fatema Bakro</i> <i>mgr inż. Sara Blicharz</i> <i>mgr Soham Mukhopadhyay</i> <i>mgr Juan Camilo Ochoa</i> <i>mgr inż. Marcin Olszak</i> <i>mgr inż. Piotr Walerowski</i>
Zespół Nanobiotechnologii i Biosyntezy Metabolitów Wtórnych	<i>dr Franklin Gregory</i> <i>dr Selvakesavan Rajendran Kamalabai</i> <i>mgr Preeti Shakya</i> <i>mgr Dariusz Kruszk</i>
Zespół Inżynierii Ściany Komórkowej Roślin	<i>dr Jorge A. Pinto Paiva</i> <i>dr Mortaza Khodaeiaminjan</i> <i>mgr Carolina Gomes</i>

Współautorstwo publikacji		Kierownictwo projektów	
	<u>ogółem</u>	<u>ogółem</u>	
Lista A	6	UE	-
Lista B	-	międzynarodowy-bilateralny	-
Lista C	-	Rządowe	-
Monografie i rozdziały	2	NCN/NCBiR/POIG	8
Inne	-	MRiRW	-
Liczba „N”	12,16	Inne	-

Temat: **Poprawa jakości roślin poprzez modyfikację molekularnych i komórkowych mechanizmów regulatorowych.**

W roku 2017 trzy zespoły wchodzące w skład ZZBR prowadziły prace badawcze, nakierowane na zrozumienie zjawisk podstawowych w reakcjach między roślinami a mikroorganizmami (*Plasmodiophora brassicae*, *Agrobacterium tumefaciens*, *A. rhizogenes*) oraz prace, których celem było poznanie plastyczności rozwojowej oraz potencjału adaptacyjnego roślin do warunków stresowych takich jak susza (groch), czynniki biotyczne (*P. brassicae*) lub substancje wykorzystywane w nano-biotechnologii (metaliczne nanocząsteczki). Jeden z zespołów prowadził również prace nakierowane na poznanie procesu lignifikacji u wierzby purpurowej.

Zespół Biologii Systemów Roślinnych

Temat: Oddziaływanie *Plasmodiophora brassicae* – *Arabidopsis thaliana* na poziomie systemu.

Celem badań jest zrozumienie znaczenia postinfekcyjnego przeprogramowania rozwoju hypokotyli *A. thaliana* dla możliwości zasiedlenia roślin przez *P. brassicae*.

W wyniku przeprowadzonych badań z zakresu transkryptomiki, proteomiki, anatomii porównawczej oraz biologii funkcjonalnej opisano proces przeprogramowania rozwoju floemu oraz transportu cukrów w rejonie tworzących się narośli będących miejscem lokowania się i odżywiania patogenicznego pierwotniaka *P. brassicae*. Dokonano również częściowego opisu przemian białkowych w zasiedlonych przez patogen komórkach olbrzymich. Przeprowadzono wstępne badania dotyczące udziału procesu wzrostu elongacyjnego oraz endoreduplikacji w tworzących się komórkach olbrzymich. Zbadano charakter zmian postępu cyklu komórkowego prowadzących do aktywności podziałowej kambium oraz zaburzeń różnicowania ksylemu w hypokotyloch zainfekowanych roślin.

Temat: Rola floemu w adaptacji roślin grochu do niedoboru wody.

Celem badań jest określenie zmian adaptacyjnych grochu siewnego w zakresie anatomii floemu oraz molekularnych i fizjologicznych aspektów transportu floemowego w odpowiedzi na niedobór wody.

Przeprowadzono analizę zmian ekspresji genów kodujących transportery cukrów w liściach oraz ogonkach liściowych roślin grochu poddanych stresowi suszy. Wytypowano w ten sposób geny potencjalnie zaangażowane w procesy adaptacyjne związane z potrzebą zmiany alokacji cukrów w warunkach niedoboru wody. Przeprowadzono część analiz anatomicznych dotyczących przebudowy floemu oraz zbadano zmiany ekspresji genów będących kluczowymi elementami molekularnej sieci regulatorowej zaangażowanej w różnicowanie komórek floemu. Wstępne wyniki wskazują na aktywację procesów różnicowania floemu w liściach i ogonkach liściowych roślin grochu w warunkach suszy. Pobrano materiał do analiz fenomicznych wielkości komórek oraz eksudaty floemowe do analiz metabolicznych zmian zawartości poszczególnych cukrów.

Temat: Zwiększenie zakresu zmienności u grochu siewnego poprzez mutagenезę EMS

Celem prac badawczych jest uzyskanie mutantów pozwalających na badanie funkcji genów grochu z wykorzystaniem metod genetyki odwróconej

Uzyskano pokolenie M3 i opisano fenotypy mutantów. Wśród uzyskanych roślin obserwowano formy potencjalnie użyteczne dla hodowli (szybko łądogowe o zwartym pokroju) oraz interesujące z punktu widzenia biologii rozwoju (zmiana architektury rośliny oraz zmiana rozwoju liści i strąków).

Uzyskany materiał może być wykorzystany w hodowli grochu siewnego.

Zespół Nanobiotechnologii i Biosyntezy Metabolitów Wtórnych

Temat: Oddziaływanie roślin z nanocząstkami.

Celem badań jest poznanie zmian metabolizmu wtórnego w odpowiedzi na nanocząstki.

Badano indukcję wtórnego metabolizmu siewek *A. thaliana* w odpowiedzi na nanocząstki srebra (AgNP). Zastosowano dwa układy chromatograficzne do identyfikacji

i oznaczenia ilościowego metabolitów wtórnych w całkowitych ekstraktach metanolowych, mianowicie HPLC-ESI-MS z pułapką jonową i UPLC-UV. Zawartość związków fenolowych: glikokoniugatów kwasu synapinowego (np. gluapoiloglukoza, disinapoilobenziocioza, ester jabłczanu jabłkowego), 3-O-pentozyd kwasu dihydroksybenzoesowego, pochodne kwasu ferulowego i flawonoidy wzrosły po traktowaniu AgNP i Ag⁺. Interesujące jest to, że w sadzonkach zidentyfikowano także fitoaleksyny (związki indukowane w roślinach po zakażeniu patogenami), takie jak glikokoniugaty hydroksykamaleksynowe i glikokoniugaty 6-hydroksyindolo-3-karboksyłanowe. Półilościowa analiza RT-PCR wykazała zmiany ekspresji genów uczestniczących w szlakach fenylopropanoidowych i kamaeloksynowych, mianowicie liazy amoniaku fenyloalaniny (PAL), syntazy chalkonowej (CHS), 4-kumaryny: ligazy CoA (4CL) i niedobór fitoaleksyny 3 (PAD3) w odpowiedzi na nanocząstki metaliczne. Nasze wyniki sugerują, że zarówno AgNP jak i Ag⁺ mogą zakłócać wtórną przemianę roślin i wywoływać odporność wrodzoną rośliny.

Temat: Reakcja niekompatybilności między rośliną a *Agrobacterium*.

Celem badań jest zrozumienie molekularnego mechanizmu warunkującego zjawisko oporności roślin na transformację z wykorzystaniem *Agrobacterium*.

W roku 2017 zbadano interakcję *Hypericum-Agrobacterium*. Wyniki prac wskazują, że w zjawisko oporności roślin zaangażowane są geny z rodziny PR. Ekspresja jednego z ortologów pochodzącego z rośliny odpornej na transformację (dziurawiec) w systemie heterologicznym (tytoń) spowodowała nabycie przez uzyskaną linię oporności na transformację z wykorzystaniem *Agrobacterium* jako wektora.

Zespół Inżynierii Ściany Komórkowej Roślin

Temat: Epigenetyczne aspekty biosyntezy drewna.

Celem badań jest zrozumienie molekularnych mechanizmów warunkujących biosyntezę wtórnej ściany komórkowej ze szczególnym uwzględnieniem regulacji transkrypcji.

W roku 2017 przeprowadzono ocenę populacji wierzby purpurowej (*Salix purpurea*) po kątem zawartości ligniny i wytypowano osobniki o najbardziej skrajnych cechach. Zbadanie genotypów uzyskanej populacji umożliwi stworzenie mapy genetycznej o wysokiej gęstości oraz identyfikację markerów cech ilościowych (QTLs) dla jakości drewna, kory oraz odporności na rdze powodowane przez grzyby rodzaju *Melampsora*. Populacja ta posłuży również do zbadania wpływu warunków środowiskowych na właściwości drewna u *S. purpurea*. Aktualnie prowadzone są prace mające na celu badanie aktywności czynników uczestniczących w przemianach chromatyny (metylacja, demetylacja) w różnych tkankach i genotypach badanych roślin. Prowadzona jest także optymalizacja metody regeneracji oraz mikropropagacji *in vitro* badanych genotypów.

Lista projektów badawczych Zakładu

NCN

OPUS 10: „Zrozumienie roli zależnych od chityny odpowiedzi obronnych roślin podczas infekcji *Plasmodiophora brassicae*”, nr 2015/19/B/NZ3/01489, 20 czerwca 2016 r. – 19 czerwca 2019 r.; Kierownik projektu: W. Truman.

OPUS 11: „HyperNano: Badanie zmian metabolizmu wtórnego u *Hypericum perforatum* pod wpływem nanocząsteczek poprzez zastosowanie zintegrowanego podejścia i technologii „omics”, nr 2016/21/B/NZ9/01980, 12 stycznia 2017 r. – 11 stycznia 2020 r.; Kierownik projektu: F. Gregory.

OPUS 11: „Rola transportu floemowego w adaptacji grochu do warunków niedoboru wody”, nr 2016/21/B/NZ9/02020, 12 stycznia 2017 r. – 11 stycznia 2020 r.; Kierownik projektu: R. Malinowski.

OPUS 12: „Hyperisyn: Zastosowanie innowacyjnych narzędzi badawczych do poznania sieci molekularno-genetycznych uwarunkowań szlaku biosyntezy hiperycyny”, nr 2016/23/B/NZ9/02677, 3 lipca 2017 r. – 2 lipca 2020 r.; Kierownik projektu: F. Gregory.

SONATA 9: „Znaczenie przemian ściany komórkowej roślin zainfekowanych przez *Plasmodiophora brassicae* dla rozwoju patogena”, nr 2015/17/D/NZ9/01977, 3 czerwca 2016 r. – 2 czerwca 2019 r.; Kierownik projektu: K. Stefanowicz.

SONATA BIS 2: „Kompleksowa analiza mechanizmów prowadzących do zaburzenia równowagi między proliferacją a różnicowaniem komórek w trakcie infekcji przez *Plasmodiophora brassicae*”, nr 2012/07/E/NZ3/00510, 16 września 2013 r. – 15 września 2017 r.; Kierownik projektu: R. Malinowski.

SONATA BIS 5: „PurpleWalls - zintegrowane badania nad (de) regulacją ekspresji genomu w procesie biosyntezy drewna u wierzby purpurowej (*Salix purpurea* L.)”, nr 2015/18/E/NZ2/00694, 12 maja 2016 r. – 11 maja 2019 r.; Kierownik projektu: J. Paiva.

Współpraca bilateralna Polska-Portugalia finansowana przez MNiSW oraz FCT

„Przemiany ściany komórkowej w warunkach stresu u *Medicago truncatula*” 01 stycznia 2017 r. – 31 grudnia 2018 r.; Kierownik projektu: J. Paiva.

WSPÓŁPRACA KRAJOWA

Biomax PPHU

- Zastosowanie innowacyjnej metody mikropropagacji *in vitro* do produkcji sadzonek różnych gatunków miskanta dla potrzeb bioenergetyki, fitoremediacji i rekultywacji – T. Pniewski (złożony wniosek grantowy TANGO do NCN/NCBiR).

Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki

- Analiza genotypów jęczmienia jarego z wykorzystaniem chromatografii gazowej połączonej z spektrometrią mas – A. Kuczyńska (wspólny projekt NCN OPUS9).

Hodowla Roślin Smolice Spółka z o.o.

- Genetyczne i molekularne podstawy cechy wczesności kwitnienia łąbinu białego i żółtego – M. Książkiewicz, B. Naganowska, B. Wolko, K. Susek, M. Tomaszewska, P. Plewiński, S. Rychel, W. Ułaszewski (projekt MRiRW).
- Sekwencjonowanie nowej generacji i mapowanie asocjacyjne jako metody generowania markerów molekularnych cech użytkowych łąbinu wąskolistnego – B. Wolko, B. Naganowska, M. Książkiewicz, S. Rychel, W. Bielski, W. Świącicki, M. Kroc, M. Gawłowska (konsorcjum w ramach projektu NCBiR SEGENMAS).

Instytut Agrofizyki PAN w Lublinie

- Wpływ oporu mechanicznego na wzrost korzeni jęczmienia – A. Kuczyńska (wspólny projekt MRiRW).

Instytut Biotechnologii i Antybiotyków w Warszawie

- Opracowanie iniekcyjnej i doustnej szczepionki pochodzenia roślinnego przeciwko HBV; współpraca w ramach konsorcjum PLANTOVAC – T. Pniewski (publikacja).

Instytut Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu

- Analiza akumulacji metabolitów pierwotnych w warunkach deficytu wody u traw kompleksu *Lolium-Festuca* - A. Kosmala, D. Perlikowski, A. Augustyniak.
- Analiza zmienności form jęczmienia jarego w warunkach deficytu wody – A. Kuczyńska (publikacja).
- Badania proteomu i metabolomu jęczmienia w kontekście reakcji na niedobór wody – P. Krajewski, A. Sawikowska (publikacja).
- Badanie ewolucji genów karboksylaz u łąbinów i innych Fabaceae – B. Naganowska, M. Książkiewicz.
- Integracja fizycznej i genetycznej mapy genomu łąbinu wąskolistnego i porównawcze mapowanie z innymi gatunkami Fabaceae – B. Naganowska, M. Książkiewicz, K. Susek.

Instytut Ekologii Terenów Uprzemysłowionych w Katowicach

- Analiza chemiczna pod względem zawartości metali i innych pierwiastków gleb oraz wybranych gatunków i genotypów miskanta dla potrzeb fitoremediacji skażonych gleb – S. Jeżowski (publikacja).

Instytut Fizjologii Roślin PAN w Krakowie

- Realizacja Programu Wieloletniego – W. Świąteczki z Zespołem.
- Sekwencjonowanie nowej generacji i mapowanie asocjacyjne jako metody generowania markerów molekularnych cech użytkowych łubinu wąskolistnego – B. Wolko, B. Naganowska, M. Książkiewicz, S. Rychel, W. Bielski, W. Świąteczki, M. Kroc, M. Gawłowska (konsorcjum w ramach projektu NCBiR SEGENMAS).

Instytut Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu

- Określenie immunogenności HBcAg pochodzenia roślinnego w modelu zwierzęcym – T. Pniewski (publikacja).

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie (oraz Oddziały w Poznaniu i Krakowie)

- Analiza funkcji wybranych genów należących do rodziny PP2C (kodujących fosfatazy białkowe) oraz HD-Zip (kodujących czynniki transkrypcyjne) u rzepaku – D. Babula-Skowrońska (wspólnie realizowany projekt NCN OPUS).
- Analiza zasiedlenia ziarna kukurydzy przez grzyby *Fusarium*, porażenie pszenicy przez gatunki *Fusarium* – Ł. Stępień (wspólny projekt NCN).
- Aplikacja o projekt typu Dialog PolPlantNet "Doskonalenie metod gromadzenia i integracji danych doświadczalnych o roślinach przez jednostki naukowe i firmy hodowlane" – P. Krajewski, H. Ćwiek-Kupczyńska.
- Badanie typów odporności na fuzariozę kłosów u pszenżyta ozimego za pomocą markerów fenotypowych i metabolicznych – H. Wiśniewska (publikacja).
- Doskonalenie genetyczne pszenżyta poprzez krzyżowania oddalone z formami amfiploidalnymi *Aegilops tauschii* × *Secale cereale* w celu przeniesienia genów odporności na rdzę brunatną – M. Majka (współpraca w ramach projektu NCN).
- Identyfikacja białek związanych z odpornością na fuzariozę kłosów u pszenicy i pszenżyta – A. Kosmala, D. Perlikowski, A. Augustyniak.
- Identyfikacja rejonów w genomie grochu, warunkujących wybrane parametry sprawności fizjologicznej, jako istotnego elementu odporności na stresy abiotyczne – M. Gawłowska, W. Świąteczki (Projekt MRiRW).
- Koordynacja bazy danych kolekcji *Lupinus* i *Pisum* – W. Świąteczki z Zespołem (realizacja Programu Wieloletniego).
- Mapa genetyczna łubinu białego – M. Książkiewicz, S. Rychel, M. Tomaszewska, B. Naganowska, B. Wolko (publikacja).
- Ocena zmienności składu chemicznego nasion gatunków z rodzaju *Lathyrus*, *Cicer*, *Vicia* i *Lupinus* – W. Rybiński (publikacja).
- Przekazanie wyselekcjonowanych linii w ramach projektu POLAPGEN „Narzędzia biotechnologiczne do otrzymywania zbóż o zwiększonej odporności na suszę”, dokumentacja oraz wymiana prób z innymi bankami genów i ogrodami botanicznymi, udostępnianie materiałów wyjściowych hodowcom – A. Kuczyńska.

Instytut Ochrony Roślin - Państwowy Instytut Badawczy w Poznaniu

- Wykorzystanie markerów molekularnych i fenotypowych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła powodowaną przez *Oculimacula yallundae* i *Oculimacula acuformis* – H. Wiśniewska (współpraca w ramach projektu MRiRW).

Instytut Ogrodnictwa w Skierniewicach

- Cytogenetyczna identyfikacja mieszańców *Brassica oleracea* × *Brassica napus* – J. Majka (wspólnie realizowany projekt MRiRW).

Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich w Poznaniu

- Uzyskanie ochrony patentowej i opracowania szczepionki pochodzenia roślinnego przeciwko HBV, Współpraca w ramach konsorcjum PLANTOVAC, uzyskanie patentu EPO – T. Pniewski.

Poznańska Hodowla Roślin Spółka z o.o.

- Aplikacja o projekt typu Dialog PolPlantNet "Doskonalenie metod gromadzenia i integracji danych doświadczalnych o roślinach przez jednostki naukowe i firmy hodowlane" – P. Krajewski, H. Ćwiek-Kupczyńska.
- Sekwencjonowanie nowej generacji i mapowanie asocjacyjne jako metody generowania markerów molekularnych cech użytkowych łubinu wąskolistnego – B. Wolko, B. Naganowska, M. Książkiewicz, S. Rychel, W. Bielski, W. Świąćicki, M. Kroc, M. Gawłowska (konsorcjum w ramach projektu NCBiR SEGENMAS).

Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

- Aplikacja o projekt typu Dialog PolPlantNet "Doskonalenie metod gromadzenia i integracji danych doświadczalnych o roślinach przez jednostki naukowe i firmy hodowlane" – P. Krajewski, H. Ćwiek-Kupczyńska.
- Badania asocjacyjne żyta – P. Krajewski (publikacja).

Uniwersytet Ekonomiczny w Poznaniu

- Analiza metabolitów wtórnych w żywności pochodzenia roślinnego – P. Kachlicki (publikacja).
- Identyfikacja grzybów patogenicznych w próbkach żywności – Ł. Stępień (publikacja).

Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

- Analiza funkcji wybranych genów należących do rodziny PP2C (kodujących fosfatazy białkowe) oraz HD-Zip (kodujących czynniki transkrypcyjne) u rzepaku – D. Babula-Skowrońska.
- Analiza mikroskopowa przebiegu somatycznej embriogenezy miskanta – T. Pniewski (publikacja).
- Aplikacja o projekt typu Dialog PolPlantNet "Doskonalenie metod gromadzenia i integracji danych doświadczalnych o roślinach przez jednostki naukowe i firmy hodowlane" – P. Krajewski, H. Ćwiek-Kupczyńska.

- Badanie roli tlenku azotu (NO) w metabolizmie roślinnym – A. Kosmala, D. Perlikowski (dwa wspólnie realizowane projekty NCN OPUS).
- Monitoring aerobiologiczny grzybów rodzaju *Cladosporium* – M. Jędryczka (publikacja).
- Przewidywanie struktury drugorzędowej i trzeciorzędowej białek StZPR1 i StBBX24 z *S. tuberosum* w oparciu o modelowanie porównawcze – A. Kielbowicz-Matuk, T. Rorat.
- Uzyskanie roślin ziemniaka *S. tuberosum* odm. Desiree z wyłączoną ekspresją genu BBX24 – A. Kielbowicz-Matuk, T. Rorat.
- Wpływ wybranych kompleksów chemicznych z pirydynokarboksyamidami na rozwój *Fusarium culmorum* na pożywkach – H. Wiśniewska (publikacja).

Uniwersytet Łódzki

- Identyfikacja molekularna mikroorganizmów o zdolnościach do degradacji ksenobiotyków o właściwościach endokrynnych (projekt badawczy)
- Identyfikacja molekularna mikroorganizmów o zdolnościach do degradacji ksenobiotyków o właściwościach endokrynnych – L. Błaszczyk (projekt NCN SONATA).

Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

- Identyfikacja molekularna i analiza filogenetyczna wybranych gatunków roślin – L. Błaszczyk.
- Sekwencjonowanie nowej generacji i mapowanie asocjacyjne jako metody generowania markerów molekularnych cech użytkowych łubinu wąskolistnego – B. Wolko, B. Naganowska, M. Książkiewicz, S. Rychel, W. Bielski, W. Świącicki, M. Kroc, M. Gawłowska (konsorcjum w ramach projektu NCBiR SEGENMAS).

Uniwersytet Medyczny w Poznaniu

- Analizy HPLC/MS aktywnych biologicznie komponentów roślin zielarskich – P. Kachlicki (publikacje).
- Monitoring aerobiologiczny grzybów rodzaju *Cladosporium* – M. Jędryczka (publikacja).

Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu

- Realizacja Programu Wieloletniego – W. Świącicki z Zespołem.

Uniwersytet Przyrodniczo-Humanistyczny w Siedlcach

- Opracowanie jednolitej metodyki oznaczania substancji antyżywnościowych w rodzaju *Lathyrus*, ze szczególnym uwzględnieniem zawartości neurotoksyn (ODAP) oraz ocena zmienności składu chemicznego nasion materiałów kolekcyjnych roślin bobowatych – W. Rybiński (publikacja).

Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

- Monitoring aerobiologiczny – M. Jędryczka (publikacja).

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

- Analiza genów syntazy izoflawonowej w genomie jądrowym gatunków z rodziny Fabaceae – M. Książkiewicz, B. Naganowska, B. Wolko (publikacja).
- Analiza zawartości mykotoksyn w próbkach środowiskowych i kulturach *in vitro* – Ł. Stępień (wspólne projekty NCN, publikacja).
- Badania akumulacji metali w roślinach – Z. Kaczmarek.
- Badanie zastosowania modeli mieszanych w ocenie odmian – P. Krajewski, Z. Kaczmarek.
- Identyfikacja rejonów w genomie grochu, warunkujących wybrane parametry sprawności fizjologicznej, jako istotnego elementu odporności na stresy abiotyczne – M. Gawłowska, W. Święcicki (projekt MRiRW).
- Identyfikacja układów allelicznych genów fotoneutralności i wczesności oraz opracowanie metodyki otrzymywania roślin homozygotycznych u soi – M. Książkiewicz, S. Rychel, P. Plewiński, B. Wolko (projekt MRiRW).
- Identyfikacja źródeł odporności genetycznej na kiłę kapusty i suchą zgniliznę kapustnych u mieszańców międzygatunkowych w obrębie rodzaju *Brassica* – M. Jędryczka (2 projekty badawcze MRiRW, publikacja).
- Opracowanie doustnej szczepionki pochodzenia roślinnego przeciwko HBV – T. Pniewski.
- Opracowanie kompleksowej procedury hodowli nowych odmian pszenicy – T. Adamski (wspólny projekt NCBiR).
- Realizacja Programu Wieloletniego – W. Święcicki.
- Sekwencjonowanie nowej generacji i mapowanie asocjacyjne jako metody generowania markerów molekularnych cech użytkowych łubinu wąskolistnego – B. Wolko, B. Naganowska, M. Książkiewicz, S. Rychel, W. Bielski, W. Święcicki, M. Kroc, M. Gawłowska (konsorcjum w ramach projektu NCBiR SEGENMAS).
- Współpraca w projekcie “Geneza i rozpowszechnienie zdolności do biosyntezy oraz metabolizmu makrolaktonów wśród grzybów wyższych” – G. Koczyk.
- Wykorzystanie metod statystycznych dla opracowania zmienności genetycznej roślin bobowatych z gatunków *Lathyrus*, *Vicia*, *Cicer* i *Lupinus* – W. Rybiński (publikacje).

Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu

- Identyfikacja grzybów entomopatogenicznych z kopalń i jaskiń – Ł. Stępień (zgłoszenie patentowe, publikacje).
- Integracja map łubinu wąskolistnego – M. Książkiewicz, P. Plewiński, S. Rychel, B. Naganowska.

Uniwersytet Rolniczy w Krakowie

- Badanie fizjologiczna reakcja na stresy abiotycznych i biotyczne u traw kompleksu *Lolium-Festuca* – A. Kosmala, I. Pawłowicz, D. Perlikowski, A. Augustyniak (publikacja).
- Sekwencjonowanie nowej generacji i mapowanie asocjacyjne jako metody generowania markerów molekularnych cech użytkowych łubinu wąskolistnego – B. Wolko, B. Naganowska, M. Książkiewicz, S. Rychel, W. Bielski, W. Święcicki, M. Kroc, M. Gawłowska (konsorcjum w ramach projektu NCBiR SEGENMAS).

Uniwersytet Rzeszowski

- Monitoring aerobiologiczny – M. Jędryczka (publikacja).

Uniwersytet Szczeciński

- Monitoring aerobiologiczny – M. Jędryczka (publikacja).

Uniwersytet Śląski w Katowicach

- Cytomolekularne badania struktury i ewolucji genomu jądrowego roślin – K. Susek (współpraca w projekcie NCN MAESTRO).
- Realizacja projektu OPUS – K. Susek, B. Naganowska (publikacja).
- Realizacja projektu OPUS – K. Susek, W. Bielski, B. Naganowska, B. Wolko.
- Wyjaśnianie współdziałania hormonów i jego roli w kształtowaniu architektury roślin jęczmienia – A. Kuczyńska (wspólny projekt NCN OPUS12).

Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

- Poszukiwanie mechanizmów determinacji płci i analiza ewolucyjnych konsekwencji modelu rozmnażania u wątrobowców liściastych z rodziny *Calypogeiaceae* – K. Susek (współpraca w ramach projektu NCN OPUS).
- Realizacja Programu Wieloletniego – W. Świącicki z Zespołem.

Uniwersytet Warszawski

- Przygotowanie konstrukcji promotor::timer-GFP do projektu molekularne mechanizmy gromadzenia cynku w "komórkach akumulujących" mezofilu – R. Malinowski, P. Walerowski (współpraca w ramach projektu NCN HARMONIA).

Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie

- Wpływ niedoboru wody na wybrane cechy siewek jęczmienia jarego rosnących przy różnym natężeniu promieniowania fotosyntetycznie czynnego – A. Kuczyńska.

Wielkoposkie Centrum Zaawansowanych Technologii

- Otrzymywanie superparamagnetycznych bionanocząstek typu rdzeń/otoczka na przykładzie tlenku żelaza i HBcAg, złożone wnioski grantowe do NCN OPUS 13 I OPUS14 – T. Pniewski, M. Pyrski.

Wyjazdy krótkoterminowe

dr hab. K. Krystkowiak, Instytut Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk w Poananiu, Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin, 09.01 – 17.02 i 08.05 – 16.06.2017 r. Osoba przyjmująca prof. P. Bednarek.

mgr M. Urbaniak, Instytut Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk w Poananiu, 17.11 – 15.12.2017 r. Szkolenie z zakresu klonowania molekularnego pod kierunkiem dr Anny Urbanowicz.

dr J. Lalak-Kańczugowska, Instytut Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk w Poananiu, 17.11 – 15.12.2017 r. Szkolenie z zakresu klonowania molekularnego pod kierunkiem dr Anny Urbanowicz.

mgr A. Durska, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski, Olsztyn, 13 – 16.02.2017 r. Osoba przyjmująca: W. Pluskota. Reakcja Real-Time PCR – optymalizacja reakcji dla odmian grochu różniących się poziomem oligosacharydów.

mgr A. Durska, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski, Olsztyn, 16 – 19.05.2017 r., Osoba przyjmująca W. Pluskota. Izolacja RNA z nasion grochu.

mgr M. Majka, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie, 16.10.2017 – 27.10.2017 r. Osoba przyjmująca: P. Czembor. Doskonalenie genetyczne pszenżyta poprzez krzyżowania oddalone z formami amfiploidalnymi *Aegilops tauschii* × *Secale cereale* w celu przeniesienia genów odporności na rdzę brunatną; inokulacja roślin mieszańcowych oraz obserwacja porażenia przez rdzę brunatną.

WSPÓŁPRACA Z ZAGRANICĄ

Współpraca bezpośrednia IGR PAN z partnerami zagranicznymi

Prowadzona w ramach umów

Kraj	Partner	Nazwa dokumentu	Okres obowiązywania
Australia	Western Australian Agriculture Authority, South Perth	Genetic Material Transfer Agreement	20.12.2012 r. – 31.12.2017 r.
Chiny	Crops Research Institute Anhui Academy of Agricultural Sciences, Hefei	Memorandum of Understanding	10.11.2016 r.- 9.11.2020 r.
Finlandia	University of Helsinki	Memorandum of Understanding	30.04.2015 r.– 29.04.2020 r.
Republika Czeska	Institute of Experimental Botany of the Academy of Sciences of the Czech Republic	Memorandum of Understanding	01.01.2016 r.– 31.12.2018 r.
Wielka Brytania	Aberystwyth University	Memorandum of Understanding	01.11.2014 r. – 31.09.2017 r.
Wielka Brytania	Aberystwyth University	Material Transfer Agreement	05.05.2014 r.– 04.05.2019 r.

Umowy i porozumienia o bilateralnej międzynarodowej współpracy naukowej zawarte przez IGR PAN

Aberystwyth University, Aberystwyth, Wielka Brytania; Porozumienie o współpracy naukowej (Memorandum of Understanding); od 01 listopada 2014 r. (przez okres 3 lat), Z. Zwierzykowski, T. Książczyk/Zespół Fizjologii Molekularnej i Cytogenetyki Roślin/Zakład Biologii Stresów Środowiskowych; cele i charakter współpracy: wymiana pracowników naukowych i doktorantów, wyprowadzanie i wymiana materiałów roślinnych do wspólnych badań, wspólne publikacje naukowe i doniesienia konferencyjne; w ramach współpracy prowadzonej przez Zespół Fizjologii Molekularnej i Cytogenetyki Roślin – udział w konsorcjum prowadzącym badania wartości rolniczej europejskich odmian *Festulolium*.

Institute of Experimental Botany, Ołomuniec, Republika Czeska; Porozumienie o współpracy naukowej (Memorandum of Understanding); od dnia 01 stycznia 2016 r. (przez okres 3 lat), Z. Zwierzykowski, T. Książczyk/Zespół Fizjologii Molekularnej i Cytogenetyki Roślin/Zakład Biologii Stresów Środowiskowych; cele i charakter współpracy: wymiana pracowników naukowych i doktorantów, wyprowadzanie i wymiana materiałów roślinnych do wspólnych badań, wspólne publikacje naukowe i doniesienia konferencyjne; w ramach współpracy prowadzonej przez Zespół Fizjologii Molekularnej i Cytogenetyki Roślin – badania cytogenetyczne nad mieszańcami traw kompleksu *Lolium-Festuca*, udział w konsorcjum prowadzącym badania wartości rolniczej europejskich odmian *Festulolium*.

ITQB-NOVA, Oeiras, Portugal, Programme for Cooperation in Science between Portugal and Poland (2017/2018), Cell wall remodelling under stress conditions in *Medicago truncatula*, 01.01.2017 r. – 31.12.2018 r., J.Paiva, K. Stefanowicz, M. Olszak, C. Gomes.

Western Australian Agriculture Authority, South Perth, Australia - Genetic Material Transfer Agreement, 20.12.2012 r. – 19.12.2015 r., przedłużona do 31.12.2017 r.; B. Naganowska, dotyczy otrzymania materiałów roślinnych (populacja mapująca *Lupinus albus*).

Prowadzona bez formalnych umów

Aberystwyth University, Aberystwyth, Wielka Brytania, John-Clifton Brown. Terravesta Ltd, Lincoln, Wielka Brytania, Michał Mos / S. Jeżowski. Publikacje: GCB Bioenergy 2017, 9:6-17; Front Plant Sci 2017, 8: 726.

Agroväst Livsmedel AB, Skåra, Szwecja; T. Borjesson / M. Jędryczka. Wymiana osobowa: przyjazd do IGR, wspólny projekt naukowy poświęcony DSS *Fusarium*.

Altri Florestal, SA, Olho-Marinho, Portugalia, L. Leal / J. Paiva, genetyka i depresja wosbna u rodzaju *Eucalyptus*, wspólny projekt.

CEA, DSV, IBEB, Lab Ecophysiol Molecul Plantem; CNRS, UMR 7265 Biol Veget & Microbiol Environ; Aix-Marseille Universite, Saint-Paul-lez-Durance, Francja; R. Pascal/ T. Rorat, A. Kiełbowicz-Matuk; analiza funkcjonalna białek SsBBX24 i StZPR1 u gatunków rodzaju *Solanum* w cyklu okołodobowym podczas wzrostu i rozwoju oraz w odpowiedzi na działanie czynników stresowych; dwie publikacje w czasopismach z listy JCR (2016 r. i 2017 r.).

Centro di Ricerca per le Produzioni Foraggere e Lattiero-Casearie (CREA-FLC), Lodi, Włochy, P. Annicchiarico, B. Ferrari / M. Książkiewicz, S. Rychel, M. Tomaszewska, B. Naganowska, B. Wolko; Konstrukcja mapy genetycznej łubinu białego. Publikacja: Scientific Reports 2017, 7: 15335.

Czech University of Life Sciences Prague, Department of Plant Protection, Republika Czeska; P. Ryšánek, V. Ricařova / M. Jędrzycka. Przygotowanie wspólnego projektu BrassClub, publikacja (EJPP 2016).

Department of Agriculture and Food Western Australia, Australia, H. Yang/ M. Książkiewicz, S. Rychel, M. Tomaszewska, B. Naganowska, B. Wolko; Konstrukcja mapy genetycznej łubinu białego. Analiza genetycznych i molekularnych podstaw odporności na antraknozę u łubinu białego. Publikacja: Scientific Reports 2017, 7: 15335

Freie University of Berlin, Dahlem Centre of Plant Sciences, Department of Biology, Chemistry and Pharmacy, Berlin, Niemcy; E. Diederichsen / M. Jędrzycka. Wizyta w Freie University of Berlin, współpraca nieformalna w zakresie badań nad chorobami rzepaku.

GenXPro GmbH, Niemcy, P. Winter / M. Książkiewicz, B. Wolko; NCBiR: „Sekwencjonowanie nowej generacji i mapowanie asocjacyjne jako metody generowania markerów molekularnych cech użytkowych łubinu wąskolistnego” SEGENMAS NCN; SONATA 9, „Profilowanie transkryptomu łubinu wąskolistnego podczas interakcji roślina-patogen: poznanie molekularnych i genetycznych podstaw odporności na grzyby patogeniczne: *Colletotrichum lupini* i *Diaporthe toxica*”, kierownik M. Książkiewicz.

INRA-BIOGECO, Cestas, Francja, C. Plomion / J. Paiva, ewolucja roślin, wspólna publikacja Leroy i in., 2017 r.

Institut National de la Recherche Agronomique (INRA), Unité de Recherche Pluridisciplinaire Prairies et Plantes Fourragères, Lusignan, Francja; M. Ghesquière/ Z. Zwierzykowski; poprawianie tolerancji traw pastewnych na stropy abiotyczne; monografia naukowa (2016 r.) i doniesienie konferencyjne (2017 r.).

Institute of Biological and Health Sciences, Department of Pharmaceutical Sciences of the Federal Rural University of Rio de Janeiro, Brazylia; D. Chaves/ P. Kachlicki. Współpraca w zakresie metabolomiki roślin zielarskich.

Institute of Experimental Botany of the Academy of Sciences of the Czech Republic, Centre of Structural and Functional Genomics, Ołomuniec, Republika Czeska; D. Kopecký, J. Doležel/Z. Zwierzykowski, A. Kosmala, T. Książczyk, J. Majka; badania cytogenetyczne związane z identyfikacją chromosomów *Festuca pratensis* przy wykorzystaniu metody BAC-FISH; dwie publikacje w czasopismach z listy JCR (2016 r. i 2017 r.); wizyta Z. Zwierzykowskiego i T. Książczyka w Ołomuńcu (2016 r.); wizyta D. Kopecký'ego w IGR PAN (30.11.2017 r.) – wykład.

Institute of Science and the Environment, University of Worcester, Wielka Brytania; Robert J. Herbert / M. Jędrzycka. Monitoring aerobiologiczny, wspólna publikacja w International Journal of Biometeorology)

ITQB-NOVA and IBET , Oeiras, Portugalia, P. Salema and S. Araujo and S. Duque/ J Paiva, regulacja rozwoju drewna genomika roślin bobowatych, wspólny project i współpraca bilateralna.

Julius Kühn-Institut (JKI), Federal Research Centre for Cultivated Plants, Quedlinburg, Niemcy, F. Ordon i A. Serlfing / M. Majka. Badania nad odpornością mieszańców oddalonych na rdzę brunatną (w ramach projektu „Doskonalenie genetyczne pszenżyta poprzez krzyżowania oddalone z formami amfiploidalnymi *Aegilops tauschii* × *Secale cereale* w celu przeniesienia genów odporności na rdzę brunatną), publikacja w przygotowaniu.

Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Production, Gatersleben, Niemcy, A. Börner / W. Rybiński; Ocena zmienności fenotypowej i genetycznej materiałów kolekcyjnych gatunków z rodzaju *Lathyrus*, *Vicia*, *Cicer* i *Lens* w ramach współpracy; pozyskanie nowych obiektów kolekcyjnych marginalnych roślin strączkowych. Prace w Genetic Resources and Crop Evolution opublikowane w 2015 r.

Lithuanian Research Center for Agriculture and Forestry, Litwa; S. Suproniene, R. Semaškiene / M. Jędrzycka. Wymiana osobowa: przyjazd do IGR, wspólny projekt naukowy, złożenie wspólnej publikacji.

LRSV, Toulouse, Francja, J. Grima-Pettenatti / J. Paiva, molekularna regulacja tworzenia merystemów wtórnych, konsultant projektu PurpleWalls.

Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Golm, Niemcy; L. Willmitzer / A. Kosmala, D. Perlikowski; analiza ilościowa i jakościowa glicerolipidów i metabolitów pierwotnych u traw kompleksu *Lolium-Festuca* w warunkach stresu deficytu wody; publikacja w czasopiśmie z listy JCR (2016); wizyta D. Perlikowskiego w IPK, Golm (31.10 – 11.11.2016 r.).

Natural Capital and Plant Health, Royal Botanic Gardens Kew, Wakehurst Place, Ardingly, West Sussex, UK; M. Nelson / M. Kroc; Identyfikacja genów zaaranżowanych w syntezę alkaloidów u łubinów.

Natural Capital and Plant Health, Royal Botanic Gardens Kew, Wakehurst Place, Ardingly, West Sussex, UK, M. Nelson / M. Książkiewicz, S. Rychel, M. Tomaszewska, B. Naganowska, B. Wolko; Badania struktury genu *FT*, odpowiedzialnego za wczesność kwitnienia u *L. angustifolius*. Konstrukcja mapy genetycznej łubinu białego, analiza molekularnych podstaw wczesności kwitnienia łubinu białego. Publikacje: BMC Genomics (2016 r.) 17:820. Scientific Reports (2017 r.) 7: 15335.

Natural Capital and Plant Health, Royal Botanic Gardens Kew, Wakehurst Place, Ardingly, West Sussex, UK, M. Nelson / K. Susek; Mechanizmy leżące u podstaw ewolucji genomów roślinnych, dywersyfikacji i specjacji. Projekt NCN; HARMONIA 7 nr 2016/M/NZ2/00422.

Norwegian Veterinary Institute, Oslo, Norwegia; S. Uhlig / Ł. Stępień. Identyfikacja cyklicznych peptydów syntetyzowanych przez grzyby patogeniczne; projekt bilateralny nieformalny; staż naukowy mgr inż. Moniki Urbaniak w 2016 r.

Oxford e-Research Centre, University of Oxford, Oxford, Wielka Brytania; S.A. Sansone, P. Rocca-Serra / P. Krajewski, H. Ćwiek-Kupczyńska; „Semantic modeling of linear mixed model analysis”; wymiana osobowa, publikacja w przygotowaniu.

Plant Protection Institute, Riga, Łotwa; J. Jaško, E.A. Brauna / M. Jędrzycka. Wymiana osobowa: przyjazd do IGR, wspólny projekt naukowy poświęcony DSS Fusarium.

- Rothamsted Research, Wielka Brytania;** M. Sadys / M. Jędrzycka. Monitoring aerobiologiczny, wspólne publikacje.
- Scottish Rural University College, Crop Protection, Crop and Soil Systems, Wielka Brytania;** M. Hocart, A. MacLaren / prof. dr hab. M. Jędrzycka. Wizyta i 2 wykłady w IGR PAN.
- Technical University, Madryt, Hiszpania;** D. Palmero / Ł. Stępień. Analiza patogenicznych grzybów *Fusarium* infekujących czosnek *Allium sativum*; projekt bilateralny nieformalny; publikacja w 2017 r.
- The Biodiversity, Rzym** / W. Świącicki. Realizacja europejskiego programu ochrony zasobów genowych (ECP/GR). Opracowanie europejskiej bazy danych zasobów genowych łubinów.
- The Food Analysis and Food Technology Laboratory of the Department of Agricultural and Food Sciences (DISTAL) of the Alma Mater Studiorum-Universita di Bologna, Włochy.** Maria Teresa Rodriguez-Estrada, Vladimiro Cardenia / Anetta Kuczyńska; Lipidome profiling of barley leaves exposed to multiple abiotic stresses – wspólny projekt badawczy, wymiana osobowa.
- The Pisum Genetics Association, North Dakota University, Fargo, USA,** K. McPhee/W. Świącicki; Publikacje, koordynacja terminologii z zakresu genetyki *Pisum*.
- Università Politecnica delle Marche UNIVPM, Ancona, Włochy,** Roberto Papa/K. Susek; Złożenie projektu Fundacji na Rzecz Nauki Polskiej; FIRST TEAM 4: “Revealing genetic and epigenetic mechanisms underlying seed size variation in lupins to understand evolutionary processes during domestication”. Złożenie projektu: Call for applications for Visiting Scientists Academic year 2017/2018.
- University of Aberystwyth, Institute of Biological, Environmental and Rural Sciences (IBERS), Aberystwyth, Wielka Brytania,** G. Jenkins i D. Phillips / M. Kwiatek. Analiza występowania białek kompleksu synaptycznego występującego w mejozie komórek macierzystych pyłku roślin mieszańcowych *Aegilops-żyto* i *Aegilops-pszenżyto*, publikacja w przygotowaniu.
- University of Georgia, USA,** Robert J. Schmitz / K. Susek; Publikacja: PlosOne doi.org/10.1371/journal.pone.0179821.
- University of Georgia, USA,** S. A. Jackson / K. Susek; Mechanizmy leżące u podstaw ewolucji genomów roślinnych, dywersyfikacji i specjacji. Projekt NCN; HARMONIA. Złożenie projektu Fundacji na Rzecz Nauki Polskiej; FIRST TEAM 4: “Revealing genetic and epigenetic mechanisms underlying seed size variation in lupins to understand evolutionary processes during domestication”.
- University of Girona, Girona, Hiszpania,** Mercé Figueras / dr J Paiva, molekularna regulacja tworzenia merystemów wtórnych, publikacja Boher i in., 2017 r.
- University of Nebraska-Lincoln, Tala Awada, Rajib Saha, USA.** T. Pniewski; Developing novel *Miscanthus* × *giganteus* biomass with reduced recalcitrance and increased abiotic stress tolerance for sustainable production of biofuels and biochemical in marginal environments. Projekt złożony do DOE, USA.
- University of Orleans, Orleans, Francja,** S. Maury / J. Paiva, epigenetyka u roślin, consultant projektu PurpleWalls.

University of Pavia, Pavia, Włochy, Alma Balestrazzi / J. Paiva, epigenetics; rozdział książki Araújo et al. 2017 oraz wykład na zaproszenie: promotor pomocniczy pracy magisterskiej Carla Gualtieri.

University of Zurich, Szwajcaria, C. E. Hughes / K. Susek; Mechanizmy leżące u podstaw ewolucji genomów roślinnych, dywersyfikacji i specjacji. Projekt NCN; HARMONIA 7 nr 2016/M/NZ2/00422.

Uczestnictwo w międzynarodowych organizacjach naukowych

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk jest członkiem zbiorowym European Association for Research on Plant Breeding (EUCARPIA). Osoby reprezentujące IGR PAN: prof. dr hab. W. Święcicki, prof. dr hab. B. Wolko, prof. dr hab. H. Wiśniewska, prof. dr hab. M. Surma, prof. dr hab. P. Krajewski, prof. dr hab. Z. Zwierzykowski, prof. dr hab. A. Górny, prof. dr hab. M. Jędrzycka, prof. dr hab. T. Adamski, dr J. Kaczmarek.

Wymiana osobowa

Wizyty gości zagranicznych

Thomas Börjesson, Agroväst Livsmedel AB, Skåra, Szwecja. 19 – 21.09.2017 r.; osoba przyjmująca: prof. dr hab. M Jędrzycka, Cel przyjazdu: współpraca w ramach Projektu Bałtyckiego „DSS *Fusarium*” nr. 10230/2017.

Douglas Chaves; Institute of Biological and Health Sciences, Department of Pharmaceutical Sciences of the Federal Rural University of Rio de Janeiro, Brazylia. Osoba przyjmująca: prof. dr hab. P. Kachlicki. Współpraca w zakresie metabolomiki roślin zielarskich.

Jánis Jaško, Elina Anna Brauna, Plant Protection Institute, Riga, Łotwa. 19 – 21.09.2017 r.; osoba przyjmująca: prof. dr hab. M Jędrzycka, Cel przyjazdu: współpraca w ramach Projektu Bałtyckiego „DSS *Fusarium*” nr. 10230/2017, przygotowanie wspólnego projektu.

Paul Kersey, EMBL-EBI, Hinxton, UK. 30.03.2017 r. Osoba przyjmująca – R. Malinowski. Cel przyjazdu: wykład *pt.* “Quality in an Age of Change: Reference Resources and Big Data” w ramach projektu BIO-TALENT.

David Kopecký; Institute of Experimental Botany of the Academy of Sciences of the Czech Republic, Centre of Structural and Functional Genomics, Ołomuniec, Republika Czeska – 30.11.2017 r. Osoba przyjmująca – prof. dr hab. Z. Zwierzykowski; wykład: “Happy marriage or tough competition? A lecture on the evolution of plant allopolyploids”.

Gertrud Lohaus University of Wuppertal, Niemcy. 11 – 13.05.2017 r. Osoba przyjmująca – dr hab. R. Malinowski. Cel przyjazdu: wykład *pt.* “Apoplastic and symplastic phloem loading in tree leaves” w ramach projektu BIO-TALENT oraz nawiązanie współpracy w ramach projektu NCN; OPUS 11 „Rola transportu floemowego w adaptacji grochu do warunków niedoboru wody” kierowanego przez dr. hab. Roberta Malinowskiego.

Hans-Peter Mock, Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) Gatersleben, Niemcy. Osoba przyjmująca: prof. dr hab. P. Kachlicki. Współpraca w zakresie metabolomiki jęczmienia.

Abou Alezz Monah Università degli Studi di Pavia, Włochy. 01.08.2017 r. – pobyt 3-miesięczny. Osoba przyjmująca – dr J. Paiva. Cel przyjazdu: staż w ramach projektu ERASMUS, Praca dotyczyła analizy ekspresji genów *Salix purpurea* oraz badań biometrycznych w populacji polowej tego gatunku.

Hadi Quesneville, Unité de Recherches en Génomique-Info, INRA Versailles, Francja. 29.05.2017 r., Osoba przyjmująca – dr hab. R. Malinowski. Cel przyjazdu: wykład *pt.* "Plant E-Infrastructures: WheatIS & French Elixir node" w ramach projektu BIO-TALENT.

Björn Roter GenXPro, Frankfurt, Niemcy. Osoba przyjmująca – dr hab. R. Malinowski. Cel przyjazdu: wykład *pt.* "Massive Analyses of cDNA Ends for simultaneous gene expression profiling and genotyping" w ramach projektu BIO-TALENT.

Skaidrė Suproniene, Roma Semaškiene, Lithuanian Research Center for Agriculture and Forestry, Litwa – 19-21.09.2017 r.; osoba przyjmująca: prof. dr hab. M. Jędryczka, Cel przyjazdu: współpraca w ramach Projektu Bałtyckiego „DSS *Fusarium*” nr. 10230/2017 oraz złożenie wspólnej publikacji.

Cyril Zipfel The Sainsbury Laboratory, Norwich, UK. 16 – 17.10.2017 r. Osoba przyjmująca – Malinowski R. Cel przyjazdu: wykład *pt.* "Regulation of plant receptor kinase-mediated immunity" w ramach projektu BIO-TALENT.

Wyjazdy krótkoterminowe

prof. dr hab. M. Jędryczka: Drezno, Berlin, Niemcy – przygotowanie projektu naukowego w ramach H2020 – omówienie założeń projektu i wstępne plany.

prof. dr hab. P. Krajewski, Wageningen University, Holandia. 13 – 24.11.2017 r., Osoby przyjmujące: prof. Gerco Angenent, prof. Richard Immink, prof. Fred van Eeuwijk. Celem pobytu była realizacja zadań wynikających z harmonogramu wspólnych projektów badawczych (Flowplast, EPPN2020).

dr M. Khodaeiaminjan, German Network for Bioinformatics Infrastructure (de.NBI) w Centrum Biotechnologii (CeBiTec) Uniwersytetu w Bielefeld, Niemcy. 22 – 24.11.2017 r. Nauka sekwencjonowania i analizy danych z wykorzystaniem techniki „Nanopore sequencing” <https://www.denbi.de/22-training-cat/training-courses/405-nanopore>.

dr M. Khodaeiaminjan, The Gulbenkian Training Programme in Bioinformatics, Instituto Gulbenkian de Ciência, Oeiras, Portugalia. 06 – 10 listopada 2017 r. Kurs bioinformatyki.

dr G. Koczyk, Center for Applied Intelligent Systems Research, School of Information Technology, Halmstad University, Halmstad, Szwecja. 05 – 08.03.2017 r. Osoby zapraszające: Prof. Antanas Verikas/dr Sławomir Nowaczyk – wykłady na zaproszenie, nawiązanie współpracy w zakresie wykorzystania technik maszynowego uczenia się i inteligentnych systemów kategoryzacji danych biologicznych z zakresu genomiki i transkryptomiki.

- dr hab. A. Kuczyńska, The Food Analysis and Food Technology Laboratory of the Department of Agricultural and Food Sciences (DISTAL) of the Alma Mater Studiorum-Universita di Bologna, Bolonia, Włochy.** 18.06 – 16.09. 2017 r. Osoby przyjmujące: Maria Teresa Rodriguez-Estrada, Vladimiro Cardenia. Cel: Jakościowo-ilościowe oznaczenie zawartości lipidów w wybranych liniach jęczmienia poddanych działaniu różnych stresów abiotycznych.
- dr hab. R. Malinowski, Leibnitz Institute of Plant Genetics – IPK, Gatersleben, Niemcy.** 23 – 27.10.2017 r. Osoba przyjmująca: prof. Ljudmilly Borysjuk. Nawiązanie współpracy z laboratorium w zakresie nowoczesnych technik wizualizacji metabolomu roślin *in planta* oraz wspólne przygotowanie i rozpoczęcie eksperymentów dotyczących infekcji roślin przez *P. brassicae*.
- dr K. Mikołajczak, The Food Analysis and Food Technology Laboratory of the Department of Agricultural and Food Sciences (DISTAL) of the Alma Mater Studiorum-Universita di Bologna, Bolonia, Włochy.** 18.06 – 16.09. 2017 r. Osoby przyjmujące: Maria Teresa Rodriguez-Estrada, Vladimiro Cardenia. Cel: Jakościowo-ilościowe oznaczenie zawartości lipidów w wybranych liniach jęczmienia poddanych działaniu różnych stresów abiotycznych.
- dr J. Paiva, ITQB-NOVA, Portugalia,** 17 – 18.03.2017 r. Uczestnictwo w komisji oceniającej rozprawę pracy doktorskiej z zakresu biologii i genetyki molekularnej zatytułowanej “Genomic approaches to understand the genetic response to *Phytophthora cinnamomi* Rands in *Castanea* spp.” Pani Carmen Santos.
- dr J. Paiva, University of Girona, Hiszpania,** 06 – 07.02.2017 r. Członek komisji oceniającej rozprawę pracy doktorskiej Pau Boher Genís z zakresu biologii molekularnej.
- dr J. Paiva, Workshop “Poland –Portugal Cooperation on Cell Wall remodelling and under stress conditions in *Medicago truncatula*” - ITQB-NOVA, Oeiras, Portugalia,** 14 – 30 czerwca 2017 r. Uczestnictwo i kierowanie warsztatem “Old and new genetic engineering techniques to scope with environmental challenges” prowadzonym pod auspicjami projektu bilateralnego.
- dr K. Susek, Università Politecnica delle Marche UNIVPM, Ancona, Włochy.** 20 – 23.04.2017 r. Osoba przyjmująca: prof. R. Papa. Cel: Nawiązanie współpracy naukowej.
- mgr F. Bakro, 3rd Prague Autumn School - NGS Data Analysis/the Institute of Molecular Genetics, Praga, Czechy.** 09 – 13.10.2017 r. Kurs dotyczył nauki sekwencjonowania NGS oraz bioinformatycznej obróbki danych.
- mgr S. Blicharz, Molekulare Pflanzenforschung/Pflanzenbiochemie (Botanik) Bergische Universität Wuppertal, Niemcy.** 01 – 11.04.2017 r. Osoba przyjmująca: prof. Gertrud Lohaus. Cel: Nauka metody stylektomii i jej wykorzystania do pobierania prb soku floemowego z roślin grochu.
- mgr W. Bielski, Institute of Experimental Botany AS CR Olomouc, Republika Czeska.** 14 – 15.09.2017 r. Osoba przyjmująca prof. J. Doležel. Cel: Ustalenie strategii mającej na celu zsekwencjonowanie wybranego chromosomu dzikiego gatunku łubinu: *Lupinus cosentinii*.
- mgr H. Ćwiek-Kupczyńska, Oxford e-Research Centre, University of Oxford, Oxford, Wielka Brytania.** 28.10 – 21.12.2017 r. Osoby przyjmujące: S.A. Sansone.

Współpraca w zakresie modelowania wyników analizy danych za pomocą liniowych modeli mieszanych i rozwijania ontologii terminów statystycznych STATO.

mgr H. Ćwiek-Kupczyńska, UMR MISTEA, Montpellier, Francja. STSM COST FA1306. 12.02 – 04.03.2017 r. Osoba przyjmująca P. Neveu. Współpraca w zakresie modelowania wyników fenotypowania roślin i przygotowanie realizacji wspólnego projektu badawczego (EPPN2020).

mgr A. Durska, Photon System Instruments Company, Brno, Czechy. 15 – 29.10.2017 r. Osoba przyjmująca: Martin Trtilek. Cel: Nauka nowoczesnych technik fenotypowania roślin (jęczmień).

mgr C. Gomes, Laboratorium José Carlos Lab, Institute of Agronomy, University of Lisbon, Lizbona, Portugalia. 06.02 – 03.03.2017 r. Analiza i charakteryzacja zawartości lignin we wtórnej ścianie komórkowej z wykorzystaniem techniki wysokorozdzielczej spektroskopii w podczerwieni.

mgr C. Gomes, Workshop “Poland –Portugal Cooperation on Cell Wall remodelling and under stress conditions in *Medicago truncatula*” - ITQB-NOVA, Oeiras, Portugalia. 26.06 – 07.07.2017 r. Warsztaty dotyczące transformacji roślin strączkowych prowadzonym pod auspicjami projektu bilateralnego.

mgr M. Kempa, Photon System Instruments Company, Brno, Czechy. 15 – 29.10.2017 r. Osoba przyjmująca: Martin Trtilek. Cel: Fenotypowanie wybranych genotypów jęczmienia jarego na platformie do fenotypowania roślin wyposażonej w najnowsze urządzenia służące do ciągłego, nieinwazyjnego mierzenia parametrów części nadziemnej roślin.

mgr J. C. Ochoa, German Network for Bioinformatics Infrastructure (de.NBI) w Centrum Biotechnologii (CeBiTec) Uniwersytetu w Bielefeld, Niemcy. 22 – 24.11.2017 r. Nauka sekwencjonowania i analizy danych z wykorzystaniem techniki „Nanopore sequencing” <https://www.denbi.de/22-training-cat/training-courses/405-nanopore>.

mgr inż. P. Walerowski, Leibnitz Institute of Plant Genetics – IPK, Gatersleben, Niemcy. 23 – 27.10.2017 r. Osoba przyjmująca: prof. Ljudmilly Borysjuk. Nawiązanie współpracy z laboratorium w zakresie nowoczesnych technik wizualizacji metabolomu roślin *in planta* oraz wspólne przygotowanie i rozpoczęcie eksperymentów dotyczących infekcji roślin przez *P. brassicae*.

Wyjazdy długoterminowe

dr hab. K. Głowacka – University of Illinois, Energy Biosciences Institute, Urbana-Champaign, USA. od 16.07.2011 r.

KONFERENCJE NAUKOWE – ORGANIZACJA I UDZIAŁ

Konferencje, warsztaty i seminaria zorganizowane przez IGR PAN

Noc Biologów, 13.01.2017 r.

Warsztaty i zajęcia laboratoryjne dla dzieci i młodzieży; koordynator i współprowadząca – dr Anna Stachowiak-Szrejbrowska, prowadzący mgr Anna Durska, mgr Michał Kempa, mgr Dariusz Kruszka, mgr inż. Piotr Plewiński, mgr Noor Ramzi, mgr Waldemar Ulaszewski, mgr inż. Natalia Witaszak.

BIO-TALENT Night, 13.01.2017 r.

Wykład i zajęcia z mikroskopem dla 50 osób z gimnazjum; koordynator - dr Anna Stachowiak-Szrejbrowska, prowadzący – adiunkci i asystenci z Zakładu Zintegrowanej Biologii Roślin.

„School of Biotechnology”, 22 – 23.02.2017 r.,

Warsztaty organizowane w celu prezentacji najnowszych technik laboratoryjnych wykorzystywanych w biotechnologii roślin.

- „Introduction to world of plantibodies”, prowadzący Marcus Sack (RWTH Aachen University).
- „Introduction to manipulation of gene expression in plants”, prowadzący dr hab. Robert Malinowski.
- „The Plant Cell Pack Method presentation”, prowadzący Marcus Sack (RWTH Aachen University).
- „Chemically Inducible Gene Expression in Plants presentation”, prowadzący dr hab. Robert Malinowski.
- „Genie, the rapid amplification method for bioassays”, prowadzący A. Burzyński (Novazyme).

XX Poznański Festiwal Nauki i Sztuki, 23 – 26.04.2017 r.

Prezentacje i zajęcia pokazowe w Ośrodku Nauki PAN w Poznaniu; Festiwal Nauki i Sztuki organizowany jest przez poznański oddział PAN w Centrum Kongresowym przy ul. Wieniawskiego, a działania ze strony IGR PAN koordynowane są przez dr. hab. Karolinę Krystkowiak z Zakładu Biotechnologii, współprowadzący – doktoranci IGR PAN.

Biologia roślin użytkowych, 09 – 13.05.2017 r.

Warsztaty dla wstudentów Wydziału Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza; koordynator dr Anna Stachowiak-Szrejbrowska oraz dr hab. Arkadiusz Kosmala; prowadzący adiunkci, asystenci i doktoranci IGR PAN. Zajęcia realizowane w IGR PAN oraz na polu doświadczalnym w Cerekwicy (łącznie 4 dni).

BIO-TALENT Monday (BIOM)

- Warsztaty dnia 27.04.2017 r.

Wykład (dr Jorge Paiva), zajęcia praktyczne (izolacja DNA) oraz zwiedzanie Centrum Uprawy Roślin i szklarni dla I klasy International School of Poznań, ul. Taczanowskiego

18 (3 godz.); dr Anna Stachowiak-Szrejnbrowska, dr Jorge Paiva, mgr Carolina Gomes, mgr Magdalena Tomaszewska.

- Warsztaty dnia 20.11.2017 r.

Wykłady (A. Kempieńska, RK Selvakesavan), zajęcia praktyczne (izolacja DNA) oraz zwiedzanie Centrum Uprawy Roślin i szklarni dla klasy II Gimnazjum im. Jana Pawła II w Suchym Lesie (3 godz.); dr Anna Stachowiak-Szrejnbrowska, dr RK Selvakesavan, mgr Aleksandra Kempieńska, mgr Magdalena Tomaszewska.

- Warsztaty dnia 11.12.2017 r.

Wykłady "Rośliny idą na wojnę", zajęcia praktyczne (izolacja DNA) oraz zwiedzanie Centrum Uprawy Roślin i szklarni dla szklarni dla klasy IIb Gimnazjum w Zespole Szkół nr 1, ul. Lesnowolska, Poznań (3 godz.); dr hab. Robert Malinowski, dr Anna Stachowiak-Szrejnbrowska oraz mgr Magdalena Tomaszewska.

„Light and dissection microscopy workshop”, 04 – 05.12.2017 r.,

- „Introduction to light microscopy”, prowadzący Marcin Olszak.
- Zajęcia praktyczne, prowadzący Marcin Olszak, Karolina Stefanowicz.

BIO-TALENT Skills Presentations, 17.05.2017 r.

Zajęcia warsztatowe w laboratorium (3 godz.) dla 30 osób z I klasy gimnazjum; dr Jorge Paiva, mgr Carolina Gomes oraz dr Anna Stachowiak-Szrejnbrowska.

„Fascination Plant day”, 18.05.2017 r.

Zajęcia laboratoryjne i prezentacja prac z zakresu biologii molekularnej i genomiki roślin drzewiastych dla uczniów szkół podstawowych, prowadzący – doktoranci: Carolina Gomes, Dariusz Kruszka, Preeti Shakya, Fatema Bakro, Sara Blicharz, Soham Mukhopadhyay, Juan Camilo Ochoa and Marcin Olszak, koordynatorzy: dr Anna Stachowiak-Szrejnbrowska, dr Jorge Paiva.

„Projekt Naukowiec”, 18 – 19.10.2017 r.

Ogólnopolski projekt promujący pracę w nauce i zawód naukowca - prowadzenie zajęć warsztatowych dla uczestników (dr Karolina Stefanowicz, dr Anna Stachowiak-Szrejnbrowska, mgr Aleksandra Kempieńska).

National / international conference Bilateral Project Poland – Portugal Workshop on cytogenetics and LCM applied to legumes, 04 – 08.12.2017 r., prowadzący dr Jorge Paiva, dr Karolina Stefanowicz, dr Karolna Susek, mgr Marcin Olszak.

Doniesienia na konferencjach krajowych

Ćwiek-Kupczyńska H., Frohmberg W., **Krajewski P.** Minimum Information guidelines for harmonization of plant phenotyping data. 47th International Biometrical Colloquium, Kiry, 10 – 14 września 2017 r., s. 10 (*doniesienie ustne*).

Czepiel K., **Koczyk G.**, Święcicki W., Kroc M. Sekwencjonowanie transkryptomu łubinu białego (*Lupinus albus* L.), w celu identyfikacji genów zaangażowanych w biosyntezę

alkaloidów. Konferencja Polskiego Towarzystwa Łubinowego „Znaczenie łubinu dla bioróżnorodności”, Wrocław-Pawłowice, 24 – 25 kwietnia 2017 r., s.76 (*plakat*).

Koczyk G., Dawidziuk A., Popiel D., Wyrwa K. II Ogólnopolskie Sympozjum Mikrobiologiczne „Metagenomy różnych środowisk”, Lublin, 29 – 30 czerwca 2017 r., s. 17 (*wykład plenarny na zaproszenie*).

Krajewski P. Sawikowska A. Genome-metry: statistical methods in genome-level data analysis. 47th International Biometrical Colloquium, Kiry, 10 – 14 września 2017 r., s. 21 (*doniesienie ustne*).

Sawikowska A., Krajewski P., Piasecka A., Kachlicki P. A data analysis protocol for monitoring metabolomic changes in barley under drought stress. 47th International Biometrical Colloquium, Kiry, 10 – 14 września 2017 r., s. 33 (*doniesienie ustne*).

Adamski T., Surma M., Krystkowiak K., Kuczyńska A., Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Kaczmarek Z., Adamska E., Trzeciak R. Wpływ translokacji pszenno-żytnich na efektywność otrzymywania haploidów pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) poprzez krzyżowanie z kukurydzą. XI Sympozjum Genetyka Ilościowa Roślin Uprawnych, Świeradów Zdrój, 3 – 6 czerwca 2017 r., s. 11 (*doniesienie ustne*).

Jasińska D., Kuczyńska A., Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Ćwiek-Kupczyńska H., Anioła M., Rubrycki K., Mazur R. Charakterystyka fenotypowa i genotypowa rekombinacyjnych linii wsobnych jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.) w badaniach odporności na fusariozę kłosów. XI Sympozjum Genetyka Ilościowa Roślin Uprawnych, Świeradów Zdrój, 3 – 6 czerwca 2017 r., s. 21 (*doniesienie ustne*).

Surma M., Adamski T., Kaczmarek Z., Świącicki W.K., Kuczyńska A., Ogrodowicz P., Krystkowiak K., Mikołajczak K., Barzyk P. Analiza biometryczna rozwoju zarodków łubinu białego w kulturze *in vitro*. XI Sympozjum Genetyka Ilościowa Roślin Uprawnych, Świeradów Zdrój, 3 – 6 czerwca 2017 r., s. 41 (*doniesienie ustne*).

Kempa M., Kuczyńska A., Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Surma M., Adamski T., Ćwiek-Kupczyńska H. LTP2 protein detection in spring barley grains exposed to multiple abiotic stresses, Central European Congress of Life Sciences EUROBIOTECH, Kraków, 11 – 14 września 2017 r., s. 84 (*plakat*).

Basińska-Barczak A., Błaszczak L. (2017) *Trichoderma* – wheat (*Triticum aestivum* L.) interactions. 12th International Conference of Young Naturalists – „From Biotechnology to Environmental Protection”, 22 – 24 listopada 2017 r., Zielona Góra, s. 17 (*doniesienie ustne*).

Jędrzycka M., Kozłowska M. (2017) Odporność roślin na choroby – mechanizmy i możliwości ich wykorzystania w praktyce. Konferencja Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego Olsztyn, 12 – 15 września 2017 r. (*referat wiodący, wygłoszony na zaproszenie*).

Formela M., Olejnik P., Waśkiewicz A., Remlein-Starosta D., Urbaniak M., Stępień Ł., Karolewski Z., Morkunas I. (2017). The role of sugars in the mechanism of *Fusarium oxysporum* f.sp. *lupini* pathogenicity. 8th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology, 12 – 16 września 2017 r., Białystok, (*referat*).

Frać M., Bilińska-Wielgus N., Gryta A., Oszust K., Irzykowski W., Jędrzycka M., Piotrowska M. (2017). Bioróżnorodność grzybów termoopornych w glebie i owocach truskawki wybranych plantacji przemysłowych. Konferencja naukowa

„Bioróżnorodność środowiska – znaczenie, problemy, wyzwania”, IUNG, Puławy, 30-31.05.2017, str. 75 (plakat).

Górna K., Witaszak N., Waśkiewicz A., Stuper-Szablewska K., Perkowski J., Kachlicki P., Stępień Ł. (2017). Odmiany grochu o skrajnie różnej podatności na choroby grzybowe – akumulacja ergosterolu w nasionach i reakcja na infekcję przez *Fusarium proliferatum*. XIII Ogólnopolska Konferencja Naukowa „Nauka dla Hodowli i Nasiennictwa Roślin Uprawnych”, 30 stycznia – 3 lutego 2017 r., Zakopane, s. 167 (plakat).

Jędrzycka M., Niemann J. (2017). Przeniesienie odporności na *Plasmodiophora brassicae* z odpornych form kapusty pekińskiej do rzepaku. Konferencji Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego, Olsztyn, 12 – 15 września 2017 r. Streszczenia: s. 34 (plakat).

Kasprzycka A., **Lalak-Kańczugowska J.**, Gryt E. (2017). Metody obróbki celulozy ze słomy konopnej (*Cannabis sativa* L.). I Ogólnopolska Konferencja Naukowa „Biotechnologia – energia jutra”, Lublin, 19 – 20 października 2017 r., s. 31 (referat).

Kozłowska E., **Urbaniak M., Stępień Ł.**, Kancelista A., Dymarska M., Kostrzewa-Susłow E., Janeczko T. (2017). Biotransformacje DHEA w kulturach szczepów grzybów strzępkowych wyizolowanych z gleby terenu Wrocławia. Konferencja naukowa „Bioaktywne związki pochodzenia naturalnego”, Trzebnica, 23 – 24 stycznia 2017r., s. 56 (referat).

Kruszka D., Selvakesavan R., Kachlicki P., Franklin G. (2017) Modulation of secondary metabolism in *Arabidopsis thaliana* by silver nanoparticles and silver ion METABOLOMICS CIRCLE 2017, Wrocław, 17 – 18 listopada 2017 r. (plakat).

Olejnik P., Formela M., **Urbaniak M., Stępień Ł.**, Waśkiewicz A., Goliński P., Karolewski Z., Morkunas I. (2017). Udział sacharydów w regulacji aktywności hydrolitycznych enzymów produkowanych przez *Fusarium oxysporum* f. sp. *lupini*. Konferencja Krajowa Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego "Dziś i jutro fitopatologii", Olsztyn, 13 – 15 września 2017 r. (referat).

Piasecka A., Witaszak N., Kachlicki P. (2017) Zastosowanie metod bioinformatycznych w badaniu zmian metabolomu pod wpływem infekcji grzybowej zbóż. Konferencja krajowa „Naturalne substancje roślinne – aspekty strukturalne i aplikacyjne” Puławy, 06 – 08 września 2017 r. (referat).

Waśkiewicz A., Górnaś P., Czembor E., **Stępień Ł.** (2017). Wpływ infekcji wywołanej *Fusarium proliferatum* na poziom tokoferoli w ziarnie kukurydzy cukrowej. 60 Zjazd Naukowy PTChem, Wrocław, 17 – 21 września 2017 r., s. 1069 (plakat).

Barzyk P., **Święcicki W.** (2017). Ocena odporności na antraknozę (*Colletotrichum lupini*) wybranych kombinacji krzyżówkowych łubinu żółtego. Konferencja „Zasoby genowe roślin użytkowych na rzecz hodowli”, Kazimierz Dolny, 6 – 8 września 2017 r., s. 63 (plakat)

Czepiel K., Koczyk G., Święcicki W., Kroc M. (2017). Sekwencjonowanie transkryptomu łubinu białego (*Lupinus albus* L.), w celu identyfikacji genów zaangażowanych w biosyntezę alkaloidów. Konferencja Polskiego Towarzystwa Łubinowego „Znaczenie łubinu dla bioróżnorodności” Wrocław-Pawłowice, 24 – 25 kwietnia 2017 r., s. 76 (plakat).

Durska A., Gawłowska M., Święcicki W., Boros L., Wawer A. (2017). Identification of *Pisum sativum* L. genes differentially expressed in resistance reaction to *Didymella*

pinodes - preliminary results. 6th Central European Congress of Life Sciences EUROBIOTECH 2017, Kraków, 11 – 14 września 2017 r., s. 119 (*plakat*).

Górynowicz B., Święcicki W., Pilarczyk W., Mikulski W. Zależność plonu nasion i jego komponentów od parametrów fluorescencji chlorofilu. XI Sympozjum „Genetyka Ilościowa Roślin Uprawnych”, 06 – 09 czerwca 2017 r., Świeradów-Zdrój, Książka streszczeń, s.19 – 20 (*doniesienie ustne*).

Górynowicz B., Święcicki W., Pilarczyk W., Mikulski W. Zmienność parametrów fluorescencji chlorofilu u łubinu wąskolistnego. Konferencja Polskiego Towarzystwa Łubinowego „Znaczenie łubinu dla bioróżnorodności” Wrocław-Pawłowice, 24 – 25 kwietnia 2017 r., Abstrakty s. 79 (*plakat*).

Kozak B., **Książkiewicz M., Plewiński P., Rychel S., Naganowska B.,** Galek R. (2017) Integracja map łubinu wąskolistnego. Konferencja Polskiego Towarzystwa Łubinowego „Znaczenie łubinu dla bioróżnorodności”, Wrocław-Pawłowice, 24 – 25 kwietnia 2017 r., Abstrakty, s. 86-87 (*plakat*).

Książkiewicz M., Nazzicari N., Yang H., Nelson M., Renshaw D., **Rychel S.,** Ferrari B., Carelli M., **Tomaszewska M.,** Stawiński S., **Naganowska B., Wolko B.,** Annicchiarico P. Utworzenie konsensusowej mapy genetycznej łubinu białego i opracowanie markerów do selekcji molekularnej w kierunku wczesności kwitnienia i odporności na antraknozę. Konferencja Polskiego Towarzystwa Łubinowego „Znaczenie łubinu dla bioróżnorodności”, Wrocław-Pawłowice, 24 – 25 kwietnia 2017 r., Abstrakty, s. 61-62 (*doniesienie ustne*).

Naganowska B., Książkiewicz M., Susek K., Wolko B. Genomy łubinów i możliwości ich badania. Konferencja Polskiego Towarzystwa Łubinowego „Znaczenie łubinu dla bioróżnorodności”, Wrocław-Pawłowice, 24 – 25 kwietnia 2017 r., Abstrakty, s. 13-14 (*doniesienie ustne*).

Plewiński P., Rudy E., Bielski W., Rychel S., Książkiewicz M., Naganowska B., Wolko B. (2017) Genotypowanie łubinu wąskolistnego markerami sprzężonymi z cechami użytkowymi: termoneutralność, niepęknięcie strąków, miękka okrywa nasienna oraz odporność na antraknozę i brunatną plamistość łodyg. Konferencja Polskiego Towarzystwa Łubinowego „Znaczenie łubinu dla bioróżnorodności”, Wrocław-Pawłowice, 24 – 25 kwietnia 2017 r., Abstrakty s. 94-95 (*plakat*).

Rybiński W. Lędźwian siewny w krajowych zbiorach kolekcyjnych jako perspektywiczna roślina strączkowa. Sympozjum Naukowe – „Zasoby genowe roślin użytkowych na rzecz hodowli”, Kazimierz Dolny, 06 – 08 września 2017 r., Abstrakty, s. 23 (*doniesienie ustne*).

Rybiński W., Bańda M., Bocianowski J., Börner A., Starzycka-Korbas E., Starzycki M. (2017). Ocena cech plonotwórczych oraz składu chemicznego nasion u wybranych obiektów kolekcyjnych ciecierzycy (*Cicer arietinum* L.). XIII Ogólnopolska Konferencja Naukowa „Nauka dla hodowli i nasiennictwa roślin uprawnych”, Zakopane, 30 stycznia – 03 lutego 2017 r., Streszczenia Referatów i Posterów, s. 245 (*plakat*).

Rybiński W., Święcicki W., Barzyk P., Nawrot C., Bocianowski J. (2017). Ocena stopnia porażenia roślin przez antraknozę dla wybranych obiektów kolekcyjnych łubinu białego (*Lupinus albus* L.). Konferencja Polskiego Towarzystwa Łubinowego „Znaczenie łubinu dla bioróżnorodności”, Wrocław-Pawłowice, 24 – 25 kwietnia 2017 r., Streszczenia, s. 32 (*plakat*).

Święcicki W. Współczesne cele hodowli łubinów. Konferencja Polskiego Towarzystwa Łubinowego „Znaczenie łubinu dla bioróżnorodności”, Wrocław-Pawłowice, 24 – 25 kwietnia 2017 r., Abstrakty, s.11 (*doniesienie ustne*).

Święcicki W., Barzyk P. Krajowa kolekcja rodzaju *Lupinus* sp., *Pisum* sp. i *Ornithopus* sp. Sympozjum Naukowe – „Zasoby genowe roślin użytkowych na rzecz hodowli”, Kazimierz Dolny, 06 – 08 września 2017 r., Streszczenia, s. 21 (*doniesienie ustne*).

Zawieja B., Bocianowski J., **Rybiński W.**, Nowosad K. (2017). Ocena zróżnicowania gatunków kolekcyjnych lędźwianu (*Lathyrus* L.) pod względem cech mierzalnych. XIII Ogólnopolska Konferencja Naukowa „Nauka dla hodowli i nasiennictwa roślin uprawnych”, Zakopane, 30 stycznia – 03 lutego 2017 r., Streszczenia Referatów i Posterów, s. 117 (*plakat*).

Doniesienia na konferencjach międzynarodowych

Bakro F., Blicharz S., Malinowski R. (2017) Implementation of reverse genetics tools for improvement of pea cultivation in Poland. International Conference on Legume Genetics and Genomics, Siofok, Węgry, 18 – 22 września 2017 r. (*plakat*).

Ćwiek-Kupczyńska H., Frohberg W., Krajewski P. PlantPhenoDB – a data repository compliant with the guidelines for plant phenotypic data description. RDA 9th Plenary Meeting, Barcelona, Hiszpania, 5 – 7 kwietnia 2017 r, poster nr 37 (*plakat*).

Gawłowska M., Górny A., Ratajczak D., Niewiadomska A., Święcicki W., Beczek K., Durska A., Knopkiewicz M. (2017). Quantitative trait locus for nitrogen utilization efficiency in the recombinant *afila* lines of a mapping population of field pea (*Pisum sativum* L.). 20th International Congress on Nitrogen Fixation, Granada, Hiszpania, 03 – 07 września 2017 r., Proceedings 20th ICNF-Granada 2017, PAS8-P07, 277 (*plakat*).

Gawłowska M., Górny A., Ratajczak D., Niewiadomska A., Święcicki W., Beczek K., Durska A., Knopkiewicz M. (2017). Quantitative trait locus for nitrogen utilization efficiency in the recombinant *afila* lines of a mapping population of field pea (*Pisum sativum* L.). 20th International Congress on Nitrogen Fixation, Granada, Hiszpania, 03 – 07 września 2017 r., Proceedings 20th ICNF-Granada 2017, PAS8-P07, 277 (*plakat*).

Gomes C., Sulima P., Paiva J.A.P., “Identification and characterization of DNA methyltransferases and DNA demethylases in *Salix purpurea*, a model plant for bioenergy and phytopharmaceutical products”. IUFRO “125th Anniversary Congress 2017”, Freiburg, Niemcy, 18 – 22 czerwca 2017 r. (*doniesienie ustne*).

Górnyczyk B., Święcicki W., Pilarczyk W., Mikulski W. Correlation of seed yield and its components and chlorophyll fluorescence parameters in the narrow leafed lupin (*Lupinus angustifolius* L.). Joint Meeting of EUCARPIA Fodder Crops and Amenity Grasses and Protein Crops Working Group of Oil and Protein Crops Section „Breeding Grasses and protein crops in the era of genomics”, Wilno, Litwa, 11 – 14 września 2017 r., Book of Abstracts, s. 53 (*flash presentation*).

Jędrzycka M., Irzykowski W., Kaczmarek J., Ramzi N., Ornatowski S. (2017). Pathotypes of *Plasmodiophora brassicae* in Poland. 12th European Foundation for Plant Pathology (EFPP), Dunkirk, Francja; 29 maja – 02 czerwca 2017 r. Book of abstracts: s. 3 – 55. (*plakat*)

- Kasprowicz M., Ramzi N., Jedryczka M.** (2017). The sources of clubroot (*Plasmodiophora brassicae*) resistance at the Centre for Genetic Resources, NL. Abstract book IPFV, IOBC-WPRS, Wädenswil-Salenstein, 02 – 06 października 2017 r.
- Kasprzycka A., **Lalak-Kańczugowska J.**, Gryt E. (2017). Methods of obtaining cellulose from hemp straw (*Cannabis sativa* L.). 13th International Conference on Polysaccharides-Glycoscience, Praga, Czechy, 08 – 10 listopada 2017 r., s. 17 (*doniesienie ustne*).
- Kopecký D.**, Baert J., Barth S., Bartoš J., Černoch V., Doležel J., Grogan D., Harper J., Humphreys M., **Książczyk T.**, Østrem L., Paszkowski E., Sokolović D., **Zwierzykowski Z.**, Ghesquière M. Genotyping of Festulolium cultivars involved in EUCARPIA multi-site trial using DArT markers and GISH. Book of Abstracts of The Joint Meeting of Eucarpia Fodder Crops and Amenity Grasses Section and Protein Crops Working Group of Oil and Protein Crops Section: *Breeding Grasses and Protein Crops in The Era of Genomics*. 11-14 września 2017 r., Wilno, Litwa, s. 41, (*doniesienie ustne*).
- Kroc M., Koczyk G.**, Kamel K., Fedorowicz-Strońska O., Święcicki W. Identification of genes involved in the alkaloid biosynthesis pathway in narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.) on the basis of transcriptome sequencing; 8th International Conference on Legume Genetics and Genomics (ICLGG 2017) 18 – 22 września 2017 r., Siófok, Węgry. s. ICLGG2017/P/40 (*plakat*).
- Kroc M., Koczyk G., Kamel K.**, Fedorowicz-Strońska O., **Święcicki W.** (2017). Identification of genes involved in the alkaloid biosynthesis pathway in narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.) on the basis of transcriptome sequencing. 8th International Conference on Legume Genetics and Genomics (ICLGG), Siófok, Węgry, 18 – 22 września 2017, Book of abstracts ICLGG2017/P/40 (*plakat*).
- Książkiewicz M.**, Nazzicari N., Yang H., Nelson M.N., Renshaw D., **Rychel S.**, Ferrari B., Carelli M., **Tomaszewska M.**, Stawiński S., **Naganowska B., Wolko B.**, Annicchiarico P. (2017). A new high-density consensus linkage map of white lupin. International Conference „Advances in grain legume breeding, cultivation and uses for a more competitive value-chain. Novi Sad, Serbia, 27 – 28 września 2017 r., Book of Abstracts, 10 (*plakat*).
- Kuczyńska A., Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Surma M., Adamski T., Krajewski P., Ćwiek-Kupczyńska H.** Challenges in plant phenotyping in Poland, Plant Phenotyping Forum: integrating European plant phenotyping community supported by EMPHASIS, EPPN2020, ECOLCHANGE, Tartu, Estonia, 22 – 24 listopada 2017 r. (*wykład na zaproszenie*).
- Kwiatek M., Majka J., Majka M., Belter J., Wiśniewska H.** Constitution and transmission of chromosomes of distant hybrids obtained by intergeneric hybridizations between selected species of goat grasses (*Aegilops* spp.) and triticale (*×Triticosecale* Wittmack). Book of Abstracts of GPZ meeting of AG cytogenetics. ‘Chromosome biology and genome editing in the context of plant breeding’. 30-31 marca 2017 r., Gatersleben, Niemcy, s. 14 (*doniesienie ustne*).
- Malinowski R.** (2017) Developmental reprogramming of the host accompanying establishment of the successful biotrophy during *Plasmodiophora brassicae* infection. At the Forefront of Plant Research, Ghent, Belgium, 15 – 16 czerwca 2017 r. (*plakat*).

- Masajada K., Augustyniak A., Perlikowski D., Ratajczak D., Zwierzykowski W., Pawłowicz I., Kosmala A.** Physiological indicators of tolerance to soil water deficit in *Lolium multiflorum*/*Festuca arundinacea* introgression forms. Book of Abstracts of The Joint Meeting of Eucarpia Fodder Crops and Amenity Grasses Section and Protein Crops Working Group of Oil and Protein Crops Section: *Breeding Grasses and Protein Crops in The Era of Genomics*. 11-14 września 2017 r., Wilno, Litwa, s. 46 (*doniesienie ustne*).
- Ogrodowicz P., Surma M., Adamski T., Kaczmarek Z., Święcicki W. K., Stopyra P., Kuczyńska A., Krystkowiak K., Mikołajczak K.** Effects of temperature on growth during in vitro embryo culture of field bean (*Vicia faba* var. *minor* L.), EUCARPIA Meeting "Breeding Grasses and Protein crops in the Era of Genomics", Wilno, Litwa, 11 – 14 września 2017 r., s. 24 (*plakat*).
- Paiva A.J.P.,** José A, Carocha V, Fevereiro P, Araújo S. "Effect of 5-Azacytine and Hydroxyurea on seed germination and response of *Eucalyptus globulus* juvenile plants to water stress" (project EgoSelf, Portugal). IUFRO "125th Anniversary Congress 2017", Freiburg, Niemcy, 18 – 22 czerwca 2017 r. (*plakat*).
- Paiva J.A.P. ,** José A, Carocha V, Fevereiro P, Araújo S. 2017. "Effect of 5-Azacytine and Hydroxyurea on seed germination and response of *Eucalyptus globulus* juvenile plants to water stress". The IUFRO Tree biotechnology 2017, Concepción, Chile, 04 – 09 czerwca 2017 r. (*prezentacja ustna*).
- Pyrski M.,** Czyż M., Dembczyński R., Marecik R., Milczarek M., Pajtasz-Piasecka E., Wojas-Turek J., Wietrzyk J., **Pniewski T.** Oral booster vaccine against hepatitis B in form of low-dosed lyophilized plant tissue bearing SHBsAg VLPs. 4th European Biopharma Congress", *Pharmacology and Biopharmaceutics* 6 (4): 49, Wiedeń, Austria, 09 – 11 listopada 2017 r. (*doniesienie ustne*).
- Rybiński W., Kroc M., Święcicki W., Wilczura P., Kamel K., Barzyk P., Mikulski W.** (2017). EUCARPIA „Breeding grasses and protein crops in the era of genomics”, Wilno, Litwa, 11 – 14 września 2017 r., Book of Abstracts s.63 (*plakat*).
- Rychel S., Książkiewicz M., Wolko B., Nelson M.N.** (2017). Crosstalk between photoperiod and vernalization pathways - insight into genes involved in flowering induction in the narrow-leafed lupin. 8th International Conference on Legume Genetics and Genomics ICLGG 2017, 18 – 22 września 2017, Siófok, Hungary, Book of abstracts, ICLGG2017/P/49 (*plakat*).
- Stefanowicz K., Olszak M., Walerowski P., Malinowski R.** (2017) The importance of cell wall remodelling in host plant for the pathogenesis of *Plasmodiophora brassicae*. At the Forefront of Plant Research, Ghent, Belgium, 15 – 16 czerwca 2017 r. (*plakat*).
- Stępień Ł., Czembor E., Perczak A., Ciorga B., Waśkiewicz A.** (2017) Susceptibility of sweet corn genotypes on *Fusarium* spp. and biosynthesis their secondary metabolites. 12th European Foundation for Plant Pathology (EFPP) –10th French Society for Plant Pathology (SFP) Conference“, Dunkirk-Malo-les-Bains, Francja, 29 maja – 02 czerwca 2017r., s. 157 (*plakat*).
- Ślusarkiewicz-Jarzina A., Ponitka A., Ceraży-Waliszewska J., Wojciechowicz M.K., Sobańska K., Jeżowski S., Pniewski T.** Effective production of plantlets of *Miscanthus sinensis*, *M. × giganteus* and *M. sacchariflorus* for establishment of plantations. 9th Internationale *Miscanthus*-Tagung "Bioökonomische Anwendungs-

und Forschungsfelder bei *Miscanthus*." 20 – 21 listopada 2017 r., Rheinbach, Niemcy, s.117 – 118 (*plakat*).

Urbaniak M., Czembor E., Trzebny A., Stępień Ł. (2017) Gatunki *Fusarium* infekujące kukurydzę w sezonie 2015. XIII Ogólnopolska Konferencja Naukowa „Nauka dla Hodowli i Nasiennictwa Roślin Uprawnych”, Zakopane, 30 stycznia – 3 lutego 2017 r., s. 200 (*plakat*).

Urbaniak M., Koczyk G., Stępień Ł., Uhlig S. (2017) Variance in depsipeptide biosynthetic potential among phyto- and entomopathogenic representatives of *Hypocreales*. 12th European Foundation for Plant Pathology (EFPP) – 10th French Society for Plant Pathology (SFP) Conference, Dunkirk-Malo-les-Bains, Francja, 29 maja – 02 czerwca 2017 r., s. 127 (*plakat*).

Urbaniak M., **Koczyk G., Stępień Ł., Uhlig S.** Variance in depsipeptide biosynthetic potential among phyto- and entomopathogenic representatives of *Hypocreales*. 12th Conference of the European Foundation for Plant Pathology (EFPP), 29 maj – 02 czerwiec 2017 r., Dunkirk, Francja. s. 127 (*plakat*).

Urbaniak M., Stępień Ł., Trzebny A., Frasiński S., Czembor E., Waśkiewicz A. (2017) Influence of maize genotypes on *Fusarium* species frequencies and grain mycotoxin contamination in diverse localities of Poland. 12th European Foundation for Plant Pathology (EFPP) – 10th French Society for Plant Pathology (SFP) Conference“, Dunkirk-Malo-les-Bains, Francja, 29 maja – 02 czerwca 2017 r., s. 117 (*plakat*).

Zwierzykowski Z., Kosmala A. A history of *Festulolium* in Poland. Book of Abstracts of The Joint Meeting of Eucarpia Fodder Crops and Amenity Grasses Section and Protein Crops Working Group of Oil and Protein Crops Section: *Breeding Grasses and Protein Crops in The Era of Genomics*. 11 – 14 września 2017 r., Wilno, Litwa, s. 54 (*doniesienie ustne*).

Uczestnictwo w krajowych i międzynarodowych konferencjach naukowych

12th European Foundation for Plant Pathology (EFPP) – 10th French Society for Plant Pathology (SFP) Conference“, Dunkirk-Malo-les-Bains, Francja, 29 maja – 02 czerwca 2017 r., M. Jędryczka (*plakat*), Ł. Stępień (*plakat*), M. Urbaniak (*plakat*); M. Jędryczka, (*reprezentowanie PTFit w obradach Zarzady Głównego EFPP*).

12th International Conference of Young Naturalists: „From Biotechnology to Environmental Protection”, Zielona Góra, 22 – 24 listopada 2017 r., A. Basińska-Barczak, L. Błaszczyk, (*doniesienie ustne*).

1st Conference of the Cost Action 15223, Rzym, Włochy, 15 – 17 lutego 2017 r., Polish delegate to the Management Committee and as Coordinator of the Short Term Scientific Mission of this COST Action Action. J. Paiva (*doniesienie ustne*).

20th International Congress on Nitrogen Fixation, Granada, Hiszpania, 03 – 07 września 2017 r., M. Gawłowska (*plakat*)

47th International Biometrical Colloquium, Kiry, 10 – 14 września 2017 r., P. Krajewski, A. Sawikowska, H. Ćwiek-Kupczyńska. (*doniesienie ustne*).

4th Conference of Cereal Biotechnology and Breeding, Budapeszt, Węgry, 06 – 09 listopada 2017 r., M. Majka (*doniesienie ustne*).

4th European Biopharma Congress, Wiedeń, Austria, 9 – 11 listopada 2017 r., M. Pyrski. (*doniesienie ustne*).

5th Nano Today conference, Hawaii, USA, 06 – 10 December 2017 r., G. Franklin (*plakat*).

6th Central European Congress of Life Sciences EUROBIOTECH, Kraków, 11 – 14 września 2017 r., A. Durska (*plakat*).

8th International Conference on Legume Genetics and Genomics ICLGG 2017, Siófok, Węgry, 18 – 22 września 2017 r., M. Kroc (*plakat*), S. Rychel (*plakat*), F. Bakro (*plakat*).

9th Internationale Miscanthus-Tagung: "Bioökonomische Anwendungs- und Forschungsfelder bei Miscanthus", Rheinbach, Niemcy, 20 – 21 listopada 2017 r., S. Jeżowski (*plakat*).

At the Forefront of Plant Research, Ghent, Belgium, 15 – 16 czerwca 2017 r., R. Malinowski (*plakat*), K. Stefanowicz (*plakat*).

Central European Congress of Life Sciences EUROBIOTECH, Kraków, 11 – 14 września 2017 r., M. Kempa (*plakat*).

EPPN2020 KickOff Meeting, Nicea, Francja, 30 – 31 maja 2017 r., P. Krajewski, H. Ćwiek-Kupczyńska.

EUCARPIA Meeting "Breeding Grasses and Protein crops in the Era of Genomics", Wilno, Litwa, 11 – 14 września 2017 r., P. Ogródowicz (*plakat*).

Global Conference of Plant Science and Molecular Breeding, Walencja, Hiszpania, 11 – 13 września 2017 r., H. Wiśniewska (*doniesienie ustne*).

II Ogólnopolskie Sympozjum Mikrobiologiczne: „Metagenomy różnych środowisk”, Lublin, 29 – 30 czerwca 2017 r., G. Koczyk (*członek komitetu naukowego, wykład plenarny*).

International Conference „Advances in grain legume breeding, cultivation and uses for a more competitive value-chain”, Novi Sad, Serbia, 27 – 28 września 2017 r., M. Książkiewicz (*plakat*).

IOBC-WPRS: "Integrated Protection in Field Vegetables" biannual meeting, Wädenswil-Salenstein, Szwajcaria, 02 – 06 października 2017 r. M. Jędrzycka (*prezentacja ustna*).

IOBC-WPRS: „Future IPM in Europe”, Riva del Garda, Włochy, 15 – 20 października 2017 r., M. Jędrzycka (*udział w zebraniu koordynatorów grup roboczych, prezentacja sprawozdania z prac WG ICOC*).

IUFRO "125th Anniversary Congress 2017", Freiburg, Niemcy, 18 – 22 czerwca 2017 r., J. Paiva (*doniesienie ustne*), C. Gomes (*doniesienie ustne*).

IUFRO Tree biotechnology 2017, Concepción, Chile, 04 – 09 czerwca 2017 r., J. Paiva (*doniesienie ustne*).

Joint Meeting of EUCARPIA Fodder Crops and Amenity Grasses and Protein Crops Working Group of Oil and Protein Crops Section „Breeding grasses and protein crops in the era of genomics”, Wilno, Litwa, 11 – 14 września 2017 r., B. Górynowicz (*flash presentation*), W. Rybiński (*plakat*).

Konferencja krajowa „Zasoby genowe roślin użytkowych na rzecz hodowli”, Kazimierz Dolny, 06 – 08.09.2017 r., W. Świącicki (*wykład*), W. Rybiński (*wykład*).

Konferencja Polskiego Towarzystwa Łubinowego: „Znaczenie łubinu dla bioróżnorodności”, Wrocław-Pawłowice, 24 – 25 kwietnia 2017 r., K. Czepiel (*plakat*), B. Górynowicz (*plakat*), W. Świącicki (*referat*), M. Książkiewicz (*referat*), B. Naganowska (*referat na zaproszenie*), P. Plewiński (*plakat*), B. Wolko (*współautorstwo doniesień*).

Konferencji Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego „Dziń i jutro fitopatologii”, Olsztyn, 12 – 15 września 2017 r., M. Jędryczka, (2 *prezentacje ustne, plakat, udział w spotkaniu Zarządu Głównego PTFit*).

MAT TRIAD 2017, Będlewo, 25 – 29 września 2017 r., A. Sawikowska (członek komitetu organizacyjnego).

Metabolomics Circle 2017 – Bioanalytical and Omics Science, Wrocław 17 – 18 listopada 2017 r., D. Kruszka (*plakat*).

MIAPPE Meeting, Gatersleben, Niemcy, 22 – 23 maja 2017 r., P. Krajewski, H. Ćwiek-Kupczyńska (*doniesienie ustne*).

MIAPPE RDFeno meeting, Lizbona, Portugalia, 27 – 28 września 2017 r., H. Ćwiek-Kupczyńska (*doniesienie ustne*).

Plant Phenotyping Forum: integrating European plant phenotyping community supported by EMPHASIS, EPPN2020, ECOLCHANGE, Tartu, Estonia, 22 – 24 listopada 2017 r., A. Kuczyńska (*doniesienie ustne*), K. Mikołajczak (*doniesienie ustne*).

Research Group Meeting on Multivariate and Mixed Linear Models: „Large chromatographic data sets analysis on the example of metabolomic data”, Będlewo, 12 – 18 marca 2017 r., A. Sawikowska (*doniesienie ustne*).

Research Group Meeting on Multivariate and Mixed Linear Models: „Model analizy dla danych chromatograficznych GC-MS”, Będlewo, 05 – 11 listopada 2017 r., P. Krajewski, A. Sawikowska. (*doniesienie ustne*).

XI Sympozjum Genetyka Ilościowa Roślin Uprawnych, Świeradów Zdrój, 03 – 06 czerwca 2017 r., T. Adamski. (*przewodniczący sesji, doniesienie ustne*), M. Surma (*doniesienie ustne*), B. Górynowicz (*doniesienie ustne*).

XIII Ogólnopolska Konferencja Naukowa: „Nauka dla hodowli i nasiennictwa roślin uprawnych”, Zakopane, 30.01 – 03.02.2017 r., H. Wiśniewska. (*doniesienie ustne*), Ł. Stępień (*plakat*), M. Urbaniak (*plakat*).

SPIS PUBLIKACJI

A. Publikacje w czasopismach z „Listy A Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego”

Lp.	Publikacja	Punkty MNiSW	Impact Factor
1	Błaszczuk L., Basińska-Barczak A., Ćwiek-Kupczyńska H., Gromadzka K., Popiel D., Stępień Ł. (2017). Suppressive effect of <i>Trichoderma</i> on five toxigenic <i>Fusarium</i> species. <i>Polish Journal of Microbiology</i> 66: 85-100. DOI: 10.5604/17331331.1234996.	15	0,746
2	Calinski T., Czajka S., Kaczmarek Z., Krajewski P., Pilarczyk W., Siatkowski I., Siatkowski M. (2017). On a mixed model analysis of multi-environment variety trials: a reconsideration of the one-stage and the two-stage models and analyses. <i>Statistical Papers</i> Vol. 58(2): 433–465. DOI: 10.1007/s00362-015-0706-y.	20	0,727
3	Clifton-Brown J., Hastings A., Mos M., McCalmont J.P., Ashman Ch., Awty-Carroll D., Cerazy J., Chiang Y-Ch., Cosentino S., Cracroft-Eley W., Scurlock J., Donnison I.S., Glover Ch., Gołąb I., Greef J.M., Gwyn J., Harding G., Hayes Ch., Helios W., Hsu T-W., Huang L.S., Jeżowski S., Kim D-S., Kiesel A., Kotecki A., Krzyzak J., Lewandowski I., Lim S.H., Liu J., Loosely M., Meyer H., Murphy-Bokern D., Nelson W., Pogrzeba M., Robinson G., Robson P., Rogers Ch., Scalici G., Schuele H., Shafiei R., Shevchuk O., Schwarz K-U., Squance M., Swaller T., Thornton J., Truckses T., Botnari V., Vizir I., 4. 4. Wagner M., Warren R., Yamada T., Youell S., Xi Q., Zong J., Flavell R. (2017). Progress in upscaling <i>Miscanthus</i> biomass production for the European bio-economy with seed based hybrids. <i>Global Change Biology Bioenergy</i> 9 (1): 6-17. DOI: 10.1111/gcbb.12357.	45	4,655
4	Dawidziuk A., Popiel D., Lubońska M., Grzebyk M., Wiśniewski M., Koczyk G. (2017). Assessing contamination of microalgal astaxanthin producer <i>Haematococcus</i> cultures with high-resolution melting curve analysis. <i>Journal of Applied Genetics</i> Vol. 58 (2): 277–285. DOI: 10.1007/s13353-016-0378-x.	20	1,655
5	Dymarska M., Grzeszczuk J., Urbaniak M., Janeczko T., Płaskowska E., Stępień Ł., Kostrzewa-Susłow E. (2017). Glycosylation of 6-methylflavone by the strain <i>Isaria fumosorosea</i> KCH J2. <i>PLoS ONE</i> 12 (10): e0184885. DOI: 10.1371/journal.pone.0184885.	35	2,806
6	Drzewiecka K., Mleczek M., Gąsecka M., Magdziak Z., Budka A., Chadzinikolau T., Kaczmarek Z., Goliński P. (2017). Copper and nickel co-treatment alters metal uptake and stress parameters of <i>Salix purpurea</i> × <i>viminalis</i> . <i>Journal of Plant Physiology</i> 216: 125-134. DOI 10.1016/j.jplph.2017.04.020.	35	3,121
7	Fedorowicz-Strońska O., Koczyk G., Kaczmarek M., Krajewski P., Sadowski J. (2017). Genome-wide identification, characterisation and expression profiles of calcium-dependent protein kinase genes in barley (<i>Hordeum vulgare</i> L.). <i>Journal of Applied Genetics</i> 58 (1): 11-22. DOI: 10.1007/s13353-016-0357-2.	20	1,655

8	Gálvez L., Urbaniak M. , Waśkiewicz A., Stępień Ł. , Palmero D. (2017). <i>Fusarium proliferatum</i> – causal agent of garlic bulb rot in Spain: genetic variability and mycotoxin production. <i>Food Microbiology</i> 67: 41-48. DOI: 10.1016/j.fm.2017.05.006.	35	3,759
9	Gawłowska M. , Święcicki W. , Lahuta L., Kaczmarek Z. (2017). Raffinose family oligosaccharides in seeds of <i>Pisum</i> wild taxa, type lines for seed genes, domesticated and advanced breeding materials. <i>Genetic Resources and Crop Evolution</i> 64: 569–578. DOI: 10.1007/s10722-016-0384-1.	30	1,294
10	Górna K. , Perlikowski D. , Kosmala A. , Stępień Ł. (2017). Host extracts induce changes in the proteome of plant pathogen <i>Fusarium proliferatum</i> . <i>Fungal Biology</i> 121: 676-688. DOI: 10.1016/j.funbio.2017.04.008.	30	2,184
11	Grela E.R., Kiczorowska B., Samolińska W., Matras J., Kiczorowski P., Rybiński W. , Hanczakowska E. (2017) Chemical composition of leguminous seeds: part I – content of basic nutrients, amino acids, phytochemical compounds, and antioxidant activity. <i>European Food Research Technology</i> 243: 1385–1395. DOI 10.1007/s00217-017-2849-7.	25	1,664
12	Gromadzka K., Wit M., Górna K. , Chelkowski J. , Waśkiewicz A., Ochodzki P., Warzecha R. (2017). Fumonisin and Related <i>Fusarium</i> Species in Pre-harvest Maize Ear Rot in Poland. <i>Cereal Research Communications</i> 45 (1): 93–03. DOI: 10.1556/0806.44.2016.048.	15	0,496
13	Hadaś E., Ożarowski M., Derda M., Thiem B, Cholewiński M., Skrzypczak Ł., Gryszczyńska A., Piasecka A. (2017). The use of extracts from <i>Passiflora</i> spp. in helping the treatment of acanthamoebiasis. <i>Acta Poloniae Pharmaceutica, Drug Research</i> 74 (3): 921-928. ISSN 0001-6837.	15	0,745
14	Jeszka-Skowron M., Zgoła-Grzeškowiak A., Waśkiewicz A., Stępień Ł. , Stanisiz E. (2017). Positive and negative aspects of green coffee consumption – antioxidant activity vs. mycotoxins. <i>Journal of the Science of Food and Agriculture</i> 97 (12): 4022-4028. DOI: 10.1002/jsfa.8269.	35	2,463
15	Jeżowski S. , Mos M., Buckby S., Cerazy-Waliszewska J. , Owczarzak W., Mocek A., Kaczmarek Z. , McCalmont J.P. (2017). Establishment, Growth, and Yield Potential of the Perennial Grass <i>Miscanthus x Giganteus</i> on Degraded Coal Mine Soils. <i>Frontiers in Plant Science</i> 8: 726. DOI: 10.3389/fpls.2017.00726.	40	4,291
16	Kielbowicz-Matuk A. , Czarnecka J. , Banachowicz E., Rey P., Rorat T. (2017). <i>Solanum tuberosum</i> ZPR1 encodes a light-regulated nuclear DNA-binding protein adjusting the circadian expression of <i>StBBX24</i> to light cycle. <i>Plant, Cell & Environment</i> 40 (3): 424–440. DOI:0.1111/pce.12875.	45	6,173
17	Kozłowska E., Urbaniak M. , Kancelista A., Dymarska M., Kostrzewa-Susłow E., Stępień Ł. , Janeczko T. (2017). Biotransformation of dehydroepiandrosterone (DHEA) by environmental strains of filamentous fungi. <i>RSC Advances</i> 7: 31493-31501. DOI: 10.1039/c7ra04608a.	40	3,108

18	Kroc M., Rybiński W., Wilczura P., Kamel K., Kaczmarek Z., Barzyk P., Święcicki W. (2017). Quantitative and qualitative analysis of alkaloids composition in the seeds of a white lupin (<i>Lupinus albus</i> L.) collection. <i>Genetic Resources and Crop Evolution</i> 64 (8): 1853–1860. DOI: 10.1007/s10722-015-0278-7.	30	1,294
19	Krystkowiak K., Langner M., Adamski T., Salmanowicz B.P., Kaczmarek Z., Krajewski P., Surma M. (2017). Interactions between <i>Glu-1</i> and <i>Glu-3</i> loci and associations of selected molecular markers with quality traits in winter wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.) DH lines. <i>Journal of Applied Genetics</i> 58 (1): 37-48. DOI: 10.1007/s13353-016-0362-5.	20	1,655
20	Książkiewicz M., Nazzicari N., Yang H., Nelson M.N., Renshaw D., Rychel S., Ferrari B., Carelli M., Tomaszewska M., Stawiński S., Naganowska B., Wolko B., Annicchiarico P. (2017). A high-density consensus linkage map of white lupin highlights syntenies with narrow-leafed lupin and provides markers tagging key agronomic traits. <i>Scientific Reports</i> 7: 15335. DOI: 10.1038/s41598-017-15625-w.	40	4,259
21	Kwiatek D., Kubicki M., Belter J., Jastrzab R., Wiśniewska H., Lis S., Hnatejko Z. (2017). Synthesis, spectroscopic characterization and antifungal activity studies of five novel complexes with pyridine carboxamides. <i>Polyhedron</i> 133: 187-194. DOI: 10.1016/j.poly.2017.05.032.	30	1,926
22	Kwiatek M.T., Majka J., Majka M., Belter J., Wiśniewska H. (2017). Adaptation of the pivotal-differential genome pattern for the induction of intergenomic chromosome recombination in hybrids of synthetic amphidiploids within Triticeae tribe. <i>Frontiers in Plant Science</i> 8: 1300. DOI: 10.3389/fpls.2017.01300.	40	4,291
23	Kwiatek M., Wiśniewska H., Ślusarkiewicz-Jarzina A., Majka J., Majka M., Belter J., Pudelska H. (2017) Gametocidal Factor Transferred from <i>Aegilops geniculata</i> Roth Can Be Adapted for Large-Scale Chromosome Manipulations in Cereals. <i>Frontiers in Plants Science</i> 8: 409. DOI: 10.3389/fpls.2017.00409.	40	4,291
24	Langner M., Krystkowiak K., Salmanowicz B., Adamski T., Krajewski P., Kaczmarek Z., Surma M. (2017). The influence of <i>Glu-1</i> and <i>Glu-3</i> loci on dough rheology and bread-making properties in wheat (<i>T. aestivum</i> L.) doubled haploid lines. <i>Journal of the Science of Food and Agriculture</i> 97 (15): 5083-5091. DOI: 10.1002/jsfa.8385.	35	2,463
25	Leroy T., Roux C., Villate L., Bodénès C., Romiguier J., Paiva J.A.P., Dossat C., Aury J-M., Plomion Ch., Kremer A. (2017). Extensive recent secondary contacts between four European white oak species. <i>New Phytologist</i> 214 (2): 865–878. DOI: 10.1111/nph.14413.	45	7,330
26	Majka J., Majka M., Kwiatek M., Wiśniewska H. (2017). Similarities and differences in the nuclear genome organization within Pooideae species revealed by comparative genomic <i>in situ</i> hybridization (GISH). <i>Journal of Applied Genetics</i> 58 (1): 151–161. DOI: 10.1007/s13353-016-0369-y.	20	1,655

27	Majka J., Książczyk T., Kielbowicz-Matuk A., Kopecky D., Kosmala A. (2017). Exploiting repetitive sequences and BAC clones in <i>Festuca pratensis</i> karyotyping. <i>Plos ONE</i> 12 (6): e0179043. DOI: 10.1371/journal.pone.0179043.	35	2,806
28	Majka M., Kwiatek M.T., Majka J., Wiśniewska H. (2017). <i>Aegilops tauschii</i> Accessions with Geographically Diverse Origin Show Differences in Chromosome Organization and Polymorphism of Molecular Markers Linked to Leaf Rust and Powdery Mildew Resistance Genes. <i>Frontiers in Plant Science</i> : 8: 1149. DOI: 10.3389/fpls.2017.01149.	40	4,291
29	Marslin G., Sarmiento B.F.C.C., Franklin G. , Martins J.A.R., Silva C.J.R., Gomes A.F.C., Sárria M.P., Coutinho O.M.F.P., Dias A.C.P. (2017). Curcumin Encapsulated into Methoxy Poly(Ethylene Glycol) Poly(ϵ -Caprolactone) Nanoparticles Increases Cellular Uptake and Neuroprotective Effect in Glioma Cells. <i>Planta Medica</i> 83 (5): 434-444. DOI: 10.1055/s-0042-112030.	25	2,342
30	Marslin G., Sheeba C.J., Franklin G. (2017). Nanoparticles Alter Secondary Metabolism in Plants via ROS Burst. <i>Frontiers in Plant Science</i> 83 (5): 434-444. DOI: 10.3389/fpls.2017.00832.	40	4,291
31	Marslin G., Siram K., Liu X., Khandelwal V.K.M., Xiaolei S., Xiang W., Franklin G. (2017). Solid Lipid Nanoparticles of Albendazole for Enhancing Cellular Uptake and Cytotoxicity against U-87 MG Glioma Cell Lines. <i>Molecules</i> 22 (11): 2040. DOI:10.3390/molecules22112040.	30	2,861
32	Mateos, J.L., Tilmes V., Madrigal P., Severing E., Richter R., Rijkenberg C. W. M., Krajewski P. , Coupland G. (2017). Divergence of regulatory networks governed by the orthologous transcription factors FLC and PEP1 in <i>Brassicaceae</i> species. <i>PNAS</i> 114 (51): E11037-E11046. DOI: 10.1073/pnas.1618075114.	45	9,661
33	Mikołajczak K., Kuczyńska A., Krajewski P., Sawikowska A., Surma M., Ogrodowicz P., Adamski T., Krystkowiak K., Górny A.G., Kempa M., Szarejko I., Guzy-Wróbelska J., Gudyś K. (2017). Quantitative trait loci for plant height in Maresi \times CamB barley population and their associations with yield-related traits under different water regimes. <i>Journal of Applied Genetics</i> 58 (1): 23-35. DOI: 10.1007/s13353-016-0358-1.	20	1,655
34	Narożna D., Książkiewicz M. , Przysiecka Ł., Króliczak J., Wolko B., Naganowska B., Mądrzak C.J. (2017). Legume isoflavone synthase genes have evolved by whole-genome and local duplications yielding transcriptionally active paralogs. <i>Plant Science</i> 264: 149-167. DOI: 10.1016/j.plantsci.2017.09.007.	35	3,437
35	Nelson M.N., Książkiewicz M., Rychel S. , Besharat N., Taylor C., Wyrwa K. , Jost R., Erskine W., Cowling W., Berger J.D., Batley J., Weller J., Naganowska B., Wolko B. (2017). The loss of vernalization requirement in narrow-leafed lupin is associated with a deletion in the promoter and de-repressed expression of a <i>Flowering Locus T (FT)</i> homologue. <i>New Phytologist</i> 213 (1): 220-232. DOI: 10.1111/nph.14094.	45	7,330

36	Niemann J., Kaczmarek J. , Książczyk T. , Wojciechowski A., Jedryczka M. (2017). Chinese cabbage (<i>Brassica rapa</i> ssp. <i>pekinensis</i>) – a valuable source of resistance to clubroot (<i>Plasmodiophora brassicae</i>). <i>European Journal of Plant Pathology</i> 147 (1): 181-198. DOI:10.1007/s10658-016-0991-x.	30	1,478
37	Ogrodowicz P. , Adamski T. , Mikołajczak K. , Kuczyńska A. , Surma M. , Krajewski P. , Sawikowska A. , Górny A.G. , Gudyś K., Szarejko I., Guzy-Wróbelska J., Krystkowiak K. (2017). QTLs for earliness and yield-forming traits in the Lubuski × CamB barley RIL population under various water regimes. <i>Journal of Applied Genetics</i> 58 (1): 49-65. DOI: 10.1007/s13353-016-0363-4.	20	1,655
38	Ożarowski M., Mikołajczak P.L., Piasecka A. , Kujawski R., Bartkowiak-Wieczorek J., Bogacz A., Szulc M., Kaminska E., Kujawska M., Gryszczynska A., Kachlicki P. , Buchwald W., Klejewski A., Seremak- Mrozikiewicz A. (2017) Effect of <i>Salvia miltiorrhiza</i> root extract on brain acetylcholinesterase and butyrylcholinesterase activities, their mRNA levels and memory evaluation in rats. <i>Physiology & Behavior</i> 173: 223-230. DOI: 10.1016/j.physbeh.2017.02.019.	30	2,341
39	Ożarowski M., Piasecka A. , Gryszczynska A., Sawikowska A. , Pietrowiak A., Opala B., Mikołajczak P., Kujawski R., Kachlicki P. , Seremak-Mrozikiewicz A. (2017). Determination of phenolic compounds and diterpenes in roots of <i>Salvia miltiorrhiza</i> and <i>Salvia przewalskii</i> by two LC-MS tools: multi-stage and high resolution tandem mass spectrometry with assessment of antioxidant capacity. <i>Phytochemistry Letters</i> 20: 331-338. DOI: 10.1016/j.phytol.2016.12.001.	20	1,418
40	Pawłowicz I. , Rapacz M., Perlikowski D. , Gondek K., Kosmala A. (2017). Abiotic stresses influences the transcript abundance of PIP and TIP aquaporins in <i>Festuca</i> species. <i>Journal of Applied Genetics</i> 58 (4): 421–435. DOI: 10.1007/s13353-017-0403-8.	20	1,655
41	Piasecka A. , Sawikowska A. , Kuczyńska A. , Ogrodowicz P. , Mikołajczak K. , Krystkowiak K. , Gudyś K., Guzy-Wróbelska J., Krajewski P. , Kachlicki P. (2017). Drought related secondary metabolites of barley (<i>Hordeum vulgare</i> L.) leaves and their mQTLs. <i>The Plant Journal</i> 89 (5): 898–913. DOI: 10.1111/tpj.13430.	45	5,901
42	Pniewski T. , Czyż M. , Wyrwa K. , Bociąg P., Krajewski P. , Kapusta J. (2017). Micropropagation of transgenic lettuce containing HBsAg as a method of mass-scale production of standardised plant material for biofarming purposes. <i>Plant Cell Reports</i> 36(1): 49–60. DOI: 10.1007/s00299-016-2056-1.	35	2,869
43	Podyma W., Boczkowska M., Wolko B. , Dostatny D.F. (2017). Morphological, isoenzymatic and ISSRs-based description of diversity of eight black oat (<i>Avena strigosa</i> Schreb.) landraces. <i>Genetic Resources and Crop Evolution</i> (2017) 64: 1661–1674. DOI: 10.1007/s10722-016-0464-2.	30	1,294

44	Popiel D., Dawidziuk A., Koczyk G., Mackowiak A., Marcinkowska K. (2017). Multiple facets of response to fungicides – the influence of azole treatment on expression of key mycotoxin biosynthetic genes and candidate resistance factors in the control of resistant <i>Fusarium</i> strains. <i>European Journal of Plant Pathology</i> 147 (4): 773–785. DOI: 10.1007/s10658-016-1042-3.	30	1,478
45	Pruska-Kędzior A., Makowska A., Kędzior Z., Salmanowicz B.P. (2017). Rheological characterisation of gluten from triticale (x <i>Triticosecale</i> Wittmack). <i>Journal of the Science of Food and Agriculture</i> : 97 (14): 5043-5052. DOI: 10.1002/jsfa.8555.	35	2,463
46	Pyrski M., Rugowska A., Wierzbński K.R., Kasprzyk A., Bogusiewicz M., Bociąg P., Samardakiewicz S., Czyż M., Kurpisz M., Pniewski T. (2017). HBcAg produced in transgenic tobacco triggers Th1 and Th2 response when intramuscularly delivered. <i>Vaccine</i> 35 (42): 5714-5721. DOI:10.1016/j.vaccine.2017.07.082.	30	3,325
47	Rakoczy-Trojanowska M., Krajewski P., Bocianowski J., Schollenberger M., Wakuliński W., Milczarski P., Masojć P., Targońska-Karasek M., Banaszak Z., Banaszak K., Brukwiński W., Orczyk W., Kilian A. (2017). Identification of Single Nucleotide Polymorphisms Associated with Brown Rust Resistance, α -Amylase Activity and Pre-harvest Sprouting in Rye (<i>Secale cereale</i> L.). <i>Plant Molecular Biology Reporter</i> 35 (3): 366-378. DOI: 10.1007/s11105-017-1030-6.	25	1,932
48	Rakoczy-Trojanowska M., Orczyk W., Krajewski P., Bocianowski J., Stochmal A., Kowalczyk M. (2017). <i>ScBx</i> gene based association analysis of hydroxamate content in rye (<i>Secale cereale</i> L.). <i>Journal of Applied Genetics</i> 58 (1): 1-9. DOI:10.1007/s13353-016-0356-3.	20	1,655
49	Salmanowicz B.P., Langner M., Mrugalska B., Ratajczak D., Górny A.G. (2017). Grain quality characteristics and dough rheological properties in Langdon durum-wild emmer wheat chromosome substitution lines under nitrogen and water deficits. <i>Journal of the Science of Food and Agriculture</i> 97 (7): 2030-2041. DOI: 10.1002/jsfa.8006.	35	2,463
50	Ślusarkiewicz-Jarzina A., Pudelska H., Woźna J., Pniewski T. (2017). Improved production of doubled haploids of winter and spring triticale hybrids via combination of colchicine treatments on anthers and regenerated plants. <i>Journal of Applied Genetics</i> 58 (3): 287-295. DOI: 10.1007/s13353-016-0387-9.	20	1,655
51	Ślusarkiewicz-Jarzina A., Ponitka A., Cerazy-Waliszewska J., Wojciechowicz M.K., Sobańska K., Jeżowski S., Pniewski T. (2017). Effective and simple <i>in vitro</i> regeneration system of <i>Miscanthus sinensis</i> , <i>M. × giganteus</i> and <i>M. sacchariflorus</i> for planting and biotechnology purposes. <i>BIOMASS & BIOENERGY</i> 107: 219–226. DOI: 10.1016/j.biombioe.2017.10.012.	35	3,219

52	Sulima P., Przyborowski J., Kuszevska A., Załuski D., Jędryczka M., Irzykowski W. (2017). Identification of Quantitative Trait Loci Conditioning the Main Biomass Yield Components and Resistance to <i>Melampsora</i> spp. in <i>S. viminalis</i> x <i>S. schwerinii</i> Hybrids. <i>International Journal of Molecular Sciences</i> 18 (3): 677. DOI: 10.3390/ijms18030677.	30	3,226
53	Susek K. , Braszewska-Zalewska A. Bewick A.J., Hasterok R., Schmitz R.J., Naganowska B. (2017). Epigenomic diversification within the genus <i>Lupinus</i> . <i>Plos ONE</i> 12 (6): e0179821. DOI: 10.1371/journal.pone.0179821.	35	2,806
54	Swarcewicz B., Sawikowska A. , Marczak Ł., Łuczak M., Ciesiołka D., Krystkowiak K., Kuczyńska A. , Piślewska-Bednarek M., Krajewski P. , Stobiecki M. (2017). Effect of drought stress on metabolite contents in barley (<i>Hordeum vulgare</i>) mapping population revealed by untargeted GC-MS profiling. <i>Acta Physiologiae Plantarum</i> 39 (2): 158. DOI: 10.1007/s11738-017-2449-y.	25	1,364
55	Talar U., Kielbowicz-Matuk A., Czarnecka J., Rorat T. (2017). Genome-wide survey of B-box proteins in potato (<i>Solanum tuberosum</i>) - identification, characterization and expression patterns during diurnal cycle, etiolation and deetiolation. <i>Plos ONE</i> 12 (5): e.0177471. DOI 10.1371/journal.pone.0177471.	35	2,806
56	Wachowska U., Waśkiewicz A., Jędryczka M. (2017). Using a Protective Treatment to Reduce <i>Fusarium</i> Pathogens and Mycotoxins Contaminating Winter Wheat Grain. <i>Polish Journal of Environmental Studies</i> 26 (5): 2277-2286. DOI: 10.15244/pjoes/67747.	15	0,793
57	Wolna-Maruwka A., Piechota T., Niewiadomska A., Dach J., Szczech M., Jędryczka M. , Pilarska A.A. (2017). An assessment of adaptive and antagonistic properties of <i>Trichoderma</i> sp. strains in vegetable waste composts. <i>Archives of Environmental Protection</i> 43(4): 72-81. DOI 10.1515/aep-2017-0039.	15	0,708
58	Wnuk A., Gozdowski D., Górny A. , Wyszynski Z., Kozak M. (2017). Data visualization in yield component analysis: an expert study. <i>Scientia Agricola</i> 74 (2): 118-126. DOI:10.1590/1678-992X-2015-0449.	30	1,108
59	Yuan Y., Sawikowska A. , Neumann M., Posé D., Capovilla G., Langenecker T., Neher R., Krajewski P. , Schmid M. (2017). Temporal dynamics of gene expression and histone marks at the <i>Arabidopsis</i> shoot meristem during flowering. <i>Nature Communication</i> 8: 15120. DOI: 10.1038/ncomms15120.	45	12,124

B. Publikacje w czasopismach z „Listy B Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego”

Lp.	Nazwa czasopisma	Autor/autorzy	Tytuł/rok/tom/strony	Pkt MNiSW
1.	Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin	Jasińska D., Kuczyńska A. , Mikołajczak K. , Ogrodowicz P. , Ćwiek-Kupczyńska H. , Anioła M., Rubrycki K., Mazur R., Kempa M. , Surma M. , Adamski T. , Wiśniewska H.	Zróznicowana reakcja linii SSD jęczmienia jarego na infekcję grzybami z rodzaju <i>Fusarium</i> . Spring barley SSD lines variation to the <i>Fusarium</i> head blight infection. <i>Biuletyn IHAR</i> 282: 51-61.	6

C. Publikacje w innych czasopismach (w tym branżowych i popularno-naukowych)

Lp.	Autor/autorzy	Tytuł/rok/tom/strony
1.	Yahaya N., Petriacq P., Burrell M., Walker H., Malinowski R. , Rolfe S.	Changes of metabolites status in plant pathogen interaction. <i>Advanced Science Letters</i> , 23(5), 4623-4626.

D. Autorstwo/redakcja monografii; autorstwo rozdziału w monografii

Lp.	Autor/autorzy	Tytuł/rok/tom/strony
1.	Araújo S.S., Gomes C., Paiva J.A.P. , Balestrazzi A., Macovei A.	MicroRNAs emerging roles in abiotic stresses and metabolic processes. In: Ramakrishna A and Gill SS (eds). <i>Metabolic adaptations in plants during abiotic stress</i> , Taylor & Francis (CRC Press. ISBN 978-1-138-05638-1).