



Instytut Genetyki Roślin
Polskiej Akademii Nauk



SPRAWOZDANIE

z działalności naukowo-badawczej

w 2018 roku

Spis treści

SPIS TREŚCI	1
INFORMACJE OGÓLNE INSTYTUT GENETYKI ROŚLIN PAN.....	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
WSPÓŁPRACA Z ZAGRANICĄ	8
KONSORCJA I SIECI	8
OCHRONA WŁASNOŚCI INTELEKTUALNEJ	9
<i>Złożone wnioski patentowe:</i>	9
NAGRODY I WYRÓŻNIENIA	9
ROZWÓJ KADRY NAUKOWEJ	10
<i>Stopień naukowy doktora habilitowanego</i>	10
<i>Stopień naukowy doktora</i>	11
<i>Stopień naukowy magistra</i>	11
<i>Magistranci</i>	11
<i>Inżynieranci</i>	11
<i>Stażyci</i>	12
MIĘDZYNARODOWE STUDIA DOKTORANCKIE	14
UCZESTNICTWO W KOMITETACH REDAKCYJNYCH CZASOPISM NAUKOWYCH	15
UCZESTNICTWO Z WYBORU W DZIAŁALNOŚCI EKSPERCKIEJ, STOWARZYSZENIACH NAUKOWYCH I IN.....	16
DZIAŁALNOŚĆ DYDAKTYCZNA, POPULARYZATORSKA I DORADCZA	18
DZIAŁALNOŚĆ WYDAWNICZA.....	21
INFORMACJE O DZIAŁALNOŚCI NAUKOWEJ	22
WAŻNIEJSZE OSIĄGNIĘCIA	22
SPRAWOZDANIE Z REALIZACJI BADAŃ	24
<i>ZAKŁAD BIOLOGII STRESÓW ŚRODOWISKOWYCH</i>	24
<i>ZAKŁAD BIOMETRII I BIOINFORMATYKI</i>	30
<i>ZAKŁAD BIOTECHNOLOGII</i>	35
<i>ZAKŁAD GENETYKI PATOGENÓW I ODPORNOŚCI ROŚLIN</i>	40
<i>ZAKŁAD GENOMIKI</i>	49
<i>ZAKŁAD ZINTEGROWANEJ BIOLOGII ROŚLIN</i>	58
WSPÓŁPRACA KRAJOWA.....	63
<i>Współpraca z krajowymi placówkami naukowymi</i>	63
<i>Współpraca pracowników PAN z podmiotami gospodarczymi</i>	69
WSPÓŁPRACA Z ZAGRANICĄ IGR PAN	72
<i>Współpraca bezpośrednia IGR PAN z partnerami zagranicznymi</i>	72
<i>Uczestnictwo w międzynarodowych organizacjach naukowych</i>	77
<i>Wymiana osobowa</i>	77
KONFERENCJE NAUKOWE – ORGANIZACJA I UDZIAŁ	81
<i>Konferencje zorganizowane przez IGR PAN</i>	81
<i>Uczestnictwo w krajowych i międzynarodowych konferencjach naukowych</i>	82
SPIS PUBLIKACJI	87
A. <i>Publikacje w czasopismach z „Listy A Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego”</i>	87
B. <i>Publikacje w czasopismach z „Listy B Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego”</i>	92
C. <i>Publikacje w innych czasopismach (w tym branżowych i popularno-naukowych)</i>	93
D. <i>Autorstwo/redakcja monografii; autorstwo rozdziału w monografii</i>	94
ANEKS NR 1 DO SPRAWOZDANIA	96

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. administracyjnych - mgr Joanna Dutkiewicz

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 – do 29.12.2018
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. Wojciech Rybiński
8. prof. dr hab. Maria Surma
9. prof. dr hab. Wojciech Święcicki, czł. koresp. PAN
10. prof. dr hab. Halina Wiśniewska
11. prof. dr hab. Bogdan Wolko
12. prof. dr hab. Zbigniew Zwierzykowski
13. dr hab. Lidia Błaszczuk
14. dr hab. Katarzyna Głowacka
15. dr hab. Andrzej Górny
16. dr hab. Arkadiusz Kosmala, prof. IGR PAN
17. dr hab. Anetta Kuczyńska, prof. IGR PAN
18. dr hab. Robert Malinowski
19. dr hab. Agnieszka Kielbowicz-Matuk
20. dr hab. Tomasz Pniewski, prof. IGR PAN
21. dr hab. Łukasz Stępień, prof. IGR PAN

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
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. Lidia Błaszczyk
9. prof. dr hab. Stanisław Jeżowski
10. prof. dr hab. Małgorzata Jędryczka
11. prof. dr hab. Piotr Kachlicki
12. dr hab. Agnieszka Kiełbowicz-Matuk
13. dr hab. Arkadiusz Kosmala, prof. IGR PAN
14. prof. dr hab. Paweł Krajewski
15. dr hab. Anetta Kuczyńska, prof. IGR PAN
16. dr hab. Robert Malinowski
17. prof. dr hab. Barbara Naganowska
18. dr hab. Tomasz Pniewski, prof. IGR PAN
19. prof. dr hab. Wojciech Rybiński
20. dr hab. Łukasz Stępień, prof. IGR PAN
21. prof. dr hab. Wojciech Święcicki, czł. koresp. PAN
22. prof. dr hab. Halina Wiśniewska
23. prof. dr hab. Bogdan Wolko

Pracownicy naukowci niezatrudnieni w Instytucie

24. prof. dr hab. Iwona Bartkowiak-Broda – IHAR oddz. w Poznaniu
25. prof. dr hab. Jerzy Chełkowski
26. prof. dr hab. Franciszek Dubert – IFR PAN w Krakowie
27. prof. dr hab. Jolanta Floryszak-Wieczorek – UP w Poznaniu
28. prof. dr hab. Robert Hasterok – US w Katowicach
29. prof. dr hab. Zygmunt Kaczmarek
30. prof. dr hab. Krzysztof Kowalczyk – UP w Lublinie
31. prof. dr hab. Piotr Masojć – ZUT w Szczecinie
32. prof. dr hab. Cezary Mądrzak – UP w Poznaniu
33. prof. dr hab. Marcin Rapacz – UR w Krakowie
34. prof. dr hab. Maciej Stobiecki – IChB w Poznaniu
35. prof. dr hab. Iwona Szarejko – US w Katowicach
36. prof. dr hab. Zofia Szweykowska-Kulińska – UAM w Poznaniu
37. prof. dr hab. Marian Wiwart – UWM w Olsztynie
38. prof. dr hab. Andrzej Wojciechowski – UP w Poznaniu
- 39.

Przedstawiciele asystentów i adiunktów IGR PAN:

39. dr Magdalena Kroc
40. dr Karolina Susek

JEDNOSTKI ORGANIZACYJNE

1. Zakład Biologii Stresów Środowiskowych

kierownik: dr hab. Arkadiusz Kosmala, prof. IGR PAN

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

kustosz: mgr Barbara Sadowska

8. Dział Księgowości

główna księgowa: mgr Kinga Chałupniczak

9. Dział Gospodarczo-Techniczny

kierownik: Andrzej Gielda

10. Dział Zaopatrzenia

kierownik: Krzysztof Kobla

STRUKTURA ZATRUDNIENIA

(stan na 31 grudnia 2018 r.)

Grupy pracowników	Liczba osób	Liczba etatów	Liczba osób zatrudnionych w projektach	Liczba etatów w projektach
Profesorowie zwyczajni i nadzwyczajni	15	13,75	-	-
Adiunkci	18	16,625	7	6,8
Asystenci	12	11,5	8	8,0
Badawczo-techniczni	2	1,50	-	-
Inżynierzy z wyższym wykształceniem	16	15,3	5	4,3
Techniczni	15	13,83	2	0,83
Administracja	10	9,2	-	-
Biblioteka i informacja naukowa	4	3,50	1	1
Robotnicy + obsługa	5	5,0	-	-
	97	90,205	23	20,93

Osoby pobierające stypendia doktoranckie: 25 osób.
Liczba doktorantów (razem z pracownikami): 33 osób

UPRAWNIENIA

Instytut posiada uprawnienia do nadawania stopnia:

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

INFORMACJA FINANSOWA

I. Przychody	(zł)
Dotacja na działalność statutową	6 012 250
Dotacje na badania młodych naukowców	57 000
Projekty badawcze	
Projekty zagraniczne	2 217 087
MNiSW (projekty i dopłaty do projektów UE)	412 953
Projekty NCN i NCBiR	6 567 624
Projekty finansowane przez MRiRW	2 976 500
Prace naukowo-wdrożeniowe finansowane przez inne podmioty	115 477
Razem projekty	12 289 641
Przychody ogółem	18 358 891
II. Przychody z projektów w % dotacji na działalność statutową	204,4
Osobowy fundusz płac w działalności statutowej (zł)	4 081 774
- w % dotacji na działalność statutową	67,9
- w % przychodów ogółem	22,2
Koszty ogrzewania i energii elektrycznej (% dotacji na działalność statutową)	11,8

III. W 2018 roku, a także do dnia sporządzenia niniejszego sprawozdania, nie wystąpiły zdarzenia, które miały istotny wpływ na działalność jednostki.

IV. Instytut Genetyki Roślin zakłada w 2019 roku kontynuację działalności na podobnym poziomie jak w 2018 roku. Wartość subwencji na 2019 rok zakłada się na podobnym poziomie jak dotacja na działalność statutową na rok 2018, czyli około 6.000.000 zł.

V. Jednostka nie dokonała nabycia udziałów własnych w 2018 roku, nie dokonała zbycia tych udziałów. Jednostka nie posiada nabytych ani zatrzymanych udziałów własnych.

VI. Instytut nie posiada oddziałów.

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

INFORMACJE O DZIAŁALNOŚCI INSTYTUTU I DOROBKU NAUKOWYM

PUBLIKACJE (Spis: strony 87–95)

Prace opublikowane w 2018 roku:

– zgodnie z „częścią A” wykazu Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego (MNiSzW) czasopism naukowych posiadających współczynnik wpływu Impact Factor (IF) i znajdujących się w bazie Journal Citation Reports wraz z liczbą punktów przyznanych za publikacje w wymienionych czasopismach	39
– zgodnie z „częścią B” wykazu MNiSzW czasopism naukowych nie posiadających współczynnika wpływu IF wraz z liczbą punktów przyznanych za publikacje w wymienionych czasopismach	4
– publikacje w innych czasopismach (w tym branżowych i popularno-naukowych)	5
– autorstwo rozdziału w monografii w j. angielskim	9
Łącznie punktowanych przez MNiSzW	<u>57</u>
Autorstwa pozostałych streszczeń doniesień konferencyjnych	143

Ogółem 200

PROJEKTY BADAWCZE

Finansowane przez:

– UE	2
– międzynarodowy-bilateralny	2
– Rządowe	1
– NCN/NCBiR/POIG	38
– MRiRW	10
– inne	6
	<u>Ogółem 59</u>

UDZIAŁ W KONFERENCJACH NAUKOWYCH (Szczegóły: strony 81–86)

Konferencje, warsztaty i seminaria zorganizowane przez Instytut:	4
– krajowe i międzynarodowe	
Udział pracowników w konferencjach:	
– Konferencje krajowe	19
– Konferencje międzynarodowe	43
	<u>Ogółem 62</u>

WSPÓŁPRACA Z ZAGRANICĄ (Szczegóły: strony 72–80)

Realizowano: 4 tematy w ramach umów międzynarodowych,
37 tematów z 37 instytucjami w ramach współpracy bezumownej.

Przyjęto: 7 gości zagranicznych,
19 pracowników IGR PAN wyjeżdżało na krótkoterminowe pobyty zagraniczne,
6 osób przebywało na stażu długoterminowym.

KONSORCJA I SIECI

1. 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.

2. Konsorcjum EPPN2020

Cel: realizacja dostępu do platform automatycznego, nieinwazyjnego fenotypowania roślin oraz opracowanie metod przetwarzania i integracji danych; jednostki: INRA, Francja (koordynator); Aberystwyth University, Wlk. Brytania; ALSIA, Włochy; ASA, Francja; Aarhus Universitet, Dania; CSIRO, Australia; Wageningen Research, Holandia; Forschungszentrum 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; P. Krajewski, H. Ćwiek-Kupczyńska.

3. Konsorcjum FLOWPLAST

Cel: 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, IGR PAN; P. Krajewski, A. Sawikowska, H. Ćwiek-Kupczyńska.

4. Konsorcjum HYBRE

Cel: 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.; P. Krajewski, M. Mokrzycka.

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 - Tomasz Pniewski.

5. 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. Celem głównym proponowanego projektu jest opracowanie gotowej do wdrożenia w spółkach hodowlanych technologii monitorowania genotypów łubinu wąskolistnego pod względem wartościowych cech użytkowych za pomocą markerów molekularnych. Koordynatorem projektu jest Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu. Jest on reprezentowany w projekcie przez następujące grupy naukowców: Zakład Genomiki (dwa zespoły: Zespół Struktury i Funkcji Genów i Zespół Genomiki Porównawczej Roślin Strączkowych), Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin, oraz Zakład Biometrii i Bioinformatyki. Pozostałe ośrodki naukowe zaangażowane w projekt to: Hodowla Roślin SMOLICE Sp. z o.o. GR. IHAR, Oddział Przebędowo, Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o., Instytut Fizjologii Roślin PAN w Krakowie, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie. W ramach konsorcjum nawiązano współpracę z Department of Agriculture and Food Western Australia, w celu konstrukcji mapy genetycznej łubinu białego oraz analizy genetycznych i molekularnych podstaw odporności na antraknozę u łubinu białego. Osoby uczestniczące w projekcie z IGR PAN: Książkiewicz M., Rychel S., Wolko B., Naganowska B., Świącicki W., Kuczyńska A., Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Surma M., Krajewski P., Pniewski T., Jędrzycka M., Piasecka A., Kachlicki P., Kaczmarek J., Irzykowski W., Bielski W., Plewiński P.

OCHRONA WŁASNOŚCI INTELEKTUALNEJ

Złożone wnioski patentowe:

Franklin Gregory, Qaisar Maqbool: „Method for isolating natural compounds from organic material, use of nanostructures for isolating natural compounds from organic extracts and a nanocomplex”, zgłoszenie międzynarodowe Nr: PCT/PL2018 r./050070, 27.12.2018 r.

NAGRODY I WYRÓŻNIENIA

Basińska-Barczak A., Błaszczak L. – III miejsce za doniesienie ustne – „Zmiany w korzeniu pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) w wyniku inokulacji grzybami *Trichoderma*”, II Ogólnopolskie Sympozjum Nauk Przyrodniczo – Rolniczych 7–8.04.2018 r., Poznań.

Gomes C. – “PBE2018 r. Nagrody dla doktorantów i adiunktów”, w oparciu o przedstawione na konferencji PBE2018 r. streszczenie oraz plakat na temat: “Odkrycie mechanizmów metylacji cytozyną-5 w *Salix purpurea*” (Carolina Gomes, Mortaza Khodaeiaminjan, Jorge A. Pinto Paiva).

Majka J. – nagroda I stopnia im. Stefana Barbackiego za badania nad strukturą i organizacją genomów wybranych gatunków traw (*Poaceae*).

Majka M. – Krajowa Nagroda Naukowa z Zakresu Genetyki Roślin im. Stefana Barbackiego (Nagroda I stopnia) decyzją Kapituły Nagrody z 26.11.2018 r. za „Badania nad poszerzeniem zmienności genetycznej zbóż poprzez introgresję chromatyny gatunków z rodzaju *Aegilops*”.

Majka M. – Stypendium dla młodych badaczy z poznańskiego środowiska naukowego w roku 2018 r., przyznawane przez Urząd Miasta Poznania decyzją Kapituły Nagrody Naukowej Miasta Poznania za „Wybitne osiągnięcia w zakresie hodowli odpornościowej zbóż uprawnych oraz kompleksowe badania dotyczące introgresji obcej chromatyny z dzikich gatunków do pszenicy i pszenżyta”, 29.05.2018 r.

Masajada K. – I miejsce przyznane przez międzynarodowe jury oraz II miejsce przyznane przez publiczność w sesji posterowej (Young Scientist Competition) na konferencji „*Plant Functioning Under Environmental Stress*”, 12–15.09.2018 r., Kraków, Polska.

Mikołajczak K., Błaszczak L. – II miejsce za poster „Bioróżnorodność endofitów zasiedlających endosferę i ryzosferę różnych odmian pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.)”, XVI Konferencja „Biotechnologia: dziś na Uniwersytecie Technologiczno-Przyrodniczym, jutro w regionie kujawsko-pomorskim”, 08.06.2018 r., Bydgoszcz, Polska.

Mokrzycka M. – wyróżnienie za treść i formę referatu, Międzynarodowe Colloquium Biometryczne, 10–13.09.2018 r., Szamotuły, Polska.

Naganowska B., Książkiewicz M., Rychel S., Czyż K.; Wyróżnienie Wydziału II PAN przyznane za cykl 7 prac zatytułowany „Konstrukcja konsensusowych map genetycznych łubinu wąskolistnego i białego, określenie w genomach tych gatunków regionów konserwatywnych w obrębie roślin strączkowych oraz identyfikacja genów warunkujących cechę wczesności kwitnienia”, 22.11.2018 r.

Susek K., Bielski W., Naganowska B., Wolko B. – Nagroda Polskiego Towarzystwa Genetycznego w kategorii „genetyka roślin” za rok 2016 [decyzja ogłoszona 18.04.2018 r.] za publikację: **Susek K., Bielski W., Hasterok R., Naganowska B., Wolko B.** (2016). A first glimpse of wild lupin karyotype variation as revealed by comparative cytogenetic mapping. *Frontiers in Plant Science* 7:1152. DOI: 10.3389/fpls.2016.01152.

Pniowski T. – Polska Nagroda Inteligentnego Rozwoju w kategorii "Naukowiec przyszłości" za dotychczasowy dorobek badawczy w dziedzinie biotechnologii, przyznana przez Centrum Inteligentnego Rozwoju pod patronatem Prezes UPRP, Uniejów, 19.10.2018 r.

Święcicki W. – Medal im. M. Oczapowskiego przyznany przez Kapitułę przy Wydziale II Nauk Biologicznych i Rolniczych PAN za wybitny wkład w rozwój genetyki roślin, 2018 r.

Zakład Biotechnologii – Polska Nagroda Inteligentnego Rozwoju w kategorii "Instytut przyszłości" za realizację projektu "Ulepszona szczepionka pochodzenia roślinnego przeciwko WZW B", przyznana przez Centrum Inteligentnego Rozwoju pod patronatem Prezes UPRP, Uniejów, 19.10.2018 r.

ROZWÓJ KADRY NAUKOWEJ

Stopień naukowy doktora habilitowanego

Dr Agnieszka Kielbowicz-Matuk – stopień doktora habilitowanego w dziedzinie nauk biologicznych i dyscyplinie – biologia nadany przez Radę Wydziału Biologii UAM, 23 marca 2018 r.

Stopień naukowy doktora

Mgr inż. Joanna Cerazy-Waliszewska – stopień doktora nauk rolniczych nadany przez Radę Naukową IGR PAN 7 czerwca 2018 r. na podstawie pracy „Wykorzystanie zmienności naturalnej i opracowanie metodyki modyfikacji genetycznych traw z rodzaju *Miscanthus*, jako możliwości zwiększenia biomasy dla potrzeb produkcji paliw”; promotor: prof. dr hab. S. Jeżowski, opiekun: dr hab. T. Pniewski, prof. IGR PAN.

Mgr inż. Jagoda Czarnecka – stopień doktora nauk rolniczych nadany przez Radę Naukową IGR PAN 7 czerwca 2018 r. na podstawie pracy „Funkcja białka StZPR1 w regulacji ekspresji genów zależnych od cyklu okołodobowego podczas rozwoju oraz w odpowiedzi na stres abiotyczny u ziemniaka uprawnego (*Solanum tuberosum* L.)”, promotor: prof. dr hab. T. Rorat, promotor pomocniczy: dr hab. A. Kiełbowicz-Matuk.

Mgr Sandra Rychel – stopień doktora nauk rolniczych nadany przez Radę Naukową IGR PAN 27 lutego 2018 r. na podstawie pracy „Charakterystyka genów uczestniczących w procesie indukcji kwitnienia u łubinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.) i łubinu białego (*L. albus* L.)”; promotor: prof. dr hab. B. Wolko, promotor pomocniczy: dr M. Książkiewicz.

Stopień naukowy magistra

Andżelika Drozda, realizacja pracy magisterskiej, UP Poznań, do 29.06.2018 r., opiekun: dr inż. J. Cerazy-Waliszewska, promotor: dr hab. T. Pniewski, prof. IGR PAN.

Magistranci

Dutkiewicz Zuzanna, magistrantka, 1 stycznia–31 grudnia 2018 r., Wydział Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, promotor: G. Koczyk (planowana obrona w roku 2019).

Grodzka Klaudia, praca magisterska od października 2017 r., Wydział Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu; promotor: dr hab. A. Kiełbowicz-Matuk, (planowana obrona w 2019 r).

Homla Jan, realizacja pracy magisterskiej, Uniwersytet Adama Mickiewicza w Poznaniu, 1 stycznia–31 grudnia 2018 r. r., opiekun: dr hab. L. Błaszczuk.

Jasiewicz Katarzyna, praca magisterska od października 2017 r., Wydział Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu; promotor: dr hab. A. Kiełbowicz-Matuk, (planowana obrona w 2019 r).

Mikołajczak Katarzyna, realizacja pracy magisterskiej pt: „Izolacja i charakterystyka molekularna grzybów endofitycznych zasiedlających pszenicę zwyczajną (*Triticum aestivum* L.)”, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, obrona pracy 19 czerwca 2018 r., promotor: dr hab. L. Błaszczuk.

Szymańska Lucyna, realizacja pracy magisterskiej pt: „Wpływ grzybów z rzędu *Hypocreales* na kiełkowanie nasion pszenicy (*Triticum aestivum* L.) i ich zdolność do produkcji auksyn oraz związków auksyno-podobnych”, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, obrona pracy 28 czerwca 2018 r., promotor: dr hab. L. Błaszczuk, opiekun naukowy: mgr inż. Aneta Basińska-Barczak.

Inżynieranci

Mamot Oliwia, praca inżynierska przygotowywana w IGR PAN, (od 01.10. 2018 r.) – obrona luty 2019 r. Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, promotor: prof. dr hab. H. Wiśniewska, Tytuł pracy: Wykorzystanie markerów molekularnych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła powodowaną przez *Oculimacula sp.*

Stażyci

Błaszczuk Szymon, staż naukowy, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Biotechnologia / III r. studiów 1. Stopnia, 02.07.–5.10.2018 r., opiekun: dr M. Gawłowska.

Borowska Maja, lipiec–wrzesień 2018 r. Uniwersytet im. A.Mickiewicza w Poznaniu, program letnich praktyk; lipiec–październik, charakteryzacja miRNA w *Salix pupurea* oraz rozwój markerów SSR w *Salix*, opiekun: dr Jorge A. P. Paiva.

Brodziński Adrian, stażysta w okresie letnim, studentka Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza, 02.07–01.10.2018 r.; opiekun: dr S. Rajendran Kamalabai.

Carvajal Salazar Viviana, PhD student, University Chopingo, Mexico, 01.07–30.09.2018 r.

Dera Olga, staż naukowy, UAM w Poznaniu, III r. studiów 1 stopnia, 01.07 – 30.09.2018 r., opiekun: prof. dr hab. H. Wiśniewska.

Dolatabadian Aria, PhD student, University of Western Australia, Perth, Australia, 29.10.23.11. 2018 r.

Fórmański Krzysztof, Program stażowy dla studentów Wydziału Rolnictwa i Bioinżynierii Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu (UDA-POWR.03.01.00-00-S237/15), 30.07–30.08.2018 r., opiekun: mgr K. Sobańska, mgr M. Pyrski, dr hab. T. Pniewski, prof. IGR PAN.

Fraśniński Seweryn, staż naukowy krótkoterminowy, IHAR Radzików, 03–22.12.2018 r., opiekun: dr hab. Ł. Stępień, prof. IGR PAN.

Głogowska Weronika, staż naukowy krótkoterminowy, UAM Poznań, 02.07–01.10.2018r., opiekun: dr hab. Ł. Stępień, prof. IGR PAN.

Gratkowska Marta – UAM, Wydział Biologia, III rok I stopnia kierunku Biologia; staż od lipca-września 2018 r., opiekun: dr J. Kaczmarek.

Grzelak Natalia, Program stażowy dla studentów Uniwersytetu im. A. Mickiewicza w Poznaniu, 02.07–15.09.2018 r., opiekun: dr P. Ogrodowicz.

Janson Owen, study-visit connected with the project on Anglo-Saxon *mycophobia*, USA, September 2018 r.

Jarząb Michał, lipiec–wrzesień 2018 r., Uniwersytet im. A. Mickiewicza w Poznaniu, program letnich praktyk, lipiec–październik, indukcja kalusów do *Salix pupurea*, mgr C. Gomes opiekun, opiekun pomocniczy: dr Jorge A. P. Paiva.

Jendrasiak Mateusz, Uniwersytet Przyrodniczy, 02–31.07.2018 r., opiekun: dr J. Kaczmarek.

Jureczko Marcelina, staż naukowy krótkoterminowy, Politechnika Śląska w Gliwicach; 11–15.06.2018 r., opiekun: dr hab. Ł. Stępień, prof. IGR PAN.

Kaczmarek Paulina, Uniwersytet Przyrodniczy, staż 1-miesięczny, lipiec, opiekun: prof. dr hab. M. Jędrzycka.

Kulesza Kamila, staż naukowy krótkoterminowy, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, 10–21.12. 2018 r., opiekun: dr hab. Ł. Stępień, prof. IGR PAN.

Kołodziejska Daria, staż naukowy, UP w Poznaniu, Wydział Rolnictwa i Bioinżynierii / III r. studiów 1. Stopnia, 23.07–23.08 2018 r., opiekun: dr M. Kroc.

Martinez Barajas Aliberth, M.Sc., student, Univeristy Chopingo, Mexico, 17.01–30.03.2018 r.

Oldham Lucy, M.Sc. student, Scotland's Rural College, Edinburgh, UK 16–20.04.2018 r.

Pacewicz Klaudia, staż naukowy, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Biotechnologia / III r. studiów 1. Stopnia, 2.07–01.10.2018 r., opiekun: dr M. Kroc.

Przewoźnik Martyna, Program stażowy dla studentów Wydziału Rolnictwa i Bioinżynierii Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu (UDA-POWR.03.01.00-00-S237/15), 02–31.07.2018 r., opiekun: mgr K. Sobańska, mgr M. Pyrski, dr hab. T. Pniewski, prof. IGR PAN.

Przymuszała Marta, Program stażowy dla studentów Uniwersytetu im. A. Mickiewicza w Poznaniu, 02.07–15.09.2018 r., opiekun: dr P. Ogrodowicz.

Roque Jeronimo, MsC (Universitá degli Studi di Pavia, Itália), 01.10–31.12.2018 r. w ramach programu Erasmus +. Fenotypowa charakteryzacja mapowania populacji wierzby purpurowej (biomasa, wysokość, liczba serii). Analysis of the impact of DNA demethylation on purple willow desegregation, opiekun: dr Jorge A. P. Paiva.

Salha Maria, M.Sc. student, Scotland's Rural College, Edinburgh, UK 16–20.04.2018 r.

Sidorowicz Agnieszka, stażystka w okresie letnim, studentka Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza, 02.07–01.10.2018 r., opiekun: dr Franklin G.

Stachowiak Wiktoria – UAM, Wydział Biologia, III rok I stopnia kierunku Biologia; staż 3-miesięczny (lipiec-wrzesień 2018 r.), opiekun: prof. dr hab. M. Jędrzycka.

Stanko Aleksandra, lipiec 2018 r. Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, program letnich praktyk UP. Rozwój markerów SSR markers w *Salix spp.*

Spychała Julia, staż naukowy, UP Poznań, 03.07.–03.08.2018 r., opiekun: dr M. Gawłowska.

Mgr inż. Lucyna Szymańska, staż naukowy krótkoterminowy, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, 09.04–09.07.2018 r., opiekun: dr hab. L. Błaszczyk.

Wesołek Angelika, staż naukowy krótkoterminowy, UAM Poznań, 02.07–01.10.2018 r., opiekun: dr hab. Ł. Stępień, prof. IGR PAN.

Wright Sophie, M.Sc. student, Scotland's Rural College, Edinburgh, UK, 16–20.04.2018 r.

MIĘDZYNARODOWE STUDIA DOKTORANCKIE

Zarządzeniem Dyrektora IGR PAN 25 czerwca 2018 roku zostały utworzone stacjonarne Międzynarodowe Studia Doktoranckie (MSD) IGR PAN

Kierownik Międzynarodowych Studiów Doktoranckich IGR PAN

- *prof. dr hab. Małgorzata Jędrzycka*

Sekretariat Międzynarodowych Studiów Doktoranckich

- *mgr inż. Magdalena Roth*

Rok studiów	Kobiety	Mężczyźni	Ogółem	W tym cudzoziemcy
I	5	1	6	2
II	3	3	6	2
III	0	3	3	0
IV	1	0	1	1
Suma	9	7	16	5

Liczba uczestników studiów doktoranckich prowadzonych przez IGR PAN, w podziale na płeć doktorantów:				Liczba uczestników pobierających stypendia	
doktoranci ogółem		w tym: przyjęci		ogółem	w tym: stypendium doktoranckie, o którym mowa w art. 200 ust. 1 ustawy z dnia 27 lipca 2005 r. – Prawo o szkolnictwie wyższym, przyznane przez dyrektora instytutu PAN prowadzącego studia
		w roku sprawozdawczym			
K	M	K	M		
9	7	9	7		
Liczba uczestników studiów doktoranckich ogółem: 16				11	1
K		M			
9		7			
K – kobiety					
M – mężczyźni					

UCZESTNICTWO W KOMITETACH REDAKCYJNYCH CZASOPISM NAUKOWYCH

Acta Societatis Botanicorum Poloniae

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

Biohelikon

- dr hab. A. Kuczyńska, prof. IGR PAN – członek komitetu redakcyjnego.

Biometrical Letters

- dr hab. A. Kuczyńska, prof. IGR PAN – członek komitetu redakcyjnego.

Genetic Resources and Crop Evolution

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

Journal of Applied Biotechnology

- dr hab. A. Kuczyńska, prof. IGR PAN – członek komitetu redakcyjnego.

Journal of Applied Genetics

- prof. dr hab. Z. Kaczmarek – członek komitetu redakcyjnego,
- prof. dr hab. P. Krajewski – członek komitetu redakcyjnego,
- prof. dr hab. B. Naganowska – redaktor działu Plant genetics,
- prof. dr hab. M. Surma – członek komitetu redakcyjnego.

Journal of Integrated OMICS

- dr hab. A. Kosmala, prof. IGR PAN – członek komitetu redakcyjnego.

Legume Perspectives

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

Polish Journal of Microbiology

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

Forests

- dr J. Paiva – członek komitetu redakcyjnego.

Frontiers in Pharmacology

- dr F. Gregory – redaktor pomocniczy.

Frontiers in Plant Science

- dr D. Babula-Skowrońska – członek komitetu redakcyjnego,
- dr A. Kielbowicz-Matuk – członek komitetu redakcyjnego,
- dr hab. A. Kosmala, prof. IGR PAN – członek komitetu redakcyjnego,
- dr hab. R. Malinowski – redaktor pomocniczy,
- dr J. Paiva – redaktor pomocniczy,
- dr K. Susek – członek komitetu redakcyjnego.

Frontiers in Microbiology

- prof. dr hab. M. Jędrzycka – redaktor tematyczny tomu „Soil fungal biodiversity for soil and plant health” zawierający artykuły wydawane w latach 2017 i 2018.

Science of Nature

- dr hab. Łukasz Stępień, prof. IGR PAN – członek komitetu redakcyjnego.

Scientifica

- dr F. Gregory – członek komitetu redakcyjnego.

Rozprawy i Monografie Instytutu Genetyki Roślin PAN

- 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. T. Adamski

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

mgr W. Bielski

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

dr hab. L. Błaszczyk

- Sekretarz Zarządu Oddziału Poznańskiego Polskiego Towarzystwa Genetycznego, przewodnicząca Sekcji Mykologii i Mykotoksyn Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego.

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.

dr J. Kaczmarek

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

dr hab. A. Kosmala, prof. IGR PAN

- Członek Komisji Rewizyjnej Oddziału Poznańskiego Polskiego Towarzystwa Genetycznego.
- Członek Grupy Roboczej Roślin Pastewnych z ramienia Polski w The European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources.

prof. dr hab. P. Krajewski

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

dr hab. R. Malinowski

- Członek Komitetu Biotechnologii PAN.
- Recenzent oceniający osiągnięcia finalistów konkursu AgroBioTop.

mgr K. Masajada

- 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

- Członek Komitetu w Programie Dysertacji Doktorskich Plants4Life FCT PhD w ramach ITQB-NOVA doktorantów Margarida Sampaio i Jose Salvado.
- Członek komisji obrony doktorskiej Chano Victor na Universidade Politécnica de Madrid w Hiszpanii.

dr hab. Tomasz Pniewski, prof. IGR PAN

- Członek Bazy Ekspertów Narodowego Centrum Badań i Rozwoju.

dr hab. Ł. Stępień, prof. IGR PAN

- 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 Komitetu Agronomii PAN.
- Członek Zarządu *Pisum* Genetics Association i Komitetu dla Genomu *Pisum*.
- Członek założyciel „Legume Society”.

prof. dr hab. B. Wolko

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

prof. dr hab. H. Wiśniewska

- Członek Rady Programowej przy Instytucie Ochrony Roślin – Państwowym Instytucie Badawczym

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

12 stycznia 2018 r.

Noc Biologów w Instytucie Genetyki Roślin PAN, Poznań warsztaty i zajęcia laboratoryjne (6 godz.) dla 100 dzieci i młodzieży w wieku 12+; koordynator i dr Anna Stachowiak-Szrejbrowska, współorganizujący i prowadzący zajęcia mgr inż. P. Plewiński, mgr K. Masajada., mgr J. Różańska, mgr J. Fiedler.

16 stycznia 2018 r.

BIO-CAFE wykład dr F. Gregory "Prospects and Problems of Plant Genetic Engineering" dla studentów i doktorantów Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu, na zaproszenie Koła Naukowego Studentów Biotechnologii „Operon” Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu.

9 marca 2018 r.

Wykład dotyczący wyników badań uzyskanych w ramach realizacji Programu Wieloletniego, Płońsk, pt. „Deficyt białka paszowego w Polsce – hodowla odmian roślin strączkowych dla jego zaspokojenia” prowadzący prof. dr hab. W. Świącicki.

12 marca 2018 r.

Zajęcia z zakresu aerobiologii rolniczej na kierunku Ogrodnictwo, Wydział Ogródniczy, Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu, w ramach przedmiotu Współczesne kierunki w żywieniu i ochronie roślin; 4 godz., wykład i ćwiczenia prowadziły prof. dr hab. M. Jędrzycka i dr J. Kaczmarek.

13 marca 2018 r.

- **Zajęcia z zakresu aerobiologii rolniczej na kierunku Rolnictwo Wydziału Rolniczego Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu** pt. „Wykorzystanie metod molekularnych w systemach wspierania decyzji w ochronie roślin”, studia II stopnia, V rok, w ramach konwersatorium magisterskiego; 1 godz., prowadząca: prof. dr hab. M. Jędrzycka.
- **Wykład dotyczący wyników badań uzyskanych w ramach realizacji Programu Wieloletniego**, Sielinko, pt. „Deficyt białka paszowego w Polsce – hodowla odmian roślin strączkowych dla jego zaspokojenia” prowadzący prof. dr hab. W. Świącicki.

14 marca 2018 r.

Wykład dotyczący wyników badań uzyskanych w ramach realizacji Programu Wieloletniego, Środa, pt. „Deficyt białka paszowego w Polsce – hodowla odmian roślin strączkowych dla jego zaspokojenia” prowadzący prof. dr hab. W. Świącicki.

17 kwietnia 2018 r.

Bio-based Industries Joint Undertaking's (BBI JU) Info Day 2018, w Brukseli (Belgia) udział dr F. Gregory w spotkaniu z przedstawicielami środowisk akademickich oraz biznesowych, na których omawiany był projekt Hypexplor.

18 kwietnia 2018 r.

Wykład Otwarty, Instytut Matematyki i Informatyki UAM, "Dane wielowymiarowe i ich analiza w badaniach nad roślinami" – prof. dr hab. Paweł Krajewski

22 kwietnia 2018 r.

XXI Festiwal Nauki i Sztuki, Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, r. prezentacje i zajęcia pokazowe w Ośrodku Nauki PAN w Poznaniu; Festiwal Nauki i Sztuki organizowany jest przez poznański oddział PAN oraz Laboratorium Wyobraźni w Centrum Kongresowym przy ul. Wieniawskiego w Poznaniu, a działania ze strony IGR PAN koordynowała dr Izabela Pawłowicz z Zakładu Biologii Stresów Środowiskowych, współprowadzący - doktoranci, asystenci i adiunkci IGR PAN

7 maja 2018 r.

BIO-CAFE wykład mgr Preeti Shakya "The Art of Designing life by Synthetic Biology & The Indian Wedding Tale" dla studentów uniwersytetu im. Adama Mickiewicza.

15-16 maja 2018 r.

Warsztaty dla studentów kierunku Biologia roślin użytkowych, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Organizatorzy: prof. dr hab. M. Jędrzycka, dr hab. A. Kosmala, prof. IGR PAN. Liczba uczestników: 40 osób

➤ *Wykłady i zajęcia w IGR PAN:*

- „Wykorzystanie grzybów rzędu Mucorales do biodegradacji odpadów toksycznych, na przykładzie *Cunninghamella* spp.”, prowadzący mgr P. Serbiak.
- "Rośliny strączkowe - od mapowania genów do produkcji żywności", prowadzący prof. dr hab. W. Święcicki.
- „Genomika strukturalna łubinów”, prowadzący dr M. Książkiewicz.
- „Grzyby z rodzaju *Trichoderma* w biologicznej ochronie roślin uprawnych” prowadząca dr hab. L. Błaszczuk.
- „Trawy pastewne, kompleks *Lolium-Festuca* (kostrzewy-życice), krzyżowanie oddalone, tolerancja stresów abiotycznych u traw (susza, niska temperatura, zasolenie)”, prowadzący dr hab. A. Kosmala, prof. IGR PAN.
- „Wykorzystanie metod aerobiologicznych w ochronie roślin uprawnych przed chorobami”, prowadzące dr J. Kaczmarek, prof. dr hab. M. Jędrzycka.

➤ *Zajęcia 'praktyczne' w IGR PAN, 15 maja 2018 r.*

- „Urządzenia stosowane w aerobiologii rolniczej – pokaz praktyczny”, prowadząca dr J. Kaczmarek,
- Centrum Uprawy Roślin, prowadząca mgr M. Tomaszewska.

➤ *Zakład Doświadczalno-Dydaktyczny Uprawy Roli i Roślin w Złotnikach (UP w Poznaniu), 16 maja 2018 r.*

- Doświadczenia nawozowe z rzepakiem. Test płatkowy. „Drony”, prowadzący: mgr R. Chrzanowski, mgr T. Kucz.

- *Pola doświadczalne w Cerekwicy (IGR PAN), 16 maja 2018 r.*
- 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.

23 maja 2018 r.

Wykład na zaproszenie dla doradców, rolników i agrobiznesu, Poznań, „Kiła kapusty - zagrożenie zdrowotności upraw rzepaku w Polsce” seminarium LIMAGRAIN, prowadząca prof. dr hab. M. Jędrzycka.

2-3 lipca 2018 r.

Prezentacja na spotkaniu z doradcami, rolnikami i przedstawicielami agrobiznesu na Litwie „Decision Support System against Fusarium Head Blight of wheat based on aerobiological methods - advantages and drawbacks”. Lithuanian Research Centre for Agriculture and Forestry meeting “DSS Fusarium and Baltic wheat”, Dotnuva, Lithuania, prowadzący mgr P. Serbiak, mgr inż. W. Irzykowski, dr J. Kaczmarek, prof. dr hab. M. Jędrzycka

8 października 2018 r.

BIO-TALENT Monday (BIOM) wykład i zajęcia praktyczne (izolacja DNA) oraz zwiedzanie Centrum Uprawy Roślin i szklarni dla I klasy SP 62 (3 godz.); dr A. Stachowiak-Szrejbrowska, mgr M. Tomaszewska.

10 października 2018 r.

Wykład dotyczący wyników badań uzyskanych w ramach realizacji Programu Wieloletniego, Gołańcz, pt. „Deficyt białka paszowego w Polsce – hodowla odmian roślin strączkowych dla jego zaspokojenia” prowadzący prof. dr hab. W. Świącicki.

12 października 2018

Warsztaty pt. ”Zobaczyć DNA” dla klas 8 SP nr 38 w Poznaniu, IGR PAN, Poznań, 1 godz. wykładu i 2 godz. ćwiczeń, prowadzące dr hab. L. Błaszczuk, dr S. Salamon, mgr inż. A. Basińska-Barczak, mgr inż. K. Mikołajczak.

17 października 2018 r.

Wykład dotyczący wyników badań uzyskanych w ramach realizacji Programu Wieloletniego, Kadzidło i Ostrołęka, pt. „Deficyt białka paszowego w Polsce – hodowla odmian roślin strączkowych dla jego zaspokojenia” prowadzący prof. dr hab. W. Świącicki.

6 listopada 2018 r.

Prezentacja na spotkaniu z doradcami, rolnikami i przedstawicielami agrobiznesu na Łotwie „Fusarium DSS based on aerobiology”. Latvian Plant Protection Research Centre (LPPRC), Ryga, Łotwa, prowadzący prof. dr hab. M. Jędrzycka, dr J. Kaczmarek, mgr inż. W. Irzykowski, mgr P. Serbiak.

7 listopada 2018 r.

Wykład dotyczący wyników badań uzyskanych w ramach realizacji Programu Wieloletniego, Kościerzyn, pt. „Deficyt białka paszowego w Polsce – hodowla odmian roślin strączkowych dla jego zaspokojenia” prowadzący prof. dr hab. W. Świącicki.

7-9 listopada 2018 r.

Integrative Plant Biology IPG PAS Conference, Centrum Kongresowe Instytutu Ochrony Roślin – Państwowego Instytutu Badawczego przy ulicy Węgorzka 20 w Poznaniu. Spotkanie zostało zorganizowane w ramach realizacji WP 5, projektu BIO-TALENT. Wydarzenie zostało podzielone na 4 bloki tematyczne: (1) Integrative Approaches to Study Complex Biological Systems, (2) New Dimension of the Plant Pathogen Interactions, (3) Plant Production oraz (4) Plant Biotechnology. Każdy z bloków został dodatkowo podzielony na 2 sesje prowadzone przez zaproszonych specjalistów z danej dziedziny. Konferencję rozpoczął wykład inauguracyjny pt. „**Integrative approaches to study Plasmodiophora brassicae disease in plants**” wygłoszony przez dr hab. Roberta Malinowskiego. Ponadto zaproszonych zostało 18 wykładowców, będących autorytetami w poruszanych dyscyplinach naukowych, pochodzących z 15 instytucji naukowych, reprezentujących łącznie 7 krajów.

22 listopada 2018 r.

BIO-CAFE wykład dr Jorge Paivy "Deciphering regulation of wood formation in plants ", dla uczniów klasy VIII SP 67.

23 listopada 2018 r.

Wykład w Katedrze Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin SGGW w Warszawie, "High throughput DNA sequencing: some applications and data analysis methods" – prof. dr hab. Paweł Krajewski

7 grudnia 2018 r.

BIO-CAFE wykład dr Williama Trumana "Genomes, Transcriptomes and Interactomes: Using Arabidopsis Resources to Investigate Clubroot Disease" dla uczestników seminarium Towarzystwa Fitopatologicznego na Uniwersytecie Przyrodniczym w Poznaniu.

14 grudnia 2018 r.

Wykład dotyczący wyników badań uzyskanych w ramach realizacji Programu Wieloletniego, Brwinów, pt. „Deficyt białka paszowego w Polsce – hodowla odmian roślin strączkowych dla jego zaspokojenia” prowadzący prof. dr hab. W. Świącicki.

15 grudnia 2018 r.

Wykład i ćwiczenia dla studentów Studium Podyplomowego na Wydziale Chemii Uniwersytetu im. A. Mickiewicza Poznań, „Analizy roślinnych metabolitów wtórnych techniką HPLC-MS” „Analityka chemiczna”, prowadzący wykład prof. dr hab. P. Kachlicki, ćwiczenia prowadzili mgr A. Piasecka i mgr D. Kruszka, łącznie 10 godz., promotorstwo 8 prac dyplomowych na w/w Studium.

Rok akademicki 2018

Wykłady i ćwiczenia dla studentów Uniwersytetu Zielonogórskiego: „Biotechnologia roślin” 30 godzin, „Mikrorozmnażanie roślin” 45 godzin, prowadzący prof. dr hab. T. Adamski.

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 IF₂₀₁₈= 1,756.

INFORMACJE O DZIAŁALNOŚCI NAUKOWEJ

WAŻNIEJSZE OSIĄGNIĘCIA

I. Zakład Biologii Stresów Środowiskowych

- Wykazano, że hartowanie aparatu fotosyntetycznego do niskiej temperatury jest jednym z kluczowych komponentów hartowania na mróz traw kompleksu *Lolium-Festuca*, a jej wydajność jest zależna od wydajności cyklu Calvina. Jednym z istotnych komponentów regulujących wydajność cyklu Calvina w niskiej temperaturze u traw pastewnych jest z kolei poziom akumulacji i aktywności różnych izoform chloroplastowej aldolazy fruktozo-1,6-bisfosforanowej.
- Określono biologiczną funkcję białek StBBX24 i StZPR1, jako regulatorów czasu kwitnienia u *S. tuberosum*, odm. Desiree, które kontrolują przejście z wegetatywnej fazy rozwoju do generatywnej.

II. Zakład Biometrii i Bioinformatyki

- Opisano zależność zmian ekspresji genów i zmian modyfikacji chromatyny w komórkach towarzyszących floemu *A. thaliana* zachodzące pod wpływem wzrastającej długości dnia.
- Wykazano niejednorodną genezę klastra biosyntezy makrolaktonów poliketydowych u workowców z rzędu Hypocreales (3/4 zdarzenia HGT lub wczesnej duplikacji).
- Udowodniono rekrutację genu akcesorycznego halogenazy makrolaktonów ze szlaków biosyntezy poliketydów spirocyklicznych (grizeofulwina, geodyna).

III. Zakład Biotechnologii

- W badaniach nad wpływem stresu niedoboru wody na rozwój i architekturę systemu korzeniowego u jęczmienia wykorzystując metodę elektryczności pierwotnej stwierdzono pozytywną i istotną korelację między większością cech związanych z częścią nadziemną rośliny, a cechami systemu korzeniowego. Stwierdzono również, że zwiększona synteza stigmasterolu w syryjskiej linii jęczmienia jarego CamB1 w warunkach niedoboru wody i wysokiej temperatury determinuje jej odporność na stres (**Zespół Fenotypowania i Genotypowania Zbóż**).
- W ramach tematyki bioenergetycznej wykazano efekt modyfikacji genetycznych ścian komórkowych w tytoniu, jako roślinie modelowej na poziomie transkrypcji, zmian biochemicznych i wydajności fermentacji alkoholowej biomasy. W badaniach związanych z biofarmingiem wykazano istotnie efektywną immunogenność oraz określono typ indukowanej odpowiedzi immunologicznej po szczepieniu iniekcyjnym, jako pierwotnym i doustnym, jako przypominającym z użyciem HBcAg pochodzenia roślinnego (**Zespół Bioinżynierii**).

IV. Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin

- Opracowano system trawień restrykcyjnych wytypowanego fragmentu DNA u ponad 140 gatunków grzybów rodzaju *Fusarium*. Przy pomocy 2-4 trawień można jednoznacznie zidentyfikować 116 gatunków, a pozostałe przypisać do grup 2-7 gatunkowych. Przygotowano opis patentowy opracowanej metody oraz materiały szkoleniowe dla programu komputerowego służącego do rozpoznania wzoru restrykcyjnego.

- Wykazano odmienną reakcję szczepów *Fusarium proliferatum* na stresy abiotyczne (zasolenie, temperatura, stres osmotyczny), obserwowaną w zmianach ekspresji wybranych genów i akumulacji biomasy.
- Udowodniono wpływ frakcjonowanych ekstraktów na biosyntezę fumonizyn, akumulację biomasy oraz transkrypcję genów związanych z odpowiedzią na stres u *F. proliferatum*.
- Wykazano zróżnicowaną patogeniczność szczepów *F. proliferatum* pochodzących z różnych roślin w teście biologicznym na roślinach szparaga i czosnku.
- Zidentyfikowano kolejne pochodne toksyn z grupy cyklicznych peptydów (bowerycyny i boweniatyny).
- Analiza zmian morfologicznych, anatomicznych, fizjologicznych, proteomicznych i metabolomicznych potwierdziła brak jednoznacznej reakcji roślin pszenicy na grzyby *Trichoderma*, co może świadczyć, że zachodzące w roślinach zmiany zależą zarówno od gatunku / szczepu *Trichoderma* jak i od odmiany pszenicy.
- Wykazano, że grzyby *Trichoderma* są zdolne do produkcji związków auksynopodobnych i mogą mieć wpływ na kiełkowanie nasion pszenicy.

V. Zakład Genomiki

- Zidentyfikowano gen kandydacki zaangażowany w proces biosyntezy alkaloidów chinolizydynowych (QA) u łubinu wąskolistnego. Zidentyfikowany czynnik transkrypcyjny APETALA2/ethylene response transcription factor (*RAP2-7*), kosegregujący z genem głównym ogólnej zawartości alkaloidów “*iucundus*” oraz zlokalizowany w regionie głównych QTL dla zawartości alkaloidów, prawdopodobnie pełni kluczową rolę w regulacji biosyntezy QA u łubinu wąskolistnego.
- Opracowano porównawczą bazę danych transkryptomów wszystkich gatunków łubinów Starego Świata i ich form botanicznych (oraz wybranych gatunków roślin strączkowych), jako kompleksowe źródło danych o zróżnicowaniu genetycznym w obrębie rodzaju *Lupinus*. Określono powiązania filogenetyczne łubinów na podstawie analiz wysokiej rozdzielczości z użyciem transkryptomów w celu badań dynamiki zmian ewolucyjnych roślin w odniesieniu do sekwencji poszczególnych genów i ich funkcji.
- Zweryfikowano odporność roślin mieszańcowych pszenżyta z introgresją chromatyny genomu D na rdzę brunatną. Uzyskane wyniki ujawniły ograniczoną odporność roślin mieszańcowych w stadium siewki i wzrost poziomu odporności w późniejszych etapach rozwoju rośliny. Wybrane genotypy wykazywały odporność w stadium rośliny dojrzałej (APR) wnoszoną przez gen *Lr22a* przeniesiony z *Ae. tauschii*. Na podstawie analiz makro- i mikroskopowych uznano ten rodzaj odporności za addytywny i rasowo-specyficzny.

VI. Zakład Zintegrowanej Biologii Roślin

- Opracowanie metody pozyskiwania i oczyszczania substancji farmakologicznie czynnych z wykorzystaniem nanocząsteczek.
- Opisanie komórkowych podstaw rozwoju narośli w trakcie infekcji roślin przez *P. brassicae*.

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 hab. Agnieszka Kielbowicz-Matuk</i> <i>mgr inż. Magdalena Biegańska</i> <i>dr Jagoda Czarnecka (do 15.07.2018 r.)</i> <i>mgr inż. Urszula Talar</i>
Zespół Fizjologii Molekularnej i Cytogenetyki Roślin (FMiCR)	<i>dr hab. Arkadiusz Kosmala, prof. IGR PAN</i> <i>prof. dr hab. Zbigniew Zwierzykowski (50%)</i> <i>dr Danuta Babula-Skowrońska</i> <i>dr Tomasz Książczyk (urlop bezpłatny od 1.07.2017r.)</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)</i> <i>mgr Joanna Majka (doktorantka)</i> <i>mgr Katarzyna Masajada (doktorantka)</i> <i>mgr Joanna Różańska (doktorantka do 30.09.2018r.)</i> <i>mgr Natalia Żyła (doktorantka od 5.11.2018 r.)</i>

Współautorstwo publikacji	Kierownictwo projektów	
	<u>ogółem</u>	<u>ogółem</u>
	23	6
Lista A	6	UE
Lista B	-	Międzynarodowy - bilateralny
Lista C	-	Rządowe
Monografie i rozdziały	1	NCN/NCBiR/POIG
Inne	16	MRiRW
Liczba „N”	6,5	Inne

Udział w projektach	
	<u>ogółem</u>
	7
UE	-
Międzynarodowy - bilateralny	-
Rządowe	-
NCN/NCBiR/POIG	4
MRiRW	3
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 kontrolujące plastyczność odpowiedzi *Brassica napus* na stresy abiotyczne; (iii) funkcje białek StZPR1 i StBBX24 u *Solanum tuberosum* podczas rozwoju oraz w odpowiedzi na stresy środowiskowe oraz (iv) identyfikację genów kodujących kluczowe induktory kwitnienia i tuberyzacji u *S. tuberosum* oraz poznanie bezpośrednich regulatorów transkrypcji, wśród białek z domeną palca cynkowego typu B-box (BBX) dla kluczowych induktorów kwitnienia i tuberyzacji.

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 i deficytu wody u traw pastewnych kompleksu *Lolium-Festuca*; (ii) poznanie molekularnych mechanizmów kontrolujących plastyczność odpowiedzi *B. napus* na stresy abiotyczne; (iii) analiza funkcjonalna białek StZPR1 i StBBX24 u *S. tuberosum* podczas rozwoju oraz w odpowiedzi na stresy środowiskowe; (iv) identyfikacja genów kodujących kluczowe induktory kwitnienia i tuberyzacji u *S. tuberosum* oraz poznanie bezpośrednich regulatorów ich transkrypcji wśród białek BBX.

Prace **Zespołu Fizjologii Molekularnej i Cytogenetyki Roślin** mają charakter wieloletni i są w dużej mierze kontynuacją badań zainicjowanych w latach wcześniejszych.

W 2018 r. prowadzono badania w zakresie poznania mechanizmów tolerancji niskiej temperatury, w tym mrozu u traw pastewnych kompleksu *Lolium-Festuca* w oparciu o wyselekcjonowane wcześniej dwie linie form introgresywnych *L. multiflorum/F. arundinacea* o zróżnicowanym poziomie mrozoodporności – linię o wysokim poziomie mrozoodporności (ang. HFT, high frost tolerant) oraz linię o niskim poziomie mrozoodporności (ang. LFT, low frost tolerant). Linie te charakteryzowały się różną zdolnością do odrostu po mrożeniu oraz różnym poziomem stabilności błon biologicznych w warunkach stresowych. Wykazano, w oparciu o analizy fizjologiczno-proteomiczne, że hartowanie aparatu fotosyntetycznego do niskiej temperatury było jednym z kluczowych komponentów hartowania na mróz badanych form introgresywnych, a jej wydajność była zależna od wydajności cyklu Calvina. Jednym z istotnych komponentów regulujących wydajność cyklu Calvina w niskiej temperaturze u analizowanych traw pastewnych był z kolei poziom akumulacji i aktywności różnych izoform chloroplastowej aldolazy fruktozo-1,6-bisfosforanowej. Ponadto, wykazano, w oparciu o analizy RT-qPCR w trakcie trzech tygodni hartowania na mróz, wyższy poziom ekspresji genów, kodujących chloroplastową kinazę fosfoglicerynianową i aldolazę fruktozo-1,6-bisfosforanową oraz białka cor14b i Wcor80 (tylko w pierwszych pięciu dniach hartowania), u form introgresywnych o wyższym poziomie mrozoodporności. Wyższy poziom akumulacji białka u form HFT, w oparciu o analizy Western blot, stwierdzono m.in. dla większości punktów czasowych hartowania, w przypadku cor14b, Wcor80 i aldolazy chloroplastowej. U form introgresywnych HFT, wykazano również wyższy poziom aktywności peroksydaz komórkowych. Co ciekawe, u form LFT stwierdzono w ubiegłym roku wyższy poziom akumulacji anionorodnika ponadtlenkowego i nadtlenu wodoru, co mogłoby wskazywać na wyższy potencjał systemu antyoksydacyjnego u roślin o wyższym poziomie mrozoodporności.

Badania w zakresie poznania mechanizmów odporności na suszę u traw pastewnych kompleksu *Lolium-Festuca* prowadzono w trzech grupach roślin: u form introgressywnych *L. multiflorum*/*F. arundinacea*, u genotypów *F. arundinacea* i u genotypów *F. glaucescens*. W obrębie każdej grupy analizowano rośliny o zróżnicowanym poziomie odporności na suszę – rośliny o wysokim poziomie odporności (ang. HDR, high drought resistant) oraz rośliny o niskim poziomie odporności (ang. LDR, low drought resistant). Analizy fizjologiczno-molekularne prowadzono w warunkach kontrolnych, w trakcie 11 dni deficytu wodnego i 10 dni po wtórnym nawodnieniu. Dla każdej z grup badanych roślin zaobserwowano odmienne reakcje metabolizmu komórkowego, w ujęciu reakcji na suszę oraz w odniesieniu do ich poziomu odporności na warunki stresowe. Genotypy LDR w przypadku *F. arundinacea* i *F. glaucescens* charakteryzowały się istotnym obniżeniem relatywnej zawartości wody w komórce (RWC) i zwiększeniem poziomu wycieku elektrolitów (EL; zmniejszoną stabilnością błon biologicznych) w warunkach zaawansowanej suszy. Cechowały się jednak również stosunkowo wysoką zdolnością do regeneracji metabolizmu po ustąpieniu warunków stresowych. Genotypy HDR w przypadku obu gatunków nie wykazywały natomiast spadku RWC i wzrostu EL w warunkach stresowych, co może być domeną zarówno strategii unikania, jak i tolerowania suszy. Zaobserwowano różnice w dynamice akumulacji anionorodnika i nadtlenu wodoru w warunkach stresu pomiędzy *F. arundinacea* i *F. glaucescens*, przy minimalnych różnicach międzygenotypowych w obrębie gatunku. Genotypy HDR obu gatunków wykazywały wyższy poziom akumulacji chloroplastowej aldolazy w trakcie deficytu wodnego, co może świadczyć o wyższej wydajności cyklu Calvina u tych roślin. Ten aspekt badawczy wymaga dalszych analiz. W przypadku form introgressywnych zaobserwowano różnice w poziomie stabilności błon biologicznych pomiędzy genotypami HDR i LDR w trakcie stresu. Nie wynikało to jednak z różnic w poziomie RWC u obu grup roślin, lecz raczej z różnej wrażliwości błon na ten sam poziom stresu deficytu wody w komórce. Co ciekawe, wyższy poziom akumulacji chloroplastowej aldolazy obserwowano w trakcie stresu u form introgressywnych o niższej odporności na suszę. Dalsze badania będą uwzględniały między innymi analizę aktywności enzymów cyklu Calvina, w tym aldolazy w warunkach stresowych i kontrolnych.

Inny kierunek badań Zespołu koncentruje się na badaniu komórkowej sieci interakcji genów kontrolowanych przez układ ABI1/HB6 u rzepaku ozimego (*Brassica napus* var. *oleifera*) w warunkach stresów środowiskowych. Obecnie badany jest udział wybranych paralogów genu ABI1 (kodujących fosfatazę białkową PP2C) w kontroli ścieżek sygnałowych, zależnych od czynnika transkrypcyjnego HB6 w warunkach stresu solnego i suszy u rzepaku. W tym celu zostały wyizolowane cztery paralogii genu *BnaHB6* (kodującego czynnik transkrypcyjny HD-Zip klasy I). Określono również ich strukturę. Prace skupiły się na ustaleniu wzorów ekspresji dla tych paralogów w warunkach stresu solnego, suszy i chłodu, w różnych organach (liścienie, liście właściwe, łodygi, korzenie) oraz na wczesnych etapach rozwoju (1, 2, 3, 4 i 7 tydzień kiełkowania). Analiza ekspresji 4 paralogów genu *BnaHB6* u rzepaku w warunkach stresowych, w różnych organach i na wczesnych etapach rozwoju, wskazała na ich udział w regulacji stresu i procesów rozwojowych. Zaobserwowano zróżnicowane wzory ekspresji w warunkach stresowych. W stresie suszy indukowane były: *BnaC08.HB6.a*, *BnaA04.HB6.b* i *BnaC04.HB6.b*; w stresie solnym: *BnaA09.HB6.a*, *BnaC08.HB6.a* oraz *BnaC04.HB6.b*, natomiast w stresie chłodu jedynie *BnaC08.HB6.a*. Ponadto, wszystkie paralogii genu *BnaHB6* ulegały ekspresji w badanych organach, z najwyższym poziomem w liściach i korzeniu. Wyniki te wskazują na prawdopodobną dywergencję funkcjonalną zduplikowanych kopii *BnaHB6* w badanych warunkach.

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

W 2018 r. zidentyfikowano geny kodujące potencjalne induktory kwitnienia i tuberyzacji (homologii genu FT) w genomie *S. tuberosum*, odm. Desiree. Następnie przeprowadzono analizę ekspresji genów FT w różnych organach roślin odmiany Desiree znajdujących się w różnym stadium rozwoju wegetatywnego i generatywnego, rosnących w warunkach dnia długiego i dnia krótkiego. Uzyskano rośliny transgeniczne *S. tuberosum* z nadekspresją genów FT. Trwają badania nad identyfikacją bezpośrednich regulatorów ekspresji genów FT spośród białek StBBX. Ponadto, przeprowadzono analizę wiązania białek rekombinowanych StBBX3 i StBBX4 do rejonu promotorowego genów FT w warunkach *in vitro*, metodą EMSA. Uzyskano rośliny transgeniczne *S. tuberosum* z nadekspresją genu StBBX4 oraz genu StBBX3. Dodatkowo, przygotowano konstrukty dla uzyskania roślin *S. tuberosum*, odm. Desiree z mutacją typu knockout w genach StBBX3 i StBBX4, przy zastosowaniu systemu CRISPR/Cas9. Zidentyfikowano białka oddziałujące z StBBX24 metodą koimmunoprecypitacji. Potwierdzono interakcję pomiędzy białkiem StBBX24, a jego potencjalnym partnerem w warunkach *in vivo*, przy zastosowaniu dwuhybrydowego systemu drożdżowego.

Lista projektów badawczych Zakładu

NCN

1. OPUS 8 „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 2015–20 stycznia 2019, **A. Kielbowicz-Matuk**, J. Czarnecka, M. Biegańska.
2. 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 2017–2 lipca 2020, **A. Kosmala**, I. Pawłowicz, K. Masajada, M. Arasimowicz-Jelonek (UAM, Poznań).
3. OPUS 12 „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 2017–25 lipca 2020, **D. Babula-Skowrońska**, J. Różańska, J. Fidler, T. Cegielska-Taras (IHAR, Poznań), L. Szała (IHAR, Poznań), A. Ludwików (UAM, Poznań).
4. ETIUDA 6 „Charakterystyka cytogenetyczna *Festuca pratensis* oraz allotetraploidalnego mieszańca *Festuca pratensis* × *Lolium perenne*”, nr 2018/28/T/NZ9/00074, 1 października 2018–30 września 2019, **J. Majka**.
5. PRELUDIUM 13 „Analiza molekularnych mechanizmów mrozoodporności u form introgresywnych *Lolium multiflorum/Festuca arundinacea*”, nr 2017/25/N/NZ9/00001, 1 lutego – 31 stycznia 2020, **A. Augustyniak**.

MRiRW

1. „Identyfikacja genów związanych z ekspresją zimotrwałości i tolerancji suszy u form introgresywnych *Lolium multiflorum/Festuca arundinacea*”, projekt nr 35, 1 stycznia 2014 – 31 grudnia 2020, **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).

Spis publikacji Zakładu Biologii Stresów Środowiskowych

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

1. **Augustyniak A., Perlikowski D.,** Rapacz M., Kościelniak J., **Kosmala A.** (2018). Insight into cellular proteome of *Lolium multiflorum*/*Festuca arundinacea* introgression forms to decipher crucial mechanisms of cold acclimation in forage grasses. *Plant Science* 272: 22–31. DOI: 10.1016/j.plantsci.2018.04.002.
Punkty MNiSW: 35
Impact Factor: 3,712
2. Jakubowicz M., Nowak W., Gałgański Ł., **Babula-Skowrońska D.** (2018). Expression profiling of genes encoding ABA route components in response to dehydration or various light conditions in poplar buds and leaves. *Journal of Plant Physiology* 223: 84–95. DOI: 10.1016/j.jplph.2018.01.011.
Punkty MNiSW: 35
Impact Factor: 2,833
3. Lusinska J., **Majka J.,** Betekhtin A., **Susek K.,** Wolny E., Hasterok R. (2018). Chromosome identification and reconstruction of evolutionary rearrangements in *Brachypodium distachyon*, *B. stacei* and *B. hybridum*. *Annals of Botany* 122: 445–459. DOI: 10.1093/aob/mcy086.
Punkty MNiSW: 40
Impact Factor: 3,646
4. **Majka J., Zwierzykowski Z., Majka M., Kosmala A.** (2018). Karyotype reshufflings of *Festuca pratensis*×*Lolium perenne* hybrids. *Protoplasma* 255: 451–458. DOI: 10.1007/s00709-017-1161-5.
Punkty MNiSW: 30
Impact Factor: 2,457
5. **Pawłowicz I.,** Waśkiewicz A., **Perlikowski D.,** Rapacz M., **Ratajczak D., Kosmala A.** (2018). Remodeling of chloroplast proteome under salinity affects salt tolerance of *Festuca arundinacea*. *Photosynthesis Research* 137: 475–492. DOI: 10.1007/s11120-018-0527-7.
Punkty MNiSW: 40
Impact Factor: 3,091
6. Płażek A., Pocięcha E., **Augustyniak A., Masajada K.,** Dziurka M., **Majka J., Perlikowski D., Pawłowicz I., Kosmala A.** (2018). Dissection of resistance to *Microdochium nivale* in *Lolium multiflorum*/*Festuca arundinacea* introgression forms. *Plant Physiology and Biochemistry* 123: 43–53. DOI:10.1016/j.plaphy.2017.11.022.
Punkty MNiSW: 35
Impact Factor: 2,718

Autorstwo/redakcja monografii; autorstwo rozdziału w monografii

1. **Masajada K., Augustyniak A., Perlikowski D., Ratajczak D., Zwierzykowski W., Pawłowicz I., Kosmala A. (2018).** Physiological indicators of tolerance to soil water deficit in *Lolium multiflorum/Festuca arundinacea* introgression forms. In: G. Brazauskas, K. Janovičienė, G. Statkevičiūtė (eds.), *Breeding Grasses and Protein Crops in the Era of Genomics*. Springer International Publishing AG, Cham, Switzerland, pp. 176–180. DOI: 10.1007/978-3-319-89578-9_32.

ZAKŁAD BIOMETRII I BIOINFORMATYKI

Kierownik Zakładu	prof. dr hab. Paweł Krajewski
Zespół Biometrii i Bioinformatyki (ZBiB)	prof. dr hab. Paweł Krajewski prof. dr hab. Zygmunt Kaczmarek (prof. em.) dr Aneta Sawikowska mgr inż. Hanna Ćwiek-Kupczyńska mgr inż. Monika Mokrzycka (od 1.02.2018 r.) mgr Maria Nuc (od 15.01.2018 r., doktorantka)
Zespół Ewolucji Funkcji Systemów Biologicznych (ZEFSB)	dr Grzegorz Koczyk dr Katarzyna Czyż (od 02.2018 r. na urlopie macierzyńskim) mgr Piotr Zaremba (doktorant, wolontariusz od 10.2016 r.) mgr Michał Kawaliło (od 03.2018 r., doktorant)

Współautorstwo publikacji		Kierownictwo projektów	
	<u>ogółem</u>		<u>ogółem</u>
	31		7
Lista A	6	UE	1
Lista B	-	Międzynarodowy - bilateralny	-
Lista C	-	Rządowe	-
Monografie i rozdziały	1	NCN/NCBiR/POIG	6
Inne	24	MRiRW	-
Liczba „N”	4,25	Inne	-

Udział w projektach

	<u>ogółem</u>
	18
UE	-
Międzynarodowy - bilateralny	-
Rządowe	1
NCN/NCBiR/POIG	6
MRiRW	2
Inne	9

Badania Zakładu Biometrii i Bioinformatyki w roku 2018 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 analiz filogenomicznych i oceny, jakości składanych de novo konsensusowych transkryptomów roślin.

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 z roślinami.

ERA-CAPS FLOWPLAST. Celem projektu było zbadanie podstaw molekularnych plastyczności kontroli czasu kwitnienia u *Arabidopsis thaliana* w reakcji na czynniki środowiskowe (temperaturę i długość dnia). Opracowano wyniki doświadczeń na temat zmian modyfikacji chromatyny H3K4me3 i H3K27me3 i równoczesnych zmian ekspresji genów w komórkach towarzyszących floemu.

EPPN2020. Celem projektu jest rozwój technologii fenotypowania roślin w warunkach kontrolowanych i dostarczenie europejskim grupom badawczym możliwości dostępu do nowoczesnych platform fenotypowania roślin. W roku sprawozdawczym prace dotyczyły modyfikacji standardu Minimum Information about Plant Phenotyping Experiment (MIAPPE) poprzez opisanie reprezentacji semantycznej i mapowanie do modelu danych Breeding API (BrAPI), a także aktualizacji konfiguracji formatu ISA-Tab dla MIAPPE v1.1 (we współpracy z grupą ISA z Oxford University i przedstawicielami projektu ELIXIR). We współpracy z WUR analizowano metadane eksperymentów prowadzonych na platformach fenotypowania, aby zweryfikować wymagania dotyczące formatu ISA-Tab. W warstwie organizacyjnej, opracowywano zasady koordynacji odpowiedzialności i podziału obowiązków między projektami EMPHASIS i ELIXIR w dalszej pracy nad MIAPPE.

Harmonia. Celem projektu 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* and *sdw1.d*. Przeprowadzono doświadczenie, w którym w warunkach kontrolowanych (CUR) badano wpływ podwyższonej temperatury na wczesny rozwój roślin. W trakcie wegetacji, w dwu punktach czasowych, wykonywano ekstrakty DNA i RNA przeznaczone do analiz działania czynników transkrypcyjnych oraz analiz ekspresji genów za pomocą sekwencjonowania nowej generacji (metodami, odpowiednio, ChIP-seq i RNA-seq). W doświadczeniu badano także parametry fizjologiczne związane z fotosyntezą oraz względną zawartość wody w roślinach. Zsekwencjonowano geny zaangażowane w syntezę giberelin oraz poprzez analizę bioinformatyczną oceniono polimorfizm materiału i możliwości wiązania wybranych czynników transkrypcyjnych.

Biostrateg HYBRE. Celem projektu jest opracowanie strategii dla realizacji programu polskiej hodowli pszenicy heterozyznej. Analizowano wyniki genotypowania 510 form pszenicy (odmian i linii hodowlanych) za pomocą markerów DArt-seq, SilicoDArt i SSR. W wyniku selekcji otrzymano zbiory informatywnych markerów molekularnych. Wstępnie oceniono strukturę populacji za pomocą analizy współrzędnych głównych prowadzonej na macierzy pokrewieństwa form. Przeprowadzono analizę statystyczną wyników doświadczeń polowych prowadzonych w czterech środowiskach w celu oceny cech fenologicznych, występowania chorób grzybowych, własności pyłku oraz komponentów plonu.

Preludium nr 2016/21/N/ST6/02358. Celem projektu jest opracowanie metody porównywania zbiorów danych ilościowych pochodzących z eksperymentów fenotypowania roślin w oparciu o ich adnotacje semantyczne. Opracowano semantyczny model opisu wyników analizy danych za pomocą modeli mieszanych (w pakietach statystycznych GenStat i R: *lme4*, *nlme*). Zaproponowano zmiany w ontologii terminów statystycznych STATO. Przygotowano i udostępniono prototyp systemu do organizacji wyników analiz zbiorów danych. Ponadto, przebadano politykę czasopism naukowych i repozytoriów w zakresie publikowania zbiorów danych fenotypowych.

Zespół Ewolucji Funkcji Systemów Biologicznych

Celem prowadzonych przez Zespół badań było wypracowanie i przetestowanie nowych narzędzi analizy danych genomicznych i transkryptomicznych. W szczególności skupiono się na opartej na filogenezie adnotacji funkcjonalnej (rekoncyliacji historii gatunków

i rodzin, kontynuacja badań z lat poprzednich) oraz ocenach, jakości złożonych transkryptomów z wykorzystaniem złożonych cząstkowych o różnych parametryzacjach (rodzaj algorytmu, długość k-meru, ustawienia normalizacji cyfrowej mającej na celu redukcję redundancji informacyjnej krótkich odczytów pochodzących z sekwencjonowania nowej generacji).

W ramach badań statutowych rozpoczęto próby zastosowania miar podobieństwa opartych na Dyskretnej Transformacji Ramanujana dla oceny, jakości konsensusowych transkryptomów roślinnych (transkryptomy bobowatych, patrz poniżej). Jednocześnie w ramach współpracy z Pracownią Patogenezy Roślin IBB PAN (M. Krzymowska) sfinalizowano analizy sekwencji atypowych hydrolaz nukleozydów (grzybowe i roślinne homologi białka HopQ), a wyniki zostały opublikowane (Piechocki i in. 2018).

W ramach projektu NCN/SONATA (2016/21/D/NZ8/01300) przeprowadzono składanie oraz ocenę kompletności ortologicznej konsensusowych transkryptomów trzech gatunków roślin strączkowych (*Caesalpinia sturii*, *C. mimosoides*, *Silene obtusifolia*). W ramach współpracy z Zakładem Genomiki (M. Kroc) przygotowano ponadto transkryptomy dwu łubinów (*Lupinus albus*, *L. luteus*). We wszystkich przypadkach, uzyskano przekraczającą 90% kompletność ortologiczną oraz wysoką jakość transkryptomów powiązanych ze zdolnością roślin do biosyntezy metabolitów wtórnych, będących przedmiotem zainteresowania współpracujących Zespołów.

W ramach trwającego projektu NCN/OPUS (2016/21/B/NZ9/01875) kontynuowano analizy potencjalnych producentów makrolaktonów (m.in. kurwularyna, dehydrokurwularyna, zearalenon, resorcynol, pochoniny i radicikol) wśród dostępnych izolatów grzybów nitkowatych. Podobnie jak w roku poprzednim, wykorzystano opracowane przez Zespół techniki konstrukcji filogenomicznych map drogowych do szczegółowej analizy ponad 1100 dostępnych genomów grzybów pod kątem historii genów kodujących enzymy akcesoryczne. Rekonstrukcje filogenetyczne historii ewolucyjnej genu halogenazy zaangażowanego w biosyntezę radicikolu i pochoniny (chlorowanych makrolaktonów), w powiązaniu z historią gatunkową grzybów wyższych oraz wynikami modelowania struktury białkowej, pozwoliły udowodnić zapożyczenie genu halogenazy ze szlaków biosyntezy poliketydów spirocyklicznych (grizeofulwina, pochonina). Na potrzeby projektu pozyskano dodatkowe materiały z zewnętrznego banku izolatów grzybowych (referencyjna kolekcja CBS/KNAW; izolaty reprezentujące rodzaje *Pochonia*, *Ilyonectria*, *Stachybotrys*, *Zopfia*, *Melanopsamma* oraz *Rotiphtherophthora*), zoptymalizowano również ich warunki hodowli na pożywkach stałych i płynnych.

Korzystając z wyników prac bioinformatycznych projektu OPUS zaprojektowano ponad 200 par starterów zdegenerowanych pokrywających większość sekwencji kodującej genów syntaz poliketydowych oraz halogenaz zaangażowanych w produkcję znanych makrolaktonów. Do tej pory markery zostały zoptymalizowane pod kątem amplifikacji fragmentów sekwencji kodującej genów syntaz NR-PKS, HR-PKS oraz halogenaz w izolatach reprezentujących rodzaje *Curvularia*, *Fusarium*, *Diaporthe* oraz *Pochonia*. Zaprojektowane markery mogą posłużyć dla lepszej identyfikacji produkcji toksycznych i/lub bioaktywnych makrolaktonów, a izolaty o potwierdzonej sygnaturze genów biosyntezy makrolaktonów są przygotowywane do sekwencjonowania nowej generacji w technologii Illumina/HiSeq.

Lista projektów badawczych Zakładu

EU H2020

EPPN2020: "European Plant Phenotyping Network 2020", nr 731013, koordynator INRA, Francja, 01.05.2017 r.–30.04.2021 r., **P. Krajewski**, H. Ćwiek-Kupczyńska.

NCN

1. HARMONIA; "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, 18.04.2017 r.–17.04.2020 r., **P. Krajewski**, K. Kaufmann (HU Berlin), A. Sawikowska, A. Kiełbowicz-Matuk, K. Mikołajczak, A. Daszkowska-Golec (UŚ Katowice).
2. PRELUDIUM; "Semantyczne porównywanie zasobów danych ilościowych", nr **2016/21/N/ST6/02358**, 24.02.2017 r.–23.02.2020 r., **H. Ćwiek-Kupczyńska**, P. Krajewski, A. Ławrynówicz (PP Poznań).
3. OPUS11 „Geneza i rozpowszechnienie zdolności do biosyntezy oraz metabolizmu makrolaktonów wśród grzybów wyższych”, nr 2016/21/B/NZ9/01875, 07.03.2017 r.–06.03.2020 r., **G. Koczyk**, K. Czyż, Ł. Stępień, M. Urbaniak, M. Kawaliło, Z. Dutkiewicz, D. Popiel, A. Waśkiewicz (UP Poznań).
4. 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, 03.03.2017 r.–2.03.2020 r., **K. Czyż**, M. Tomaszewska, G. Koczyk, M. Kroc.

NCBiR

1. BIOSTRATEG: HYBRE "Zintegrowana strategia dla reaktywacji polskiej hodowli pszenicy heterozyjnej", nr BIOSTRATEG3/343665/6/NCBR/2017, 21.08.2017 r.–20.08.2020 r., **P. Krajewski** (kierownik pakietu), **M. Mokrzycka**.
2. 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 (project finansowany z funduszy NCBiR); P. Krajewski, A. Sawikowska, H. Ćwiek-Kupczyńska.

Spis publikacji **Zakładu Biometrii i Bioinformatyki**

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

1. Filipiak K., Klein D., **Mokrzycka M.** (2018). Estimators comparison of separable covariance structure with one component as compound symmetry matrix. *Electronic Journal of Linear Algebra* 33, 83–98. DOI: 10.13001/1081-3810.3740
Punkty MNiSW: 20
Impact Factor: 0,739

2. Filipiak K., Markiewicz A., Mieldzioc A., **Sawikowska A.** (2018). On projection of a positive definite matrix on a cone of nonnegative definite Toeplitz matrices. *Electronic Journal of Linear Algebra* 33: 74–82. DOI: 10.13001/1081-3810, 1537-9582.3750.
Punkty MNiSW: 20
Impact Factor: 0,739
3. Gryszczyńska A., Dreger M., **Piasecka A., Kachlicki P., Witaszak N., Sawikowska A.,** Ożarowski M., Opala B., Łowicki Z., Pietrowiak A., Miklaś M., Mikołajczak P.Ł., Wielgus K. (2018). Qualitative and quantitative analyses of bioactive compounds from ex vitro *Chamaenerion angustifolium* (L.) (*Epilobium angustifolium*) herb in different harvest times. *Industrial Crops & Products* 123: 208–220.
DOI: 10.1016/j.indcrop.2018.06.010.
Punkty MNiSW: 40
Impact Factor: 3,849
4. Gudys K., Guzy-Wrobelska J., Janiak A., Dziurka M.A., Ostrowska A., Hura K., Jurczyk B., Żmuda K., Grzybkowska D., Śróbka J., Urban W., Biesaga-Koscielniak J., Filek M., Koscielniak J., **Mikołajczak K., Ogródowicz P., Krystkowiak K., Kuczyńska A., Krajewski P.** and Szarejko I. (2018). Prioritization of candidate genes in QTL regions for physiological and biochemical traits underlying drought response in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Frontiers in Plant Science* 9:769. DOI: 10.3389/fpls.2018.00769.
Punkty MNiSW: 40
Impact Factor: 3,677
5. Ożarowski M., **Piasecka A.,** Paszel-Jaworska A., Chaves D., Romaniuk A., Rybczyńska M., Gryszczyńska A., **Sawikowska A., Kachlicki P.,** Mikołajczak P., Seremak-Mrozikiewicz A., Klejewski A., Thiem B. (2018) Comparison of bioactive compounds content in leaf extracts of *Passiflora incarnata* L, *Passiflora caerulea* L. and *Passiflora alata* Curtis and *in vitro* cytotoxic potential on leukemia cell lines. *Revista Brasileira de Farmacognosia* 28(2): 125–260. DOI:10.1016/j.bjp.2018.01.006.
Punkty MNiSW: 15
Impact Factor: 1,596
6. Piechocki M., Giska F., **Koczyk G.,** Grynberg M., Krzymowska M. (2018). An engineered distant homolog of *Pseudomonas syringae* TTSS effector from *Physcomitrella patens* can Act as a bacterial virulence factor. *Frontiers Microbiol* 9:1060. DOI: 10.3389/fmicb.2018.01060.
Punkty MNiSW: 35
Impact Factor: 4,019

Autorstwo/redakcja monografii; autorstwo rozdziału w monografii

1. **Ćwiek-Kupczyńska H.** (2018). Striving for semantics of plant phenotyping data. W: *Semantics, Analytics, Visualization* (González-Beltrán A., Osborne F., Peroni S., Vahdati S., eds). Lecture Notes in Computer Science, vol 10959. Springer, Cham.
DOI: https://doi.org/10.1007/978-3-030-01379-0_12.

ZAKŁAD BIOTECHNOLOGII

Kierownik Zakładu	<i>dr hab. Tomasz Pniewski, prof. IGR PAN</i>
Zespół Fenotypowania i Genotypowania Zbóż (ZFiGZ)	<i>dr hab. Anetta Kuczyńska, prof. IGR PAN</i> <i>prof. dr hab. Maria Surma</i> <i>prof. dr hab. Tadeusz Adamski</i> <i>dr inż. Krzysztof Mikołajczak</i> <i>dr Piotr Ogródowicz</i> <i>dr inż. Sławomir Franaszek (od 1.04.2018 r., 1/2 etatu)</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)</i>
Zespół Bioinżynierii (ZB)	<i>dr hab. Tomasz Pniewski, prof. IGR PAN</i> <i>prof. dr hab. Stanisław Jeżowski</i> <i>dr hab. Katarzyna Głowacka (staż podoktorski, Stany Zjednoczone; 1/8 etatu od 1.11.2018 r.)</i> <i>dr dr inż. Joanna Ceraży-Waliszewska (doktorantka do 31.03.2018 r.; staż podoktorski, Stany Zjednoczone od 15.05.2018 r.)</i> <i>mgr Karolina Sobańska (doktorantka)</i> <i>mgr inż. Marcin Pyrski (doktorant)</i> <i>mgr Hanna Pudelska</i>

Współautorstwo publikacji	ogółem	14	Kierownictwo projektów	ogółem	12
Lista A	5	5	UE	2	2
Lista B	-	-	Międzynarodowy - bilateralny	-	-
Lista C	-	-	Rządowe	1	1
Monografie i rozdziały	1	1	NCN/NCBiR/POIG	7	7
Inne	8	8	MRiRW	2	2
Liczba „N”	8,375	8,375	Inne	-	-

Udział w projektach

ogółem	2
UE	-
Międzynarodowy - bilateralny	-
Rządowe	1
NCN/NCBiR/POIG	-
MRiRW	-
Inne	1

Celem prac badawczych w Zakładzie Biotechnologii 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.

Tematyka badawcza Zakładu Biotechnologii realizowana przez jest w kilku kierunkach, o odrębnych celach i efektach.

Badania Zespołu Fenotypowania i Genotypowania Zbóż 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.

Opracowano procedurę hodowli odmian pszenicy ozimej mającej na celu skrócenie czasu potrzebną do wytworzenia odmian przez zastosowanie systemu DH z wczesną selekcją na podstawie obserwacji fenotypowych oraz markerów molekularnych o potwierdzonej skuteczności selekcyjnej. Brano pod uwagę odporność na łamliwość podstawy źdźbła, fuzariozę kłosów, długość źdźbła oraz wartość wypiekową. Wykazano przydatność testów immunoenzymatycznych ELISA dla zawartości deoksyniwalenolu.

Kontynuowano prace nad zastosowaniem metod biotechnologicznych do skrócenia 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 mikrosatelitarnych związanych z odpornością grochu siewnego na mączniaka prawdziwego, więdnienie fuzaryjne oraz wirusa mozaiki grochu PSbMV.

Podjęto badania wpływu niedoboru wody na rozwój i architekturę systemu korzeniowego u jęczmienia. W tym celu wykorzystano 150 różnych form jęczmienia jarego, to jest odmian, rodów lub linii o zróżnicowanym pochodzeniu, wybranych w porozumieniu z firmami hodowlanymi. Przeprowadzono ultra-przepustowe genotypowanie przez sekwencjonowanie oraz fenotypowanie badanych form w doświadczeniu polowym – pilotaż mający na celu opracowanie metodyki analiz systemu korzeniowego materiału roślinnego prowadzonego w warunkach polowych.

Innym kierunkiem badań były prace zmierzające do poznania poziomu ekspresji genu nsLTP2 w warunkach stresów abiotycznych u jęczmienia. Prace prowadzone w roku 2018 koncentrowały się głównie obserwacji poziomu transkryptu genu LTP2 z wykorzystaniem Real Time PCR. Wyniki są integrowane z jakościowo-ilościową zawartością lipidów w wybranych liniach jęczmienia oraz danymi fenotypowymi otrzymanymi z doświadczenia prowadzonego w zróżnicowanych warunkach środowiska, tj. stresu deficytu wody, zasolenia oraz wysokiej temperatury.

Dodatkowo prowadzone są badania: (i) zmierzające do wyjaśnienia współdziałania hormonów (giberelin, brasinosteroidów i strigolaktonów) i jego roli w kształtowaniu architektury roślin jęczmienia; (ii) określenie zmian w ekspresji genów na poziomie całego genomu liścia flagowego jęczmienia pod wpływem stresów abiotycznych działających symultanicznie; (iii) zbadanie roli czynnika transkrypcyjnego HvGAMYB w regulacji

kwitnienia i jego związku z odpowiedzią fotoperiodyczną w warunkach stresu suszy u jęczmienia jarego.

Zespół Bioinżynierii prowadzi badania w dwóch zasadniczych dziedzinach: bioenergetyce - nad wykorzystaniem naturalnego potencjału oraz modyfikacją miskanta dla potrzeb produkcji bioenergii i biopaliw oraz biofarmingu - nad otrzymywaniem w roślinach cząstek wiruso- i kapsydopodobnych do zastosowań biomedycznych.

W zakresie bioenergetyki, w roku 2018 kontynuowano 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. Prowadzono analizy zawartości polisacharydów i ligniny metodą FTIR we współpracy z UP w Poznaniu. Rozszerzeniem tego kierunku badawczego jest finalizacja 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 gł. na tytoniu, jako gatunku modelowym, gdzie zakończono: (i) pomiary biometryczne, (ii) analizy mikroskopowe (współpraca z Zespołem Interakcji Roślina-Mikroorganizm), (iii) analizy molekularne dotyczące poziomu transkrypcji transgenów i aktywności kodowanych enzymów (we współpracy z IChB PAN), (iv) analizy wybranych składników biomasy metodami spektrofotometrycznymi (we współpracy z Zespołem Metabolomiki) oraz FTIR (we współpracy z UP Poznań) oraz (v) wykonano próby fermentacji biomasy (współpraca z UP Poznań). We współpracy z IChB PAN i z wykorzystaniem opracowanej uprzednio metody mikrobombardowania otrzymano miskanta modyfikowanego pod względem metabolizmu sacharozy.

W ramach prac nad otrzymywaniem i zastosowaniem 'roślinnych' cząstek wiruso- i kapsydopodobnych wykonano doświadczenie w modelu *mysim* nad immunizacją iniekcyjno-doustną z wykorzystaniem preparatów 'roślinnego' HBcAg oraz określono podklasy indukowanych przeciwciał i typ wywoływanej odpowiedzi immunologicznej. Kontynuowano współpracę z WCZT nad otrzymywaniem złożonych bionanocząstek typu superparamagnetyczny rdzeń (tlenek żelaza) - otoczka (HBcAg). Określono poziom ekspresji i lokalizację komórkową cząstek mozaikowych, złożonych z HBcAg oraz pochodnego białka HBcAg-epitop 'a'-SHBsAg, otrzymywanych za pomocą technologii koekspresji przejściowej.

Lista projektów badawczych Zakładu

Projekt UE - EPPN2020

“Drought effects on roots development aspects in spring barley population differentiated in the *sdw1/denso* locus”, Projekt ID: 154, 2018–2019; **K. Mikołajczak**, A. Kuczyńska, P. Ogrodowicz

Rządowy Program Wieloletni

„Zwiększenie wykorzystania krajowego białka paszowego dla produkcji wysokiej jakości produktów zwierzęcych w warunkach zrównoważonego rozwoju.”, uchwała RM nr 222/2015 z 15.12.2015 r., obszar badawczy 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.”, 01.01. 2016 r.–31.12.2020 r.;

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

Zadanie nr 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*.”, 01.01.2016 r.–31.12.2020 r.; **A. Kuczyńska**, M. Surma, T. Adamski, H. Ćwiek, Z. Kaczmarek, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak, H. Pudelska.

NCN

1. 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, 20.01.2016 r.–19.01.2019 r.; **A. Kuczyńska**, T. Adamski, M. Surma, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa, H. Ćwiek-Kupczyńska, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak.
2. OPUS 12 „Wyjaśnianie współdziałania hormonów i jego roli w kształtowaniu architektury roślin jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.)”, nr 2016/23/B/NZ9/03548, 6.09.2017 r.–05.09.2020 r.; **A. Kuczyńska**, T. Adamski, M. Surma, P. Krajewski, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa, K. Kowalik, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak.
3. SONATA 12 „Zmiany ekspresji genów na poziomie całego genomu liścia flagowego jęczmienia pod wpływem stresów abiotycznych działających symultanicznie”, nr 2016/23/D/NZ9/00043, 10.08.2017 r.–09.08.2020 r.; **K. Mikołajczak**, M. Kempa.
4. 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, 10.08.2017 r.–09.08.2020 r.; **P. Ogrodowicz**, M. Kempa.

MRiRW

1. „Badania nad wpływem translokacji 1B/1R na efektywność uzyskiwania linii DH oraz ich wartość technologiczną”, nr HOR hn-801-8/14 poz. 3, 01.01.2014 r.–31.12.2020 r., **T. Adamski**, M. Surma, A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak.
2. „Wpływ stresu niedoboru wody na rozwój i architekturę systemu korzeniowego u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.)”, Zadanie 106, 01.01.2018 r.–31.12.2020 r., **A. Kuczyńska**, T. Adamski, M. Surma, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa, H. Ćwiek-Kupczyńska, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak.

Spis publikacji Zakładu Biotechnologii

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

1. **Głowacka K.**, Kromdijk J., Kucera K., Xie J., Cavanagh A.P., Leonelli L., Leakey A.D.B., Ort D.R., Niyogi K.K., Long S.P. (2018) Photosystem II Subunit S overexpression increases the efficiency of water use in a field-grown crop. *Nature Communications* 9:868. DOI: 10.1038/s41467-018-03231-x.
Punkty MNiSW: 45
Impact Factor: 12,353
2. Gudys K., Guzy-Wrobelska J., Janiak A., Dziurka M.A., Ostrowska A., Hura K., Jurczyk B., Żmuda K., Grzybkowska D., Śróbka J., Urban W., Biesaga-Koscielniak J., Filek M., Koscielniak J., **Mikołajczak K.**, **Ogrodowicz P.**, **Krystkowiak K.**, **Kuczyńska A.**, **Krajewski P.**, Szarejko I. (2018) Prioritization of Candidate Genes in QTL Regions for Physiological and Biochemical Traits Underlying Drought Response in Barley (*Hordeum vulgare* L.). *Front in Plant Science* 9:769. DOI: 10.3389/fpls.2018.00769.
Punkty MNiSW: 40
Impact Factor: 3,677
3. **Majka M.**, Serfling A., Czembor P., **Ślusarkiewicz-Jarzina A.**, **Kwiatkiewicz M.**, Ordon F., **Wiśniewska H.** (2018) Resistance of (*Ae. tauschii* × *S. cereale*) × *Triticosecale* hybrids to leaf rust (*Puccinia triticina*). *Front in Plant Science* 9:1418. DOI: 10.3389/fpls.2018.01418.
Punkty MNiSW: 40
Impact Factor: 3,677
4. **Pniewski T.**, Milczarek M., Wojas-Turek J., Pajtasz-Piasecka J., Wietrzyk J., **Czyż M.** (2018) Plant lyophilisate carrying S-HBsAg as an oral booster vaccine against HBV. *Vaccine* 36:6070-6076. DOI: 10.1016/j.vaccine.2018.09.006.
Punkty MNiSW: 30
Impact Factor: 3,285
5. Tyrka M., Oleszczuk S., Rabiza-Swider J., Wos H., Wedzony M., Zimny J., **Ponitka A.**, **Ślusarkiewicz-Jarzina A.**, Metzger J.R., Baenziger P.S., Lukaszewski A.J. (2018) Populations of doubled haploids for genetic mapping in hexaploid winter triticale. *Molecular Breeding* 38:46. DOI: 10.1007/s11032-018-0804-3.
Punkty MNiSW: 35
Impact Factor: 2,077

Autorstwo/redakcja monografii; autorstwo rozdziału w monografii

1. **Ogrodowicz P.**, **Surma M.**, **Adamski T.**, **Kaczmarek Z.**, **Święcicki W.K.**, Stopyra P., **Kuczyńska A.**, **Krystkowiak K.**, **Mikołajczak K.** (2018) Effects of temperature on growth during *in vitro* embryo culture of field bean (*Vicia faba* var. *minor* L.). W: *Breeding Grasses and Protein Crops in the Era of Genomics* (Brazauskas G., Statkevičiūtė G., Jonavičienė K., red.) Springer, Cham, ISBN 978-3-319-89577-2, str. 51–55.

ZAKŁAD GENETYKI PATOGENÓW I ODPORNOŚCI ROŚLIN

Kierownictwo Zakładu	<i>prof. dr hab. Piotr Kachlicki</i>
Zespół Fitopatologii Molekularnej (ZFM)	<i>prof. dr hab. M. Jędrzycka</i> <i>dr J. Kaczmarek</i> <i>mgr inż. W. Irzykowski (biochemik)</i> <i>M. Wlaszczyk (technik)</i> <i>mgr N. Ramzi (doktorantka)</i>
Zespół Interakcji Roślina-Patogen (ZIRP)	<i>dr hab. Łukasz Stępień, prof. IGR PAN</i> <i>dr J. Lalak-Kańczugowska</i> <i>mgr L. Perrincherry (doktorant, od sierpnia 2018 r.)</i> <i>mgr inż. M. Urbaniak (doktorant, specjalista od października 2018 r.)</i> <i>mgr N. Witaszak (doktorantka)</i>
Zespół Metabolomiki (ZM)	<i>prof. dr hab. P. Kachlicki</i> <i>dr A. Piasecka (1/2 etatu)</i>
Zespół Struktury i Funkcji Mikrobiomu Roślin (ZSFM)	<i>dr hab. L. Błaszczyk</i> <i>dr S. Salamon (od 01.10.2018 r.)</i> <i>mgr A. Basińska-Barczak (doktorantka)</i> <i>mgr inż. K. Mikołajczak (doktorantka, od października 2018 r.)</i> <i>(prof. dr hab. J. Chełkowski – profesor emerytowany)</i>

Współautorstwo publikacji		Kierownictwo projektów	
	<u>ogółem</u>		<u>ogółem</u>
	43		16
Lista A	15	UE	1
		Międzynarodowy - bilateralny	-
Lista B	1	Rządowe	-
Lista C	2	NCN/NCBiR/POIG	8
Monografie i rozdziały	5	MRiRW	1
Inne	20	Inne	6
Liczba „N”	7		

Udział w projektach

	<u>ogółem</u>
	15
UE	-
Międzynarodowy - bilateralny	1
Rządowe	-
NCN/NCBiR/POIG	12
MRiRW	1
Inne	1

Oceniono odporność 302 form *Raphanus sativus* na 6 patotypów pierwotniaka *Plasmodiophora brassicae* wywołującego tę chorobę. Przeważająca część form cechowała się odpornością rasowo-specyficzną, przy czym stwierdzono najmniej form odpornych na patotyp P1B (159), a najwięcej na P5A (285). Badając 54 izolaty *P. brassicae* nie stwierdzono polimorfizmu sekwencji rDNA w kodujących regionach podjednostek 5,8S, 18S i 28S, ale wykazano występowanie polimorfizmu sekwencji fragmentów ITS1 i ITS2 polegającego na delecji/insercji pojedynczych nukleotydów.

Wykonano analizy sekwencji poszczególnych domen katalitycznych genu syntazy cyklicznych peptydów, odpowiedzialnym za biosyntezę eniatyn i bowerycyn w grupie prawie 30 szczepów należących do rzędu *Hypocreales*. We współpracy z dr Silvio Uhligiem z Norwegian Veterinary Institute w Oslo zidentyfikowano kolejne pochodne toksyn z grupy cyklicznych peptydów (bowerycyny i boweniatyny).

Wyizolowano 123 szczepy z ryzosfery oraz z wewnętrznych tkanek korzeni pszenicy orkisz (*T. aestivum* ssp. *spelta* L.). Obecność grzybów endofitycznych w tkankach korzeni potwierdzono na podstawie obserwacji mikroskopowych. Identyfikacja szczepów grzybów na podstawie cech morfologicznych, wzrostu grzybni na podłożach agarowych, obserwacji mikroskopowych i analizach molekularnych pozwoliła na zaklasyfikowanie ich do 6 rodzajów: *Trichoderma* sp., *Alternaria* sp., *Penicillium* sp., *Fusarium* sp., *Microdochium* sp., *Cladosporium* sp.

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

Celem badań prowadzonych w Zakładzie Genetyki Patogenów i Odporności Roślin jest wszechstronna charakterystyka genetyczna i molekularna patogenów roślin uprawnych i ich mikroorganizmów antagonistycznych dla oznaczenia ich stanowiska taksonomicznego, poznania ich właściwości biologicznych i chemicznych, opracowania metod ich wykrywania i eliminacji ze środowiska rolniczego.

W ramach poszukiwania nowych źródeł odporności na kiłę kapusty oceniono odporność 302 form *Raphanus sativus* na 6 patotypów pierwotniaka *Plasmodiophora brassicae* wywołującego tę chorobę. Przeważająca część form *Raphanus* cechowała się odpornością rasowo-specyficzną, przy czym stwierdzono najmniej form odpornych na patotyp P1B (159), a najwięcej na P5A (285). W 54 próbach roślin i gleby pobranej z terenu Polski wykazano obecność siedmiu patotypów *P. brassicae* (ocena metodą Somé). Najczęściej występowały patotypy P1B (13%) i P4A (12%), a najrzadziej patotyp P5A (7%). Obecność *P. brassicae* w próbach gleby potwierdzono metodą Real time PCR. Ponad jedna piąta izolatów *P. brassicae* (22%) przełamywała gen odporności *CRA* wprowadzony z *Brassica rapa* do licznych odmian rzepaku uprawianych przez rolników w Polsce. Wykazano zatem, że w hodowli odpornościowej istnieje pilna potrzeba korzystania z źródeł i innych genów odporności. Badając 54 izolaty *P. brassicae* nie stwierdzono polimorfizmu sekwencji rDNA w kodujących regionach podjednostek 5,8S, 18S i 28S, ale wykazano występowanie polimorfizmu sekwencji fragmentów ITS1 i ITS2; nie przystawał on jednak do podziału na patotypy, w oznaczeniach prowadzonych metodą Somé. Polimorfizm polegał na delecji/insercji pojedynczych nukleotydów. Jeden z wariantów sekwencji zdecydowanie dominował obejmując 54% izolatów, podczas gdy drugi wariant występował u 39% izolatów, a trzeci u 7% izolatów. W badanym metodą NGS mikrobiomie glebowym w próbach pobranych z pól rzepaku, na których w dużym nasileniu występowała kiła kapusty, stwierdzono występowanie gatunków grzybów i bakterii stosowanych w kontroli biologicznej patogenów roślin, a także liczne inne niż *P. brassicae* patogeny, w tym kilka gatunków grzybów rodzaju *Fusarium*.

Na podstawie monitoringu aerobiologicznego grzybów rodzaju *Leptosphaeria* prowadzonego jesienią 2018 roku wykazano zagrożenie rzepaku suchą zgnilizną kapustnych w sześciu na dziewięć badanych regionów Polski; najwyższe stężenie askospor wynosiło 50 zarodników w 1 m³ powietrza. Wyniki na bieżąco udostępniano doradcom i rolnikom w ramach systemu SPEC (www.spec.edu.pl).

Badano odporność 100 form łubinu wąskolistnego na brunatną zgorzel łądyg i antraknozę. Wyniki badań będą wykorzystane do mapowania asocjacyjnego.

W ramach realizacji doktoratu wdrożeniowego przeprowadzono selekcję negatywną materiałów hodowlanych konopi oleistej (doświadczenie o powierzchni 6 ha) i uzyskano 3 tony nasion odmiany Henola, pozbawionych płaskoni. Materiał nasienny otrzymał certyfikat Wojewódzkiego Inspektoratu Ochrony Roślin i Nasiennictwa. Nasiona przeznaczono do badania zawartości i składu kwasów tłuszczowych, łądygi będą wykorzystane do badania jakości włókna, a pozostały materiał roślinny (liście, kwiaty i owocostany, korzenie) do oceny zawartości związków bioaktywnych, w zależności od 96 wariantów nawozowych zastosowanych w doświadczeniu polowym. Biomagę (Znormalizowany Różnicowy Wskaźnik Wegetacji, NDVI) oceniono także metodami teledetekcyjnymi, z zastosowaniem monitoringu satelitarnego i z użyciem drona.

Zespół Interakcji Roślina-Patogen od lat koncentruje swoje prace na grupie grzybów patogenicznych związanych ze środowiskiem rolniczym i leśnym. Są one oportunistycznymi patogenami roślin i zwierząt i należą do rodzajów *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 patogenez, związane z trybem życia i środowiskiem bytowania.

W roku 2018 przeprowadzono analizę populacji około 900 izolatów *Fusarium* infekujących kukurydzę w 2017 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 analizy sekwencji poszczególnych domen katalitycznych genu syntazy cyklicznych peptydów, odpowiedzialnym za biosyntezę eniatyn i bowerycyn w grupie prawie 30 szczepów należących do rzędu *Hypocreales*. We współpracy z dr Silvio Uhligiem z Norwegian Veterinary Institute w Oslo zidentyfikowano kolejne pochodne toksyn z grupy cyklicznych peptydów (bowerycyny i boweniatyny).

Wykazano odmienną reakcję szczepów *Fusarium proliferatum* na stresy abiotyczne (zasolenie, temperatura, stres osmotyczny), obserwowaną w zmianach ekspresji wybranych genów i akumulacji biomasy. Odpowiedź ta przejawiała się różnym przyrostem biomasy w stosunku do warunków kontrolnych oraz zmianami w ilości produkowanych mykotoksyn (fumonizyny B). Stres osmotyczny skutkował prawie zawsze zwiększoną biomasą badanych szczepów, temperatura i zasolenie nie powodowały podobnej reakcji. Porównanie zmian w ekspresji wybranych genów pozwiązanych z reakcją na stresy wykazało dużą dynamikę metabolizmu patogena w trakcie hodowli.

Udowodniono wpływ frakcjonowanych ekstraktów na biosyntezę fumonizyn, akumulację biomasy oraz transkrypcję genów związanych z odpowiedzią na stres u *F. proliferatum*. Kolejnym krokiem będzie analiza i identyfikacja związków roślinnych odpowiedzialnych za te zmiany.

Dzięki współpracy z dr Danielem Palmero z Politechniki w Madrycie i stażu długoterminowego dr Justyny Lalak-Kańczugowskiej wykazano zróżnicowaną patogeniczność szczepów *F. proliferatum* pochodzących z różnych roślin w teście biologicznym z wykorzystaniem siewek czosnku oraz szparagów.

Prace **Zespołu Metabolomiki** w dalszym ciągu dotyczyły identyfikacji roślinnych metabolitów wtórnych mających wpływ, na jakość roślinnych produktów żywnościowych oraz jakość roślin zielarskich. Między innymi zidentyfikowano związki obecne w owocach aronii, gdzie znaleziono znaczną liczbę saponin oraz charakterystyczne flawonoidy. Stwierdzono obecność nieznanych dotąd flawonoidów nasion łubinu tworzących kompleksy z białkami zapasowymi i mających wpływ na ich strawność. Zidentyfikowano 47 produktów naturalnych obecnych w liściach wierzbówki (*Epilobium angustifolium*) mających wpływ na ich zastosowanie, jako produktu zielarskiego.

Zakończono prace metabolomiczne związane z analizą zmian w profilach metabolitów wtórnych pod wpływem patogenu *Fusarium culmorum* na kłosach w stadium kwitnienia jęczmienia, pszenicy oraz kłosownicy dwukłoskowej. Uzyskane pliki LC-MS poddano przetwarzaniu bioinformatycznemu w celu przygotowania ich w formacie odpowiednim do analiz statystycznych. Przeprowadzono zarówno jednoczynnikowe jak i wieloczynnikowe analizy statystyczne. Wygenerowano również mapy cieplne porównujące intensywności wykrytych sygnałów w poszczególnych próbkach. Kolejnym etapem prac była identyfikacja wykrytych markerów metabolomicznych. Rozpoczęto również prace związane z określeniem stopnia porażenia badanych kłosów przez patogen oraz analizy mykotoksyn akumulowanych w porażonych kłosach.

Tematyka badawcza **Zespołu Struktury i Funkcji Mikrobiomu Roślin** koncentruje się na poznaniu zmian w strukturze mikrobiomów związanych z ryzosferą, fylosferą i endosferą wybranych gatunków zbóż i określeniu ekologicznej roli mikroorganizmów oraz wpływu tych zmian na wzrost i kondycję roślin.

Rozpoczęto prace nad określeniem zmian w składzie społeczności grzybów endosfery korzenia i ryzosfery pszenicy orkisz (*T. aestivum* ssp. *spelta* L.). W warunkach kontrolowanych analizowano 3 odmiany pszenicy orkisz. Wyizolowano 123 szczepów z ryzosfery oraz z wewnętrznych tkanek korzeni. Wyizolowane i oczyszczone szczepy grzybów zidentyfikowano na podstawie cech morfologicznych, wzrostu grzybni na podłożach agarowych, obserwacji mikroskopowych i analizach molekularnych. Uzyskane szczepy grzybów zaklasyfikowano do 6 rodzajów: *Trichoderma* sp., *Alternaria* sp., *Penicillium* sp., *Fusarium* sp., *Microdochium* sp., *Cladosporium* sp..

Dokonano analizy zmian w profilach metabolitów w korzeniach i liściach pszenicy odmiany jarej Bombona i ozimej Legenda w wyniku inokulacji korzeni szczepami *Trichoderma*. Przeprowadzono analizy GC-MS, które pozwoliły na zidentyfikowanie metabolitów występujących w korzeniach i liściach siewek. Uzyskano listę metabolitów różnicujących dla każdego układu doświadczalnego. Na tej podstawie stwierdzono, że szczepy *Trichoderma* AN35 oraz AN392 wywołują reakcję w organizmie rośliny, a profile metabolitów roślin inokulowanych tymi grzybami różnią się od siebie istotnie.

Badania wpływu *T. atroviride* AN35 i *T. cremeum* AN392 na zmiany rozmieszczenia i udziału białek arabinogalaktanowych (AGPs) w korzeniach pszenicy zwyczajnej z wykorzystaniem znakowania immunocytochemicznego i obserwacji mikroskopowych pokazały, że AGPs epitopu JIM14 mogą brać udział w odpowiedzi na kolonizację korzeni przez *Trichoderma*. Badania dotyczące zmian składu ściany komórkowej korzeni pszenicy pod wpływem w/w gatunków *Trichoderma* z wykorzystaniem FTIR wykazały, że zmianom ulega zawartość lignin, hemiceluloz oraz celulozy.

Zidentyfikowano 17 szczepów z rodzaju *Trichoderma* i *Clonostachys* charakteryzujących się zdolnością do produkcji związków auksyno-podobnych. Badano wpływ tych szczepów oraz ich metabolitów na wzrost i rozwój roślin pszenicy zwyczajnej. Ziarniaki traktowano przesączem pochodzonym z dodatkiem prekursorów auksyn, przesączem bez dodatku prekursora oraz wodną zawiesiną zarodników wybranych grzybów. Wykazano, że grzyby te jak i ich produkty mają wpływ na kiełkowanie nasion oraz dalszy wzrost roślin. Zaobserwowano, że przesącz po hodowli *Trichoderma longipile* AN359 (charakteryzującego się bardzo niską zdolnością do produkcji związków auksyno-podobnych) ma negatywny wpływ na kiełkowanie nasion pszenicy. Dane pokazały również, że (i) traktowanie ziarniaków płynem pochodzonym bez dodatku prekursora nie ma statystycznego wpływu na długość korzeni i liści, (ii) z dodatkiem prekursora ma wpływ na długość korzeni i liści, (iii) traktowanie ziarniaków zarodnikami ma wpływ tylko na długość korzeni.

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, 01.09.2014 r.–31.08.2019 r., Koordynacja: **M. Jędrzycka**, A. Stachowiak-Szrejbrowska.

NCN

1. OPUS 8: „Genetyczne podstawy biosyntezy cyklicznych peptydów przez patogeniczne grzyby z rzędu *Hypocreales*”, 13.07.2015 r.–12.07.2018 r., **Ł. Stępień**, M. Urbaniak, G. Koczyk, A. Waśkiewicz (UP Poznań), A. Perczak (UP Poznań).
2. OPUS 9: „Roślinne związki bioaktywne indukujące odpowiedź na stres u patogenicznego grzyba *Fusarium proliferatum*”, 18.01.2016 r.–17.01.2019 r., **Ł. Stępień**, K. Górna, A. Waśkiewicz (UP Poznań).
3. OPUS 10: „Molekularne podstawy reakcji pszenicy (*Triticum aestivum* L.) na kolonizację korzeni przez gatunki *Trichoderma*”, 23.07.2016 r.–22.07.2019 r., L. Błaszczyk, A. Basińska-Barczak, A. Kosmala, A. Piasecka, A. Sawikowska, N. Witaszak.
4. SONATA 9: „Metabolomiczne i proteomiczne aspekty konserwatywnych mechanizmów odpowiedzi roślin z rodziny Poaceae na fuzariozę kłosów”, nr 2015/17/D/NZ9/03347, 09.03.2016 r.–08.03.2019 r., A. Piasecka, J. Kaczmarek, A. Sawikowska, N. Witaszak.
5. 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, 23.07.2016 r.–22.07.2019 r., A. Basińska-Barczak.
6. PRELUDIUM13: „Zmienność potencjału biosyntezy depsipeptydów pod wpływem czynników regulacyjnych wśród przedstawicieli fito- i entomopatogenów u *Hypocreales*” 2017/25/N/NZ9/02525; 21.02.2018 r.–20.02.2020 r., M. Urbaniak.
7. OPUS13: „Role enzymów litycznych i mykotoksyn wytwarzanych przez grzyby *Fusarium* w procesie patogenezы, oraz metabolitów odpowiedzialnych za odpowiedź obronną roślin” 2017/25/B/NZ9/01210; 09.02.2018 r.–08.02.2021 r., **Ł. Stępień**, L. Perrincherry, A. Waśkiewicz (UP Poznań).
8. OPUS 14 “Dynamika mykobioty endosfery pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) i jej wpływ na wzrost i kondycję rośliny”, nr 2017/27/B/NZ9/01591, 29.06.2018 r. – 28.06.2021 r., L. Błaszczyk, S. Salamon, K. Mikołajczak, R. Holewińska, M. Tomaszewska.

MRiRW

1. „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, 01.01.2014 r. – 31.12.2020 r., **M. Jędrzycka**, J. Kaczmarek, W. Irzykowski, J. Majka, N. Ramzi.

Ekspertyzy finansowane przez podmioty gospodarcze

- DuPont Poland; „Optymalizacja terminu ochrony chemicznej rzepaku przed suchą zgnilizną kapustnych w Polsce”, 01.03–30.11.2018 r., **M. Jędrzycka**, J. Kaczmarek
- Innvigo sp. z o.o; „Ocena wrażliwości grzybów na wybrane fungicydy w warunkach *in vitro*” 10.12.2018 r.–30.11.2019 r., **J. Kaczmarek**, M. Jędrzycka
- Syngenta, umowa PO 8700837702 nr 1/2016, „Określenia wpływu wybranych środków ochrony i/lub pielęgnacji roślin na kształtowanie się cech ilościowych rzepaku”, 01.09.2016–31.10.2018 r.; **M. Jędrzycka**, J. Kaczmarek
- Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich „Parametry rozwoju roślin konopi oleistych odmiany ‘Henola’ w warunkach uprawy na glebach lekkich, ubogich w składniki pokarmowe i kwaśnych” 15.03.2018 r.–30.06.2018 r., **M. Jędrzycka**, F. Bakro, J. Kaczmarek
- Syngenta, umowa PO 8700837702 nr 3/2017, „Test płatkowy–2017” 18.04.2017 r. – 31.10.2018 r., **M. Jędrzycka**
- Syngenta, umowa PO 8700837702 nr 1/2018, „Test płatkowy–2018”, 03.04.2018 r. – 31.10.2018 r., **M. Jędrzycka**.

Spis publikacji Zakładu Genetyki Patogenów i Odporności Roślin

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

1. Frac M., Hannula S.E., Belka M., **Jędrzycka M.** (2018). Fungal biodiversity and their role in plant health. *Frontiers in Microbiology* 9:707. DOI: 10.3389/fmicb.2018.00707. Punkty MNiSW: 35
Impact Factor: 4,019
2. Gorczyca A., Oleksy A., Gala-Czekaj D., **Urbaniak M.**, Laskowska M., Waśkiewicz A., **Stępień Ł.** (2018). Fusarium Head Blight incidence and mycotoxin accumulation in three durum wheat cultivars in relation to sowing date and density. *Science of Nature* 105: 2. DOI:10.1007/s00114-017-1528-7. Punkty MNiSW: 30
Impact Factor: 1,789
3. Gryszczyńska A., Dreger M., **Piasecka A.**, **Kachlicki P.**, **Witaszak N.**, **Sawikowska A.**, Ożarowski M., Opala B., Łowicki Z., Pietrowiak A., Miklaś M., Mikołajczak P.Ł., Wielgus K. (2018). Qualitative and quantitative analyses of bioactive compounds from ex vitro *Chamaenerion angustifolium* (L.) (*Epilobium angustifolium*) herb in different harvest times. *Industrial Crops and Products* 123: 208–220. DOI: 10.1016/j.indcrop.2018.06.010. Punkty MNiSW: 40
Impact Factor: 3,849

4. Kasprzycka A., **Lalak-Kańczugowska J.**, Tys J. (2018). Flammulina velutipes treatment of non-sterile tall wheat grass for enhancing biodegradability and methane production. *Bioresource Technology* 263:660–664. DOI: 10.1016/j.biortech.2018.05. 024.
Punkty MNiSW: 45
Impact Factor: 5,807
5. Kasprzycka A., **Lalak-Kańczugowska J.**, Tys J., Pawłowska M. (2018). Chemical stability and sanitary properties of pelletized organo-mineral waste-derived fertilizer. *Archives of Environmental Protection*. 44(3): 106–113, DOI:10.24425/122284.
Punkty MNiSW: 15
Impact Factor: 1,120
6. Kozłowska E., Hoc N., Sycz J., **Urbaniak M.**, Grzeszczuk J., Kostrzewa-Suslow E., **Stępień Ł.**, Płaskowska E., Janeczko T. (2018). Biotransformation of steroids by entomopathogenic strains of *Isaria farinosa*. *Microbial Cell Factories* 17(1):71. DOI: 10.1186/s12934-018-0920-0.
Punkty MNiSW: 35
Impact Factor: 3,831
7. Kozłowska E., **Urbaniak M.**, Hoc N., Grzeszczuk J., Dymarska M., **Stępień Ł.**, Płaskowska E., Kostrzewa-Suslow E., Janeczko T. (2018) Cascade biotransformation of dehydroepiandrosterone (DHEA) by *Beauveria* species. *Scientific Reports* : 8(1):13449. DOI: 10.1038/s41598-018-31665-2.
Punkty MNiSW: 40
Impact Factor: 4,122
8. Marecik R, **Błaszczuk L**, Biegańska-Marecik R, Piotrowska-Cyplik A. Screening and Identification of Trichoderma Strains Isolated from Natural Habitats with Potential to Cellulose and Xylan Degrading Enzymes Production (2018). *Polish Journal of Microbiology* 2018 Jun 30;67(2):181–190. DOI: 10.21307/pjm-2018-021.
Punkty MNiSW: 15
Impact Factor: 0,784
9. Marslin G., Siram K., Maqbool Q., Selvakesavan R., Kruszka D., **Kachlicki P.**, Franklin G. (2018) Secondary metabolites in the green synthesis of metallic nanoparticles. *Materials* 3;11(6). DOI:10.3390/ma11060940.
Punkty MNiSW: 35
Impact Factor: 2,467
10. Ozarowski M., **Piasecka A.**, Paszel-Jaworska A., Chaves D., Romaniuk A., Rybczyńska M., Gryszczyńska A., **Sawikowska A.**, **Kachlicki P.**, Mikolajczak P., Seremak-Mrozikiewicz A., Klejewski A., Thiem B. (2018) Comparison of bioactive compounds content in leaf extracts of *Passiflora incarnata* L, *Passiflora caerulea* L. and *Passiflora alata* Curtis and *in vitro* cytotoxic potential on leukemia cell lines. *Revista Brasileira de Farmacognosia* 28(2): 125–260. DOI:10.1016/j.bjp.2018.01.006.
Punkty MNiSW: 15
Impact Factor: 1,596
11. Sadyś M., **Kaczmarek J.**, Grinn-Gofron A., Rodinkova V., Prikhodko A., Bilous E., Strzelczak A., Herbert R.J., **Jedryczka M.** Dew Point Temperature affects ascospore release of allergenic genus *Leptosphaeria* (2018). *International Journal of Biometeorology* 62(6):979–990. DOI: 10.1007/s00484-018-1500-z.
Punkty MNiSW: 30, Impact Factor: 2,577

12. Tomczyk Ł., **Stępień Ł.**, **Urbaniak M.**, Szablewski T., Cegielska-Radziejewska R., Stuper-Szablewska K. (2018). Characterisation of the mycobiota on the shell surface of table eggs acquired from different egg-laying hen breeding systems. *Toxins* 10(7), 293. DOI: 10.3390/toxins10070293.
Punkty MNiSW: 35
Impact Factor: 3,273
13. **Urbaniak M.**, Przysaś W., Zablocka-Godlewska E., **Stępień Ł.**, Janusz G. (2018). Decolorization of azo and triphenylmethane dyes by MW113 *Beauveria bassiana* strain. *Desalination and Water Treatment*, 136: 422–432. DOI: 10.5004/dwt.2018.23225.
Punkty MNiSW: 20
Impact Factor: 1,383
14. Wachowska U., **Irzykowski W.**, **Jędrzycka M.** (2018). Agrochemicals: Effect on genetic resistance in yeasts colonizing winter wheat kernels. *Ecotoxicology and Environmental Safety* 162, pp. 77–84. DOI: 10.1016/j.ecoenv.2018.06.042.
Punkty MNiSW: 30
Impact Factor: 3,974
15. Weryszko-Chmielewska E., Kasprzyk I., Nowak M., Sulborska A., **Kaczmarek J.**, Szymanska A., Haratym W., Gilski M., **Jędrzycka M.** (2018). Health hazards related to conidia of *Cladosporium* – biological air pollutants in Poland, central Europe. *Journal of Environmental Sciences* 65: 271–281. DOI: 10.1016/j.jes.2017.02.018.
Punkty MNiSW: 30
Impact Factor: 3,120

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

1. Czembor E., Frasiński S., Stępień Ł. (2018). Response of maize genotypes to the infection by selected *Fusarium* isolates from Liseola section. *Progress in Plant Protection* 58(2): 81-86.
Punkty MNiSW: 12

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

1. Kaczmarek J., Jędrzycka M. (2018). Wiosna 2018: uwaga rusza nowy sezon SPEC. *Przedsiębiorca Rolny* 4 (42): 66-67.
2. Kaczmarek J., Jędrzycka M. (2018). Kiła kapusty w Polsce – koktajl patotypów. *Przedsiębiorca Rolny* 6 (44): 65-67.

Autorstwo/redakcja monografii; autorstwo rozdziału w monografii

1. **Bakro F.**, Wielgusz K., Bunalski M., **Jędrzycka M.** (2018). An overview of pathogen and insect threats to fibre and oilseed hemp (*Cannabis sativa* L.) and methods for their biocontrol. *Integrated Control in Oilseed Crops IOBC-WPRS Bulletin* 136: 9-20.
2. **Błaszczak L.**, **Basińska-Barczak A.**, **Kosmala A.**, Marczak Ł.R., **Sawikowska A.**, **Witaszak N.** (2018). Effects of the association of wheat (*Triticum aestivum* L.) roots with *Trichoderma* species exhibiting different lifestyles. W: *Opportunism and conversations with the environment. TG2018: Proceedings of the 15th International Trichoderma & Gliocladium Workshop*. Eds: R. Hermosa, M.B. Rubio and E. Monte. University of Salamanca, 2018, Salamanca, Spain. ISBN: 978-84-09-02624-1, str. 54.

3. **Basińska-Barczak A., Błaszczyk L.** (2018). Changes at cellular level in roots of wheat (*Triticum aestivum* L.) after interaction with two different strains of *Trichoderma*. w: Opportunism and conversations with the environment. TG2018: Proceedings of the 15th International *Trichoderma* & *Gliocladium* Workshop. Eds: R. Hermosa, M.B. Rubio and E. Monte. University of Salamanca, 2018, Salamanca, Spain. ISBN: 978-84-09-02624-1, str. 61.
4. **Ramzi N., Kaczmarek J., Jędrzycka M.** (2018). Identification of clubroot resistance sources from world gene bank accessions. Integrated Control in Oilseed Crops IOBC-WPRS Bulletin 136: 144–147.

ZAKŁAD GENOMIKI

Kierownik Zakładu	<i>prof. dr hab. Barbara Naganowska</i>
Zespół Genomiki Porównawczej Roślin Strączkowych (ZSPRS)	<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>mgr inż. Barbara Góryniewicz</i> <i>mgr inż. Szymon Ornatowski (od 3.12.2018 r.)</i> <i>mgr Katarzyna Czepiel</i> <i>mgr Paulina Wilczura</i> <i>mgr inż. Dominika Ratajczak (do 30.11.2018 r.)</i> <i>inż. Czesława Nawrot</i> <i>dr hab. Andrzej Górny (0,3 etatu)</i> <i>Katarzyna Beczek (0,5 etatu)</i>
Zespół Struktury i Funkcji Genów (ZSiFG)	<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>dr Sandra Rychel</i> <i>mgr inż. Magdalena Tomaszewska (0,2 etatu)</i> <i>mgr Wojciech Bielski (doktorant)</i> <i>mgr inż. Piotr Plewiński (doktorant)</i> <i>mgr Waldemar Ułaszewski (doktorant – do 30.09.2018)</i>
Zespół Genomiki Zbóż (ZGZ)	<i>prof. dr hab. Halina Wiśniewska</i> <i>mgr Maciej Majka (doktorant)</i> <i>mgr Adriana Twardawska – od 8.11.2018 r.</i> <i>mgr Waldemar Ułaszewski (doktorant – od 01.10.2018 r.)</i> <i>mgr inż. Jolanta Belter</i>

Współautorstwo publikacji		Kierownictwo projektów	
<u>ogółem</u>	39	<u>ogółem</u>	14
Lista A	12	UE	-
Lista B	3	Międzynarodowy - bilateralny	-
Lista C	3	Rządowe	1
Monografie i rozdziały	-	NCN/NCBiR/POIG	7
Inne	21	MRiRW	6
Liczba „N”	13	Inne	-

Udział w projektach

	<u>ogółem</u>	5
UE	-	
Międzynarodowy - bilateralny	-	
Rządowe	1	
NCN/NCBiR/POIG	2	
MRiRW	2	
Inne	-	

Prace obejmowały 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 taksonów. Ponadto prowadzone jest generowanie markerów związanych z cechami użytkowymi oraz analizy wskaźników fizjologicznych, jako elementu determinowania plonu.

Zespół Genomiki Porównawczej Roślin Strączkowych

Prace dotyczyły parametrów fizjologicznych, jako elementu determinowania plonu nasion

i jego komponentów u grochu i łubinu. Celem było poznanie zakresu zmienności parametrów, ich interakcji ze środowiskiem, wzajemnej korelacji oraz zmian pod wpływem 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. W zestawie linii badanym w 2018 r. zależności między plonem nasion, efektywnością wykorzystania wody i azotu były znacznie słabsze w warunkach niedoboru azotu. Badano możliwości wykorzystania wskaźników fizjologicznych, takich jak fluorescencja chlorofilu, zawartość chlorofilu i potencjał wodny liści w ulepszaniu produktywności roślin łubinu wąskolistnego i grochu. Analizowano przebieg procesów fotosyntezy liści i rozwój korzeni w zróżnicowanych warunkach środowiskowych. Badania uzupełniono o aspekt funkcjonalny głównych genów uczestniczących w tych procesach. Prowadzono też badania ekspresji genów warunkujących metabolizm cukrowców i odporność na askochytozę u grochu w celu potwierdzenia współwystępowania tych genów ze zidentyfikowanymi wcześniej QTL odpowiedzialnymi za badane cechy.

W celu identyfikacji genów kandydackich szlaku biosyntezy alkaloidów i odporności/podatności na fuzariozę, na podstawie danych uzyskanych z sekwencjonowania transkryptomów łubinu białego i żółtego oraz analizy ekspresji różnicowej wytypowano geny potencjalnie zaangażowane w proces biosyntezy alkaloidów. Zweryfikowano ekspresję tych genów z zastosowaniem qPCR. Wykazano, że dla obu gatunków regulacja biosyntezy przebiega odmiennie niż w przypadku badanego wcześniej łubinu wąskolistnego. Ponadto przetestowano 6 genów kandydackich związanych z odpornością/podatnością łubinu żółtego na fuzariozę. Wyniki qPCR potwierdziły udział wybranych genów w procesach odpornościowych tego gatunku po porażeniu *Fusarium*. Analizowano zmienność cechy zawartości alkaloidów, odporności na antraknozę, wczesności dojrzewania i zawartości tłuszczu w nasionach łubinu białego, kontynuowano prace nad wyprowadzaniem populacji mapującej i sposobem dziedziczenia alkaloidów w oparciu o krzyżowania dialleliczne u tego gatunku.

Prowadzono waloryzację cech morfo-botanicznych, użytkowych i analizy składu chemicznego nasion wraz z opracowaniem danych paszportowych dla wybranych obiektów marginalnych roślin strączkowych z kolekcji IGR PAN, reprezentujących zróżnicowane regiony geograficzne świata.

Zespół Struktury i Funkcji Genów

Badania łubinu białego wykazały, że cecha wczesności kwitnienia u tego gatunku jest kontrolowana przez co najmniej 4–5 loci QTL zlokalizowanych w grupach sprzężeń ALB02, ALB13, ALB16 oraz ALB24. Największy udział w wyjaśnieniu tej cechy ma locus QTL w grupie ALB13, zawierający prawdopodobnie homologi genów *SKIP1* i *SPL*. Genem kandydującym dla QTL w grupie ALB16 jest homolog genu *FRI3*. Regulacja terminu kwitnienia zależna od genów *SPL*, *SKIP1* i *FRI* odbywa się przypuszczalnie z pominięciem genu *FLC*. Na drodze mapowania genetycznego wykazano, że genem kandydującym dla QTL w grupie ALB02 jest homolog a1 genu *FLOWERING LOCUS T (LanFTa1)*, będący jednym z kluczowych genów procesu indukcji kwitnienia u *Medicago truncatula* i *Pisum sativum*.

Ocena terminu kwitnienia linii kolekcyjnych łubinu białego w warunkach kontrolowanych wykazała duże zróżnicowanie odpowiedzi na wernalizację. Badania uzyskanych wcześniej markerów molekularnych wykazały ich przydatność do identyfikacji alleli dla wszystkich 5 głównych loci wczesności kwitnienia. Genotypowanie z użyciem tych markerów pozwoliło na stwierdzenie, że w kolekcji znajdują się, co najmniej cztery linie wczesne i termoneutralne, które mogą być użyte, jako donory wczesności kwitnienia w krzyżowaniach z komponentami z Etiopii.

Analizowano 3 linie łubinu wąskolistnego wybrane na podstawie terminu kwitnienia: linie rodzicielskie populacji mapującej 83A:476 i P27255 oraz linia „Palestyna” (pośredni termin kwitnienia, niepełna delecja w regionie regulatorowym genu *FLOWERING LOCUS T*). Uzyskano profile ekspresji 8 genów zaangażowanych w indukcję kwitnienia gatunku, w tym 2 homologów genu *FTa*, 2 homologów genu *FTc* oraz homologów genów *BFT*, *SOC1*, *SVP* i *VRN1*.

W wyniku prac nad utworzeniem markerów molekularnych zakotwiczonych w sekwencjach genów indukcji kwitnienia łubinu żółtego na podstawie zidentyfikowanych loci polimorficznych zaprojektowano 2 markery typu PCR, 6 CAPS i 2 dCAPS dla populacji polskiej PRH444/14×Parys oraz 3 markery typu PCR, 19 CAPS i 1 dCAPS dla populacji australijskiej Wodjil×P28213. Wykonano profilowanie ekspresji genów u 5 linii różniących się wymaganiami wernalizacyjnymi i terminem kwitnienia. Na podstawie wysokoprzepustowego sekwencjonowania RNA (Novaseq6000) wytypowano geny kandydujące wczesności kwitnienia (termoneutralności) tego gatunku.

Uzyskane wcześniej wyniki umożliwiły stworzenie mapy genetycznej łubinu wąskolistnego, którą wykorzystano do mapowania ekspresyjnych loci cech ilościowych (e-QTL). Pozwoliło to na wytypowanie genów kandydujących dla wybranych cech użytkowych gatunku: zredukowanego pęknięcia strąków, przepuszczalności okrywy nasiennej, niskiej zawartości alkaloidów i białej barwy nasion. Dla łubinu wąskolistnego wykonano też profilowanie ekspresji genów w łodygach w odpowiedzi na inokulację grzybem patogenicznym *Diaporthe toxica* wywołującym brunatną plamistość łodyg. Przeprowadzono

2 doświadczenia w celu zebrania materiału roślinnego po inokulacji grzybem *Colletotrichum lupini* wywołującym antraknozę.

W celu przygotowania populacji mapującej łubinu żółtego w stacji HR Smolice, Oddział w Przebudowie, wysiano nasiona z pokolenia F₄: ♀ PRH 444/14 × ♂ Parys i ♀ Parys × ♂ PRH 444/14. Uzyskano plon z 200 linii z każdej kombinacji krzyżówkowej.

W ramach prac dotyczących ewolucji genomów opracowano zestaw sekwencji transkryptomów wszystkich gatunków łubinów Starego Świata i ich form botanicznych oraz 8 wybranych gatunków strączkowych z plemienia Genisteae (grupa kontrolna) metodą RNA-seq. Zoptymalizowano metodę izolacji RNA do wysokoprzepustowego sekwencjonowania NGS. Wszystkie transkryptomy złożono *de novo*. Na podstawie analiz porównawczych z użyciem transkryptomów, danych dostępnych w bazach i udostępnionych przez prof. Scotta Jacksona opracowano wysokorozdzielcze drzewo filogenetyczne. Wytypowano też pulę ortologów do dalszej analizy ewolucji łubinów w celu określenia dynamiki zdarzeń poliploidyzacyjnych u łubinów i gatunków pokrewnych.

Na podstawie analizy sekwencji chromosomowej *L. angustifolius* wygenerowano zestaw 407 900 sekwencji oligonukleotydowych o długości 45 nt, specyficznych dla chromosomu NLL-06 łubinu wąskolistnego. Po wyeliminowaniu sekwencji niepożądanych lub niespecyficznych ostatecznie zaprojektowano 20 115 (ramię 1 chromosomu) i 19 926 (ramię 2) sekwencji. Są one wykorzystywane, jako sondy do mapowania cytogenetycznego metodą 'oligopainting' w celu analizy rearanżacji chromosomowych powstałych w trakcie ewolucji i różnicowania się gatunków z rodzaju *Lupinus*.

W ramach rozpoczętych badań soi wykonano optymalizację procedur diagnostycznych dla markerów 5 genów wczesności kwitnienia i 2 genów zdeterminowania wzrostu przy użyciu linii referencyjnych z publikacji oraz wybranych materiałów kolekcyjnych o różnym fenotypie. Określono wstępnie warunki amplifikacji i rozdziału PCR dla kolejnych 13 markerów genów wczesności kwitnienia soi.

Zespół Genomiki Zbóż

Prace obejmowały poszerzenie zmienności genetycznej uprawnych form pszenżyta poprzez przeniesienie chromatyny z gatunków pokrewnych (m.in. z rodzaju *Aegilops*) oraz piramidyzację genów odporności, z wykorzystaniem krzyżowań oddalonych, dających możliwość wytworzenia nowych genotypów o zwiększonej odporności na choroby wywoływane przez grzyby patogeniczne. Prowadzono też poszukiwanie markerów fenotypowych, metabolicznych i molekularnych do badania typów odporności.

Na wyselekcjonowanych formach mieszańcowych *Ae. tauschii* i pszenżyta przeprowadzono inokulacyjne testy szklarniowe w zakresie odporności na rdzę brunatną w stadium siewki i rośliny dojrzałej (liść flagowy). Wykazano zróżnicowaną odpowiedź roślin mieszańcowych w zależności od wykorzystanego izolatu *Puccinia triticina*, zaobserwowano też 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 26 linii podwojonych haploidów.

Zidentyfikowano markery sprzężone z genami odporności na łamliwość podstawy źdźbła pszenicy. Wykonano krzyżowania mające na celu spiramidyzowanie genów *Pch1* i *Pch2* związanych z odpornością na łamliwość źdźbła u pszenicy ozimej. Obecność genów *Pch1* i *Pch2* stwierdzono u 5 genotypów. Odporność zweryfikowano z wykorzystaniem testów inokulacyjnych przeprowadzonych w stadium siewki w fitotronie i testu polowego.

W ramach badań odporności na fuzariozę kłosów wykonano testy inokulacyjne na 200 liniach hodowlanych pszenżyta ozimego i 150 liniach pszenicy ozimej. Wykazały one kilka

typów odporności, którą scharakteryzowano również poprzez analizę zawartości mikotoksyn w ziarnie. W wyniku krzyżowań pszenżyta uzyskano 11 form pokolenia BC₂ oraz 56 form pokolenia BC₃ posiadających gen *Fhb1*, który warunkuje podwyższoną odporność na fuzariozę kłosa.

W pracach nad wprowadzeniem do pszenżyta segmentów chromosomów z nieuprawnych gatunków kozięńców (*Aegilops* sp.), posiadających geny odporności na rdzę żdźbłową i żółtą, przeprowadzono indukowane krzyżowania monosomicznych form pszenżyta z formą zawierającą telosomiczny chromosom 2R. Zapyłono 11 008 kwiatów, otrzymano 942 ziarniaki. Analiza cytomolekularna rekombinantów pozwoliła stwierdzić, iż uzyskano 3 typy roślin z genami odporności: *Lr22a+Lr39* (6 roślin), *Lr54+Yr37* (11 roślin) oraz *Lr59* (4 rośliny).

Lista projektów badawczych Zakładu

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., 2016-2020, 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, L. Boros (IHAR Radzików), L. Lahuta (UWM, Olsztyn).
- Zad. 2.2. „Identyfikacja genów warunkujących zawartość alkaloidów oraz zawiązywanie i utrzymywanie organów generatywnych u łubinów”, **M. Kroc**, W. Świącicki, K. Czepiel, P. Wilczura.
- Zad. 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, W. 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.G. Górny**, D. Ratajczak, M. Gawłowska, W.K. Świącicki.

NCN

1. HARMONIA 7 „Mechanizmy leżące u podstaw ewolucji genomów roślinnych, dywersyfikacji i specjacji”, nr 2015/18/M/NZ2/00422, 13.05.2016 r.–12.05.2019 r., **K. Susek**, M. Kroc, W. Ulaszewski, M. Tomaszewska, Brain Abernathy oraz Scott A. Jackson (University of Georgia, Athens, USA).
2. SONATA 9 „Profilowanie transkryptomu łubinu wąskolistnego podczas interakcji roślina-patogen: poznanie molekularnych i genetycznych podstaw odporności na grzyby patogeniczne: *Colletotrichum lupini* i *Diaporthe toxica*” nr 2015/17/D/NZ9/02112, 03.03.2016 r.–02.03.2019 r., **M. Książkiewicz**, J. Kaczmarek, S. Rychel, E. Lewartowska, N. Ramzi, R. Wawrzyniak, S. Ornatowski, W. Irzykowski.

3. PRELUDIUM „Profile ekspresji wybranych genów warunkujących biosyntezę alkaloidów chinolizydynowych w różnych organach łubinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.)”, nr 2014/13/N/NZ9/03943, 27.01. 2015 r.–27.01.2019 r., **K. Czepiel**, opiekun naukowy: W. Świąćicki.
4. 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, 05.08.2015 r.–04.06.2018 r., **S. Rychel**, M. Książkiewicz, opiekun naukowy: B. Wolko.
5. PRELUDIUM 12 „Zróżnicowane losy chromosomów łubinów”, nr 2016/23/N/NZ2/01509, 06.07.2017 r.–05.07.2019 r., **W. Bielski**, opiekun naukowy: B. Naganowska.
6. PRELUDIUM 8 „Doskonalenie genetyczne pszenżyta poprzez krzyżowania oddalone z formami amfiploidalnymi *Aegilops tauschii* x *Secale cereale* w celu przeniesienia genów odporności na rdzę brunatną”, nr: 2014/15/N/NZ9/00448; 21 lipca 2015 – 20 stycznia 2019, **M. Majka**, opiekun naukowy: H. Wiśniewska.

NCBiR

1. PBS – SEGENMAS – „Sekwencjonowanie nowej generacji i mapowanie asocjacyjne, jako metody generowania markerów molekularnych cech użytkowych łubinu wąskolistnego”. PBS 3/A8/28/2015; 01.03.2015 r.–28.02.2018 r., Koordynator: **B. Wolko**; B. Naganowska, W. Świąćicki, M. Książkiewicz, M. Kroc, P. Plewiński, S. Rychel, W. Bielski.

MRiRW

1. „Identyfikacja rejonów w genomie grochu, warunkujących wybrane parametry sprawności fizjologicznej, jako istotnego elementu odporności na stresy abiotyczne”, HOR.hn.802.18.2018, Zad. nr 40/2018, 01.01.2018 r.–31.12.2018 r., W. Świąćicki, M. Gawłowska, A. Górny, A. Niewiadomska (UP Poznań), L. Boros (IHAR – PIB Radzików), A. Wawer (IHAR – PIB Radzików), D. Ratajczak.
2. „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 41/2018, 01.01.2018 r. – 31.12.2018 r., W. Świąćicki, M. Kroc, K. Kamel, P. Barzyk, P. Wilczura, G. Koczyk.
3. „Analiza zmienności genetycznej i piramidyzacja genów warunkujących cechy użytkowe łubinu białego”, Zad. nr 42/2018, 01.01.–31.12.2018 r., W. Rybiński, W. Świąćicki, P. Barzyk, P. Wilczura, Cz. Nawrot.
4. „Cecha wczesności kwitnienia u łubinu białego i łubinu żółtego – podstawy genetyczne i molekularne”, Zad. nr 39/2017, 01.01.–31.12.2018 r., M. Książkiewicz, W. Bielski, B. Naganowska, P. Plewiński, S. Rychel, M. Tomaszewska, B. Wolko.
5. „Wykorzystanie markerów molekularnych i fenotypowych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła powodowaną przez *Oculimacula yallundae* i *Oculimacula acufornis*”, nr HOR. hn.802.14.2017), 01.01.2018 r. – 31.12.2018 r., H. Wiśniewska, M. Kwiatek, M. Gawłowska, M. Majka, M. Korbas (IOR – PIB, Poznań), J Belter.

6. Badanie typów odporności na fuzariozę kłosów u pszenżyta ozimego za pomocą markerów fenotypowych i metabolicznych, HOR. hn.802.14.2017, 01.01.2018 r. – 31.12.2018 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.

Spis publikacji Zakładu Genomiki

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

1. Lahuta L.B., Ciak M., **Rybiński W.**, Bocianowski J., Börner A. (2018). Diversity of the composition and content of soluble carbohydrates in seeds of the genus *Vicia* (Leguminosae). *Genetic Resources and Crop Evolution* 65: 541–554. DOI 10.1007/s10722-017-0552-y. Punkty MNiSW: 30 Impact Factor: 1,130
2. Pawłowicz I., Waśkiewicz A., Perlikowski D., Rapacz M., **Ratajczak D.**, Kosmala A. (2018). Remodeling of chloroplast proteome under salinity affects salt tolerance of *Festuca arundinacea*. *Photosynthesis Research* 137(3): 475–492. DOI: 10.1007/s11120-018-0527-7. Punkty MNiSW: 40 Impact Factor: 3,091
3. **Rybiński W.**, **Święcicki W.**, Bocianowski J., Börner A., Starzycka-Korbas E., Starzycki M. (2018). Variability of fat content and fatty acids profiles in seeds of a Polish white lupin (*Lupinus albus* L.) collection. *Genetic Resources and Crop Evolution* 65: 417–431. DOI: 10.1007/s10722-017-0542-0. Punkty MNiSW: 30 Impact Factor: 1,130
4. Zawieja B., **Rybiński W.**, Nowosad K., Bocianowski J. (2018). Assessment of *Lathyrus* species accession variability using visual and statistical methods. *Pakistan Journal of Botany* 50 (6): 2277–2284. Punkty MNiSW: 20 Impact Factor: 0,750
5. Lusinska J., Majka J., Betekhtin A., **Susek K.**, Wolny E., Hasterok R. (2018) Chromosome identification and reconstruction of evolutionary rearrangements in *Brachypodium distachyon*, *B. stacei* and *B. hybridum*. *Annals of Botany* 122: 445–459. DOI: 10.1093/aob/mcy086. Punkty MNiSW: 40 Impact Factor: 3,646
6. Płazek A., Dubert F., Kopeć P., Dziurka M., Kalandyk A., Pastuszak J., **Wolko B.** (2018) Seed Hydropriming and Smoke Water Significantly Improve Low-Temperature Germination of *Lupinus angustifolius* L. *International Journal of Molecular Sciences* 19(4): E992. DOI: 10.3390/ijms19040992. Punkty MNiSW: 30 Impact Factor: 3,687
7. Płazek A., Dubert F., Kopeć P., Dziurka M., Kalandyk A., Pastuszak J., Waligórski P., **Wolko B.** (2018) Long-Term Effects of Cold on Growth, Development and Yield of Narrow-Leaf Lupine May Be Alleviated by Seed Hydropriming or Butenolide. *International Journal of Molecular Sciences* 19(4): E 2416.

DOI: 10.3390/ijms19082416.

Punkty MNiSW: 30

Impact Factor: 3,687

8. **Szczepaniak A., Książkiewicz M.,** Podkowiński J., **Czyż K. B.,** Figlerowicz M., **Naganowska B.** (2018) Legume cytosolic and plastid acetyl-coenzyme A carboxylase genes differ by evolutionary patterns and selection pressure schemes acting before and after whole-genome duplications. *Genes* 9(11):563. DOI: 10.3390/genes9110563.
Punkty MNiSW: 25
Impact Factor: 3,191
9. **Majka M.,** Serfling A., Czembor P., Ślusarkiewicz-Jarzina A., Kwiatek M., Ordon F., **Wiśniewska H.** (2018) Resistance of (*Ae. tauschii* × *S. cereale*) × *Triticosecale* hybrids to leaf rust (*Puccinia triticina*), *Frontiers in Plant Science* 9:1418.
DOI: 10.3389/fpls.2018.01418.
Punkty MNiSW: 40
Impact Factor: 3,678
10. Goriewa-Duba K., Duba A., Kwiatek M., **Wiśniewska H.,** Wachowska U., Wiwart M. (2018) Chromosomal distribution of pTa-535, pTa-86, pTa-713, 35S rDNA repetitive sequences in interspecific hexaploid hybrids of common wheat (*Triticum aestivum* L.) and spelt (*Triticum spelta* L.). *PLoS ONE* 13(8): e0203162.
DOI:10.1371/journal.pone.0203162.
Punkty MNiSW: 35
Impact Factor: 2,766
11. Majka J., Zwierzykowski Z., **Majka M.,** Kosmala A. (2018) Karyotype reshufflings of *Festuca pratensis* × *Lolium perenne* hybrids, *Protoplasma* 255:451-458.
DOI: 10.1007/s00709-017-1161-5.
Punkty MNiSW: 30
Impact Factor: 2,457
12. **Szczepaniak A., Książkiewicz M.,** Podkowiński J., **Czyż K.,** Figlerowicz M., **Naganowska B.** (2018). Legume cytosolic and plastid acetyl-coenzyme A carboxylase genes differ by evolutionary patterns and selection pressure schemes acting before and after whole-genome duplications. *Genes* 9 (11):563. DOI: 10.3390/genes9110563.
Punkty MNiSW: 25
Impact Factor: 3,191

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

1. Starzycka-Korbas E., Starzycki M., Kamiński P., Dubert M., **Rybiński W.,** Budzanowski G., Stefanowicz M. (2017). Badania odporności mieszańców międzygatunkowych z plemienia *Brassicaceae* na porażenie powodowane przez patogeny *Leptosphaeria* sp. i *Alternaria* sp. Biuletyn IHAR nr 282, s. 123–138 (**praca ukazała się drukiem w roku 2018!**).
Punkty MNiSW: 6
2. **Majka M.,** Kwiatek M., Korbas M., Danielewicz J., Gawłowska M., Góral T., **Wiśniewska H.** (2018) Eyespot resistance of winter wheat breeding lines evaluated with

the marker-assisted selection and inoculation tests at the seedling and adult plant stage, *Journal of Plant Protection Research* 58 (4). DOI: 10.24425/jppr.2018.124647.

Punkty MNiSW: 15

3. **Wiśniewska H.**, Góral T., Ochodzki P., Walentyn-Góral D., Kwiatek M., **Majka M.**, **Belter J.**, Banaszak Z., Pojmaj M., Kurlito D., Konieczny M., Budzanowski G., Cicha A., Paizert K., Matysik P. (2018) Badanie typów odporności na fuzariozę kłosów u pszenżyta ozimego za pomocą markerów fenotypowych i metabolicznych, *Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin* 284.

Punkty MNiSW: 6

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

1. **Góryniewicz B.**, **Święcicki W.**, Pilarczyk W., Mikulski W. (2018) Correlation of seed yield and its components and chlorophyll fluorescence parameters in the narrow leafed lupin (*Lupinus angustifolius* L.). *Breeding Grasses and Protein Crops in the Era of Genomics*. Brazauskas Gintaras, Statkevičiūtė Gražina, Jonavičienė Kristina (Eds). Springer International Publishing AG, part of Springer Nature. Online ISBN 978-3-319-89578-9. Print ISBN 978-3-319-89577-2 Conference proceedings: 191–195.
2. **Rybiński W.**, **Kroc M.**, **Święcicki W.**, **Wilczura P.**, **Kamel K.**, Barzyk P., Mikulski W. (2018). Preliminary Estimation of Variation of Alkaloids Content in White Lupin (*Lupinus albus* L.) Collection. *Breeding Grasses and Protein Crops in the Era of Genomics*. Brazauskas Gintaras, Statkevičiūtė Gražina, Jonavičienė Kristina (Eds). Springer International Publishing AG, part of Springer Nature. Online ISBN 978-3-319-89578-9. Print ISBN 978-3-319-89577-2 Conference proceedings: 131–136.
3. Ogrodowicz P., Surma M., Adamski T., Kaczmarek Z., **Święcicki W.**, Stopyra P., Kuczyńska A., Krystkowiak K., Mikołajczak K. 2018. Effects of temperature on growth during *in vitro* embryo culture of field bean (*Vicia faba* var. *minor* L.) *Breeding Grasses and Protein Crops in the Era of Genomics*. Publishing AG, part of Springer Nature. Online ISBN 978-3-319-89578-9. Print ISBN 978-3-319-89577-2 Conference proceedings: 51–55.

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 (adiunkt),</i> <i>mgr inż. Fatema Bakro (asystent, doktorantka),</i> <i>mgr inż. Sara Blicharz (asystent, doktorantka),</i> <i>mgr Soham Mukhopadhyay (doktorant),</i> <i>mgr Juan Camilo Ochoa (doktorant)</i>
Zespół Nanobiotechnologii i Biosyntezy Metabolitów Wtórnych	<i>dr Franklin Gregory</i> <i>dr. Selvakesavan Rajendran Kamalabai,</i> <i>Preeti Shakya (asystent, doktorantka),</i> <i>Dariusz Kruszka (doktorant),</i> <i>Qaisar Maqbool (doktorant),</i> <i>Pradeep Matam (doktorant)</i>
Zespół Inżynierii Ściany Komórkowej Roślin	<i>dr Jorge A. Pinto Paiva</i> <i>dr Mortaza Khodaeiaminjan,</i> <i>mgr Carolina Gomes (doktorantka)</i>

Współautorstwo publikacji		Kierownictwo projektów	
	<u>ogółem</u>		<u>ogółem</u>
Lista A	7	UE	-
Lista B	-	Międzynarodowy - bilateralny	1
Lista C	-	Rządowe	-
Monografie i rozdziały	1	NCN/NCBiR/POIG	8
Inne	-	MRiRW	-
Liczba „N”	10,5	Inne	-

Udział w projektach	
	<u>ogółem</u>
UE	-
Międzynarodowy - bilateralny	1
Rządowe	-
NCN/NCBiR/POIG	8
MRiRW	-
Inne	-

Zespół Biologii Systemów Roślinnych

Zespół pracuje z zagadnieniami związanymi z plastycznością rozwojową roślin, jako mechanizmem reakcji na stresy biotyczne oraz środowiskowe. Tematy badań to:

1. Przeprogramowanie rozwoju roślin *Arabidopsis thaliana* (L) Heyhn w trakcie infekcji *Plasmiodiophora brassicae*.

Prowadzono prace mające na celu zrozumieć przeprogramowanie postępu cyklu komórkowego, różnicowania floemu oraz procesów związanych z powstawaniem olbrzymich komórek na różnych etapach rozwoju choroby.

Stwierdzono, że chorobie towarzyszy zwiększona ekspresja genów odpowiedzialnych za przejście z fazy G2 do M, część z tych genów funkcjonuje w ramach tego samego kompleksu białkowego DREAM (E2Fa, RBR1, MYB3R4, MYB3R1) i poprzez indukcję ekspresji genów kodujących cykliny typu B (CYCB) powoduje opóźnienie wyjścia komórek z fazy proliferacji – to skutkuje hiperplazją hypokotyli, co jest pierwszym etapem tworzenia się narośli w trakcie choroby. Stwierdzono również, że hipertrofia hypokotyli związana z powstawaniem komórek olbrzymich jest wynikiem zarówno procesów ekspansji komórek jak i procesu wzrostu komórki, u podłoża, którego leży powodowane przez patogen nasilenie procesu endoreduplikacji. Praca została przyjęta do druku w *The Plant Journal* ale ukaże się w roku 2019.

Olszak, M., Truman, W., Stefanowicz, K., Sliwinska, E., Ito, M., Walerowski, P., Rolfe S. and Malinowski R. (2019), Transcriptional profiling identifies critical steps of cell cycle reprogramming necessary for *Plasmiodiophora brassicae*-driven gall formation in *Arabidopsis*. *Plant J.* doi:10.1111/tj.14156.

Inne prace dotyczące przeprogramowania floemu oraz transportu cukrów w trakcie infekcji roślin przez *P. brassicae* wykazały, że patogen poprzez indukcję genów BRX, CVP2 oraz OPS2 powoduje intensyfikację wczesnych etapów różnicowania floemu. Stwierdzono również specyficzne dla floemu nasilenie akumulacji białek premeaz sacharozy SWEET11 i SWEET12. Badania na podwójnym mutancie *sweet11;12* metodą mikroobrazowania połączonego ze spektroskopią Fourier'awykazały, że zidentyfikowane transportery SWEET pełnią ważną rolę w dostarczeniu sacharozy w rejon występowania patogenu. Praca została zaakceptowana do publikacji w *The Plant Cell*, ale ukaże się w roku 2019.

Walerowski, P., Gündel, A., Yahaya, N., Truman, W., Sobczak, M., Olszak, M., Rolfe, S.A., Borisjuk, L., and Malinowski, R. (2019). Clubroot Disease Stimulates Early Steps of Phloem Differentiation and Recruits SWEET Sucrose Transporters within Developing Galls. *The Plant Cell*.

2. Zmiana różnicowania floemu oraz składu soku floemowego w odpowiedzi na stres suszy u grochu (*Pisum Sativum* L.). Wykonano analizę zmian anatomicznych we floemie roślin grochu znajdujących się w warunkach niedoboru wody. Przeprowadzono również analizę metaboliczną zawartości soku floemowego oraz ekspresji transporterów cukrów. Wyniki wskazują na kluczową rolę floemu w przekierowaniu substancji odżywczych oraz osmotycznie czynnych a także regulatorów metabolizmu w warunkach stresu suszy.

Zespół Nanobiotechnologii i Biosyntezy Metabolitów Wtórnych

Zespół pracuje głównie na roślinie leczniczej: Dziurawiec zwyczajny (*Hypericum perforatum*). Interdyscyplinarne badania prowadzono w następujących kierunkach:

1. Zrozumienie ścieżki rozwoju biosyntetycznej hyperycyny

Hiperycyna jest fotodynamicznym pigmentem, substancja została wykryta w naturalnie występującej formie w dziurawcu zwyczajnym, pełniąc funkcję markera chemataksometrycznego. Substancja wykazuje cechy wielofunkcyjnego pośrednika

w odkryciach leków oraz zastosowaniu w medycynie na całym świecie. W roku 2018 podjęto próbę charakterystyki sieci molekularnej regulującej biosyntezę hiperycyny. Uzyskane informacje zostaną użyte do poprawienia, jakości produkcji hiperycyny w oparciu o inżynierię metaboliczną. W roku 2018 scharakteryzowano warunki niezbędne do zahamowania bądź uruchomienia syntezy hiperycyny.

2. Oporność rośliny na transformację T-DNA

Zespół analizuje transkryptom, metabolom i proteom dziurawca zwyczajnego w celu zrozumienia zjawiska oporności rośliny – żywiciela na interakcję z *Agrobacterium*. Transformacja pośrednia *Agrobacterium* jest istotnym narzędziem poprawy upraw i funkcjonalnej genomiki roślin, zatem wyniki tych badań pozwolą na rozwój technik transformacji dla gatunków opornych na ten proces. Ponadto będzie możliwe wytworzenie strategii zapobiegania chorobie guzowatości korzeni dla upraw ekonomicznie istotnych a narażonych na tę chorobę. W roku 2018 zidentyfikowano i funkcjonalnie scharakteryzowano geny odpowiedzialne za mechanizm oporności roślin na transformację z wykorzystaniem *Agrobacterium*.

3. Fitonanotechnologia

Zespół bada wpływ różnych metalicznych nanocząsteczek w różnych tkankach roślinnych poprzez badania metabolomiczne i transkryptomowe, ze szczególnym uwzględnieniem metabolizmu wtórnego roślin. Ponadto zespół pracuje nad mechanizmami nanoformacji dla syntezy z zastosowaniem ekstraktów z *Hypericum perforatum*. Umożliwi to charakterystykę mechanizmów redoks oraz poznanie wtórnych metabolitów w tych procesach. Innym kierunkiem prowadzonych badań było uzyskanie ważnych komponentów takich, jak hiperycyna i hiperforyna przy pomocy nanocząsteczek z *H. perforatum*. W roku 2018 opisano procesy redox i zidentyfikowano niektóre z metabolitów wtórnych, których obecność towarzyszy interakcji między komponentami roślinnymi a metalicznymi nanocząsteczkami. Zostało to wykorzystane do opracowania procedur uzyskiwania i oczyszczania wielu substancji pochodzenia roślinnego o potencjalnym znaczeniu farmakologicznym.

Zespół Inżynierii Ściany Komórkowej Roślin

Streszczenie

Skład chemiczny wtórnej ściany komórki (Secondary cell wall -SCW) oraz jej struktura mają znaczący wpływ na jej zastosowanie, jako źródła surowca do wielorakich zastosowań (drewno, miazga, bioenergia). Obiektem badań Zespołu jest wierzba purpurowa (*Salix purpurea* L.). Szybkorosnące rośliny drzewiaste, takie jak gatunki z rodziny wierzbowatych, stanowią atrakcyjne źródło odnawialnego surowca biomasy dla bioenergii. Dodatkowo, wierzba została polecona, jako strategiczna uprawa bioenergetyczna dla Polski, jako część naturalnego składu polskiej roślinności. W roku 2018 badano następujące zagadnienia:

1. Zrozumienie roli metylacji DNA oraz regulacji potranskrypcyjnej w biosyntezie wtórnej ściany komórkowej

Opracowano metodę regeneracji wierzby purpurowej w warunkach kultur *in vitro*. Metodę tę wykorzystano do traktowania roślin zebularną – czynnikiem zaburzającym prowadzącym do demetylacji DNA. Sklonowano geny metylotransferazy DNA oraz demetylasy DNA z genomu *Salix purpurea*. Zbadano również ekspresję prekursorów miRNA w różnych tkankach i organach wierzby purpurowej i potwierdzono, że niektóre z nich mogą być zaangażowane w regulację procesu ksylogenezy.

2. Dynamika ekspresji genów zaangażowanych w syntezę i przemiany wtórnej ściany komórkowej u wierzby purpurowej

Wytypowano *in silico* geny odpowiedzialne za syntezę i przemiany ściany komórkowej oraz zbadano ich ekspresję.

3. Badanie różnorodności genetycznej populacji wierzby purpurowej oraz selekcja osobników o potencjalnych wartościach agrotechnicznych lub przemysłowych

W roku 2018 we współpracy z Dr Sulimą z Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie 2017 przeprowadzono charakterystykę cech biometrycznych (przyrost wtórny łądygi, świeża i sucha masa) oraz niektórych cech fizjologicznych 400 genotypów populacji wierzby purpurowej. W populacji wytypowano osobniki męskie i żeńskie. Wyselekcjonowano także osobniki odporne na suszę i wysokie temperatury. Znalezione również genotypy o istotnie różnym poziomie akumulacji lignin, odporne na rdzę (*Melampsora spp.*), oraz zróżnicowanym składzie glikozydów salicylanowych. Rozpoczęto również etap mapowania genetycznego z wykorzystaniem metody SSR, co pozwoliło na znalezienie 30 primerów dających różnicujące produkty amplifikacji.

Lista projektów badawczych Zakładu

NCN

1. OPUS13 HyperAgro: “Understanding the relevance of pathogenesis-related defence mechanisms in plant recalcitrance against Agrobacterium mediated transformation” nr 2017/25/B/NZ9/00720, 07.02.2018 r.–06.02.2021 r.; Kierownik projektu: **Franklin Gregory**, uczestnicy projektu: dr. Selvakesavan Rajendran Kamalabai, Preeti Shakya, Dariusz Kruszk, Qaisar Maqbool, Pradeep Matam.
2. OPUS 12 „Hyperisyn: Zastosowanie innowacyjnych narzędzi badawczych do poznania sieci molekularno-genetycznych uwarunkowań szlaku biosyntezy hiperycyny”, nr 2016/23/B/NZ9/02677, 03.07.2017–02.07.2020 r.; Kierownik projektu: **Franklin Gregory**, uczestnicy projektu: dr. Selvakesavan Rajendran Kamalabai, Preeti Shakya, Dariusz Kruszk, Qaisar Maqbool, Pradeep Matam.
3. OPUS11 „HyperNano: Badanie zmian metabolizmu wtórnego u *Hypericum perforatum* pod wpływem nanocząsteczek poprzez zastosowanie zintegrowanego podejścia i technologii „omics”, nr 2016/21/B/ NZ9/01980, 12.01.2017 r.–11.01.2020 r.; Kierownik projektu: **Franklin Gregory**, uczestnicy projektu: Selvakesavan Rajendran Kamalabai, Preeti Shakya, Dariusz Kruszk, Qaisar Maqbool, Pradeep Matam.
4. OPUS 11 „Rola transportu floemowego w adaptacji grochu do warunków niedoboru wody”, nr 2016/21/B/NZ9/02020, 12.01.2017 r.–11.01.2020 r.; Kierownik projektu: **Robert Malinowski** (IGR PAN).
5. OPUS 10 „Zrozumienie roli zależnych od chityny odpowiedzi obronnych roślin podczas infekcji *Plasmodiophora brassicae*”, nr 2015/19/B/NZ3/01489, 20.06.2016 r.–19.06.2019 r.; Kierownik projektu: **William Truman**, uczestnicy projektu: Soham Mukhopadhyay, Juan Camilo Ochoa.
6. SONATA 9 „Znaczenie przemian ściany komórkowej roślin zainfekowanych przez *Plasmodiophora brassicae* dla rozwoju patogena”, nr 2015/17/D/NZ9/01977, 03.06.2016 r.–02.06.2019 r.; Kierownik projektu: **Karolina Stefanowicz**.
7. 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, 12.05.2016 r.–11.05.2019 r.; Kierownik projektu: **Jorge A. Pinto Paiva** uczestnicy projektu: Mortaza Khodaeiaminjan, Carolina Gomes.

8. 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, 16.09.2013 r.–15.04.2018 r.; Kierownik projektu: **Robert Malinowski** (IGR PAN).

Współpraca bilateralna Polska-Portugalia finansowana przez MNiSW oraz FCT

„Przemiany ściany komórkowej w warunkach stresu u *Medicago truncatula*” 01.01.2017 r.–31.12.2018 r.; Kierownik projektu: **Jorge A. Pinto Paiva** (IGR PAN).

Spis publikacji **Zakładu Zintegrowanej Biologii Roślin**

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

1. Boher P., Soler M. Sánchez A., Hoede C., Noirot C., **Paiva J.A.P.**, Ferra O., Figueras M. (2018) A comparative transcriptomic approach to understanding the formation of cork. *Plant Molecular Biology* 96(1-2):103–118. DOI: 10.1007/s11103-017-0682-9.
Punkty MNiSW: 35
Impact Factor: 3,543
2. Marslin G., Siram K., **Maqbool Q.**, **Selvakesavan R.K.**, **Kruszka D.**, **Kachlicki P.**, **Franklin G.** (2018) Secondary Metabolites in the Green Synthesis of Metallic Nanoparticles. *Materials* 3:11. DOI: 10.3390/ma11060940.
Punkty MNiSW: 35
Impact Factor: 2,467
3. Siram K., Divakar S., Raghavan C.W., Marslin G., Rahman H., **Franklin G.** (2018) Prediction and elucidation of factors affecting solubilisation of imatinib mesylate in lipids. *Colloids and Surfaces B: Biointerfaces* 174: 443–450. DOI:10.1016/j.colsurfb.2018.11.033.
Punkty MNiSW: 35
Impact Factor: 3,997
4. Marslin G., Prakash J., Qi S., **Franklin G.** (2018) Oral Delivery of Curcumin Polymeric Nanoparticles Ameliorates CCl₄-Induced Subacute Hepatotoxicity in Wistar Rats. *Polymers* 10:541. DOI:10.3390/polym10050541.
Punkty MNiSW: 40
Impact Factor: 2,935
5. Walerowski P., Gündel A., Yahaya N., **Truman W.**, Sobczak M., Olszak M., Rolfe S., Borisjuk L., and **Malinowski R.** 2018. Clubroot Disease Stimulates Early Steps of Phloem Differentiation and Recruits SWEET Sucrose Transporters within Developing Galls. *The Plant Cell* 30:3058–3073. DOI: 10.1105/tpc.18.00283.
Punkty MNiSW: 45
Impact Factor: 8,228

Autorstwo/redakcja monografii; autorstwo rozdziału w monografii

1. Susana S. Araújo, **Carolina Gomes**, **Jorge A.P. Paiva**, Alma Balestrazzi, and Anca Macovei (2018) MicroRNAs: Emerging Roles in Abiotic Stresses and Metabolic Processes. In *Metabolic Adaptations in Plants During Abiotic Stress* Akula Ramakrishna, Sarvajeet Singh Gill, ed. CRC Press ISBN 9781138056381 - CAT# K33263, pad 251–266.

WSPÓŁPRACA KRAJOWA

Współpraca z krajowymi placówkami naukowymi

Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki (IChB/PP)

- dr Łukasz Marczak; analiza genotypów jęczmienia jarego z wykorzystaniem chromatografii gazowej połączonej z spektrometrią mas; wspólny projekt NCN OPUS9 – **A. Kuczyńska**

Hodowla Roślin Smolice Spółka z o.o.

- Genetyczne i molekularne podstawy cechy wczesności kwitnienia łubinu białego i żółtego – (projekt MRiRW zad. 39). Sekwencjonowanie nowej generacji i mapowanie asocjacyjne, jako metody generowania markerów molekularnych cech użytkowych łubinu wąskolistnego – (konsorcjum NCBiR SEGENMAS) – **M. Książkiewicz, W. Bielski, B. Naganowska, B. Wolko, P. Plewiński, S. Rychel, M. Tomaszewska**

Instytut Agrofizyki PAN w Lublinie

- dr hab. Artur Nosalewicz, prof. IA PAN; wpływ oporu mechanicznego na wzrost korzeni jęczmienia (wspólny projekt MRiRW) – **A. Kuczyńska**
- dr Agnieszka Kasprzycka – współpraca naukowa z **J. Lalak-Kańczugowska**
- dr hab. Magdalena Frąc, Wspólna publikacja przeglądowa – **M. Jędryczka**
- M. Bańda – opracowanie parametrów geometrycznych i właściwości mechanicznych (fizycznych) nasion roślin strączkowych pod względem ich odporności na obciążenia mechaniczne. 2018 – praca przyjęta do druku w *Int. Agrophysics* (z IF) – **W. Rybiński**.

Instytut Biotechnologii i Antybiotyków, Warszawa

- dr Józef Kapusta; opracowanie iniekcyjnej i doustnej szczepionki pochodzenia roślinnego przeciwko HBV; publikacje JCR 2017 – **T. Pniewski**

Instytut Biochemii i Biofizyki PAN w Warszawie

- **Pracownia Patogenezy Roślin**; dr hab. Magdalena Krzymowska, mgr Marcin Piechocki, analizy filogenomiczne oraz modelowanie roślinnych i grzybowych homologów białka HopQ; publikacja JCR 2018 – **G. Koczyk**

Instytut Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu

- prof. dr hab. Maciej Stobiecki; analiza zmienności form jęczmienia jarego w warunkach deficytu wody; publikacja – **A. Kuczyńska**
- badania metabolomu *Passiflora incarnata*, współpraca z Uniwersytet Medyczny w Poznaniu publikacja JCR 2018 – **A. Sawikowska**
- prof. dr hab. M. Stobiecki; Analizy HPLC/MS bioaktywnych metabolitów wtórnych roślin uprawnych; publikacje w czasopismach z listy filadelfijskiej, liczne komunikaty na konferencjach krajowych i międzynarodowych – **P. Kachlicki**
- prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Jan Podkowiński; analiza ewolucji genów karboksylaz u łubinów i innych Fabaceae; publikacja w *Genes* (2018); **M. Książkiewicz, K. Czyż, B. Naganowska**.

Instytut Ekologii Terenów Uprzemysłowionych w Katowicach

- dr Marta Pogrzeba; analiza chemiczna pod względem zawartości metali i innych pierwiastków gleb oraz wybranych gatunków i genotypów miskanta dla potrzeb fitoremediacji skażonych gleb; publikacje JCR 2017 – **S. Jeżowski**.

Instytut Fizjologii Roślin PAN w Krakowie

- Sekwencjonowanie nowej generacji i mapowanie asocjacyjne, jako metody generowania markerów molekularnych cech użytkowych łubinu wąskolistnego – (konsorcjum NCBiR SEGENMAS) – **B. Wolko, B. Naganowska, M. Książkiewicz, S. Rychel, W. Bielski, P. Plewiński.**

Instytut Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu

- prof. dr hab. Maciej Kurpisz, mgr Anna Rugowska, mgr Kamil Wierziński; określenie immunogenności HBcAg pochodzenia roślinnego w modelu zwierzęcym; publikacja JCR 2017 – **T. Pniewski, M. Pyrski.**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB oddział w Poznaniu

- prof. dr hab. T. Cegielska-Taras, prof. dr hab. I. Bartkowiak-Broda, dr hab. L. Szala; analiza funkcji wybranych genów należących do rodziny PP2C (kodujących fosfatazy białkowe) oraz HD-Zip (kodujących czynniki transkrypcyjne) u rzepaku; wspólnie realizowany projekt NCN OPUS – **D. Babula-Skowrońska.**
- M. Starzycki, Zakład Roślin Oleistych. Ocena zmienności składu chemicznego nasion gatunków z rodzaju *Lathyrus*, *Cicer*, *Vicia* i *Lupinus*. W roku 2017 - publikacja z IF (Genetic Resources and Crop Evolution, w 2018 przyjęta do druku w Int. Agrophysics – **W. Rybiński.**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB w Radzikowie

- dr T. Góral, dr P. Ochodzki; identyfikacja białek związanych z odpornością na fuzariozę kłosów u pszenicy i pszenżyta; publikacja w czasopiśmie z listy JCR (2016) i publikacja w recenzjach – **A. Kosmala, D. Perlikowski, I. Pawłowicz, A. Augustyniak.**
- dr Grzegorz Gryziak; 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 w świecie, udostępnianie materiałów wyjściowych hodowcom – **A. Kuczyńska.**
- Zakład Fitopatologii, dr hab. Elżbieta Czembor, dr hab. Tomasz Góral; analiza zasiedlenia ziarna kukurydzy przez grzyby *Fusarium*, porażenie pszenicy przez *Fusarium*; publikacja 2019, projekt NCN – **Ł. Stępień.**
- Zakład Traw, Roślin Motylkowatych i Energetycznych, dr Danuta Martyniak – **J. Lalak-Kańczugowska.**
- dr Lech Boros, Identyfikacja rejonów w genomie grochu, warunkujących wybrane parametry sprawności fizjologicznej, jako istotnego elementu odporności na stresy abiotyczne - Projekt MRiRW Zad. 40 – **M. Gawłowska, W. Świącicki.**
- Zakład Fitopatologii, dr T. Góral, współpraca w ramach dwóch projektów MRiRW: Badanie typów odporności na fuzariozę kłosów u pszenżyta ozimego za pomocą markerów fenotypowych i metabolicznych. Wspólna publikacja z listy B po recenzjach (Biuletyn Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - będzie wydana w 2018 r.) – **H. Wiśniewska.**
- Zakład Genetyki i Hodowli Roślin, dr hab. P. Czembor prof. IHAR-PIB, współpraca w ramach projektu NCN: Doskonalenie genetyczne pszenżyta poprzez krzyżowania oddalone z formami amfiploidalnymi *Aegilops tauschii* × *Secale cereale* w celu przeniesienia genów odporności na rdzę brunatną, wspólna publikacja z listy JCR 2018 (Frontiers in Plant Science) – **M. Majka.**

Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy w Poznaniu

- prof. dr hab. M. Korbas, współpraca w ramach projektu MRiRW: Wykorzystanie markerów molekularnych i fenotypowych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła powodowaną przez *Oculimacula yallundae* i *Oculimacula aciformis*, Wspólna publikacja z listy A 2018 (Journal of Plant Protection Research) – **H. Wiśniewska**

Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich w Poznaniu

- Uzyskanie ochrony patentowej i opracowania szczepionki pochodzenia roślinnego przeciwko HBV, Współpraca w ramach konsorcjum PLANTOVAC, IBA Warszawa - dr Józef Kapusta, prof. dr hab. Bogusław Czerny, Medana SA Sieradz- Andrzej Szczepanek, CB DNA Poznań - Jacek Wojciechowicz, uzyskanie ochrony patentowej i opracowanie szczepionki pochodzenia roślinnego przeciwko HBV; uzyskanie patentu EPO 2017 – **T. Pniewski**.
- „Parametry rozwoju roślin konopi oleistych odmiany ‘Henola’ w warunkach uprawy na glebach lekkich, ubogich w składniki pokarmowe i kwaśnych” 15.03.2018 r.–30.06.2019 r. – **M. Jędrzycka, F. Bakro, J. Kaczmarek**.

Politechnika Lubelska

- Wydział Inżynierii Środowiska, dr hab. Małgorzata Pawłowska, prof. PL – **J. Lalak-Kańczugowska**.

Politechnika Poznańska

Wydział Elektryczny, Instytut Matematyki:

- dr hab. Katarzyna Filipiak, rozwój naukowy w dziedzinie matematyki - uzyskanie stopnia doktora, publikacja JCR 2018 – **M. Mokrzycka**
- dr hab. K. Filipiak, publikacja JCR 2018 – **A. Sawikowska**

Wydział Informatyki, Instytut Informatyki

- dr hab. A. Ławrynowicz, realizacja projektu NCN – mgr. inż. H. Ćwiek-Kupczyńska

Wydział Technologii Chemicznej

- dr hab. Agnieszka Zgoła-Grześkowiak, identyfikacja grzybów izolowanych z produktów żywnościowych; publikacja 2017 – **Ł. Stępień**

Politechnika Śląska w Gliwicach

- dr hab. Wioletta Przysaś, identyfikacja grzybów wykorzystywanych do rozkładu związków bioaktywnych; publikacja 2018 – **Ł. Stępień, M. Urbaniak**

Uniwersytet Ekonomiczny w Poznaniu

- **Wydział Towaroznawstwa**; dr hab. A. Błaszczak, dr K. Mikołajczyk-Bator; Analiza metabolitów wtórnych w żywności pochodzenia roślinnego; wspólne publikacje – **P. Kachlicki**.

Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

Wydział Biologii

- **Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Ekofizjologii Roślin**: dr hab. M. Arasimowicz-Jelonek: rola tlenu azotu (NO) w metabolizmie roślinnym; wspólnie realizowany projekt NCN OPUS i PRELUDIUM – **A. Kosmala, D. Perlikowski, A. Augustyniak, K. Masajada**.
- **Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Botaniki Ogólnej**: dr Maria Katarzyna Wojciechowicz; analiza mikroskopowa przebiegu somatycznej embriogenezy miskanta; publikacja JCR 2017 – **T. Pniewski**.

- **Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Botaniki Ogólnej:** dr Maria Katarzyna Wojciechowicz; wspólna realizacja zadania badawczego nr 2.4 w wieloletnim projekcie rządowym RM nr 222/2015 – **A. Kuczyńska**
- **Instytut Biologii Molekularnej i Biotechnologii, Zakład Biotechnologii:** dr hab. A. Ludwików, prof. UAM, prof. dr hab. J. Sadowski: analiza funkcji wybranych genów należących do rodziny PP2C (kodujących fosfatazy białkowe) oraz HD-Zip (kodujących czynniki transkrypcyjne) u rzepaku; wspólnie realizowany projekt NCN OPUS – **D. Babula-Skowrońska**.
- **Instytut Biologii Molekularnej i Biotechnologii, Zakład Ekspresji Genów:** prof. dr hab. Zofia Szweykowska-Kulińska; uzyskanie roślin ziemniaka *S. tuberosum* odm. Desiree z wyłączoną ekspresją genu BBX24; publikacja w przygotowaniu – **A. Kielbowicz-Matuk, T. Rorat**.
- **Pracownia Aeropalinologii,** mgr A. Szymańska; monitoring aerobiologiczny grzybów rodzaju *Cladosporium*; wspólne publikacje – **M. Jędrzycka**.

Wydział Fizyki

- **Zakład Biofizyki Molekularnej,** dr hab. Ewa Banachowicz, prof. UAM; przewidywanie struktury drugorzędowej i trzeciorzędowej białek StZPR1 i StBBX24 z *S. tuberosum* w oparciu o modelowanie porównawcze; publikacja w czasopiśmie z listy JCR (2017) i publikacja w przygotowaniu – **A. Kielbowicz-Matuk, T. Rorat**.

Wydział Chemii

- **Zakład Krystalografii;** dr Mirosław Gilski, analiza struktury białek alergennych tworzonych przez grzyby, wspólna publikacja (*Journal of Environmental Sciences*, 2017) Zakład Krystalografii; Poznań, dr Mirosław Gilski, analiza struktury białek alergennych tworzonych przez grzyby, wspólna publikacja (*Journal of Environmental Sciences*, 2017) – **M. Jędrzycka**.

Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

- **Instytut Żywnienia Zwierząt i Bromatologii,** prof. Eugeniusz Grela. Opracowanie jednolitej metodyki oznaczania substancji antyżywnieniowych w rodzaju *Lathyrus*, ze szczególnym uwzględnieniem zawartości neurotoksyn (ODAP) oraz ocena zmienność składu chemicznego nasion materiałów kolekcyjnych roślin bobowatych. 2017 - praca z IF (*European Food Research and Technology*). 2018 - przesłano do druku w PWN monografie roślin strączkowych w języku polskim – **W. Rybiński**.
- Sekwencjonowanie nowej generacji i mapowanie asocjacyjne jako metody generowania markerów molekularnych cech użytkowych łubinu wąskolistnego – (konsorcjum NCBiR SEGENMAS) – **B. Wolko, B. Naganowska, M. Książkiewicz, S. Rychel, W. Bielski, P. Plewiński**.

Uniwersytet Medyczny w Poznaniu

- badania metabolomu *Passiflora incarnata*, współpraca z IChB PAN, publikacja JCR 2018 – **A. Sawikowska**.
- prof. dr hab. P. Mikołajczak, dr hab. M. Ożarowski; Analizy HPLC/MS aktywnych biologicznie komponentów roślin zielarskich; wspólne publikacje, komunikaty na konferencjach – **P. Kachlicki**.
- mgr Małgorzata Nowak; monitoring aerobiologiczny grzybów rodzaju *Cladosporium*, wspólne publikacje – **M. Jędrzycka**.

Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

Wydział Ogrodnictwa i Architektury Krajobrazu

- prof. Elżbieta Weryszko-Chmielewska, dr Aneta Sulborska; monitoring aerobiologiczny, wspólne publikacje – **M. Jędrzycka**.

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

- Sekwencjonowanie nowej generacji i mapowanie asocjacyjne jako metody generowania markerów molekularnych cech użytkowych łubinu wąskolistnego – (konsorcjum NCBiR SEGENMAS) – **B. Wolko, B. Naganowska, M. Książkiewicz, S. Rychel, W. Bielski, P. Plewiński**.
- **Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności**, dr hab. R. Marecik, Identyfikacja szczepów Trichoderma ze środowiska naturalnego, wspólna publikacja – **L. Błaszczuk**.
- **Katedra Biochemii i Analizy Żywności**, dr J. Czubiński, Analiza metabolitów wtórnych w żywności pochodzenia roślinnego; wspólna publikacja – **P. Kachlicki**.
- **Katedra Chemii**, dr hab. K. Gromadzka, analiza mykotoksyn Fusarium, wspólna publikacja – **L. Błaszczuk**.
- **Katedra Chemii**, A. Waśkiewicz, K. Gromadzka, analiza metabolitów grzybowych, publikacje 2016, 2017, 2018, 2019, wspólne projekty NCN – **L. Stępień**.
- **Katedra Chemii Rolnej i Biogeochemii Środowiska**, dr hab. Renata Gaj, wspólny projekt badawczy – **M. Jędrzycka**.
- **Katedra Fitopatologii Leśnej**, dr inż. Marta Bełka, Wspólna publikacja przeglądowa – **M. Jędrzycka**.
- **Katedra Genetyki i Hodowli**, prof. dr hab. Jerzy Nawracała; opracowanie kompleksowej procedury hodowli nowych odmian pszenicy; wspólny projekt NCBiR – **T. Adamski**.
- **Katedra Genetyki i Hodowli**, dr J. Niemann; introdukcja genów odporności na choroby i owady oraz męskiej sterylności z pokrewnych gatunków rodzaju Brassica do rzepaku (*Brassica napus* L.); wspólnie realizowany projekt MRiRW – **J. Majka**.
- **Katedra Genetyki i Hodowli Roślin**, dr hab. Janetta Niemann; identyfikacja źródeł odporności genetycznej na kiłę kapusty i suchą zgniliznę kapustnych u mieszańców międzygatunkowych w obrębie rodzaju Brassica, 2 projekty badawcze (MRiRW), wspólne publikacje – **M. Jędrzycka**.
- **Katedra Genetyki i Hodowli Roślin**, J. Nawracała, D. Weigt, D. Popowska, J. Niemann, A. Tomczak, Identyfikacja układów allelicznych genów fotoneutralności i wczesności oraz opracowanie metodyki otrzymywania roślin homozygotycznych u soi – (projekt MRiRW zad. 105) – **M. Książkiewicz, S. Rychel, B. Wolko**.
- **Katedra Mikrobiologii Ogólnej i Środowiskowej**, dr hab. Alicja Niewiadomska, Identyfikacja rejonów w genomie grochu, warunkujących wybrane parametry sprawności fizjologicznej, jako istotnego elementu odporności na stresy abiotyczne - Projekt MRiRW Zad. 40 – **M. Gawłowska, W. Święcicki**.
- **Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych**, prof. dr hab. Tadeusz Caliński, zastosowanie modeli mieszanych w ocenie odmian, publikacja JCR 2017 - **P. Krajewski, Z. Kaczmarek**.
- **Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych**, prof. dr hab. Augustyn Markiewicz, mgr Adam Mieldzioc, publikacja JCR 2018 – **M. Mokrzycka**.
- Wykorzystanie metod statystycznych dla opracowania zmienności genetycznej roślin bobowatych z gatunków Lathyrus, Vicia, Cicer i Lupinus.
- Bocianowski J., dwie publikacje z IF w 2017 i jedna w 2018 – **W. Rybiński**.

- **Wydział Technologii Drewna**, dr hab. Bogusława Waliszewska, prof. UP, dr hab. Magdalena Zborowska, prof. UP; **Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności** – dr hab. inż. Wojciech Białas; analiza biochemiczna i fermentacja biomasy miskanta; złożona publikacja – **T. Pniewski**.
- **Wydział Technologii Drewna, Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności** - dr hab. inż. Roman Marecik, dr inż. Radosław Dembczyński; we współpracy z **Instytutem Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN, Wrocław** – dr hab. Joanna Wietrzyk, dr hab. Elżbieta Pajtasz-Piasecka, dr Magdalena Milczarek, dr Justyna Wojas-Turek; opracowanie doustnej szczepionki pochodzenia roślinnego przeciwko HBV; publikacja JCR 2018, publikacje w przygotowaniu – **T. Pniewski**.
- **Wydział Technologii Drewna, Zakład Chemii Analitycznej**; dr hab. Agnieszka Waśkiewicz; konsultacje w zakresie analiz chemicznych składu makrolaktonów – realizowany projekt NCN/OPUS – **G. Koczyk**.

Uniwersytet Rolniczy (UR) w Krakowie

- Sekwencjonowanie nowej generacji i mapowanie asocjacyjne, jako metody generowania markerów molekularnych cech użytkowych łubinu wąskolistnego – (konsorcjum NCBiR SEGENMAS) – **B. Wolko, B. Naganowska, M. Książkiewicz, S. Rychel, W. Bielski, P. Plewiński**.

Wydział Rolniczo-Ekonomiczny UR w Krakowie

- prof. dr hab. M. Rapacz, prof. dr hab. A. Płazek, dr E. Pociecha: fizjologiczna reakcja na stresy abiotycznych i biotyczne u traw kompleksu Lolium-Festuca; dwie publikacje w czasopismach z listy JCR (2018) – **A. Kosmala, I. Pawłowicz, D. Perlikowski, A. Augustyniak, K. Masajada**.
- dr hab. Anna Gorczyca, identyfikacja grzybów infekujących pszenicę twardą; publikacja 2018 – **Ł. Stępień, M. Urbaniak**.

Uniwersytet Rzeszowski

Wydział Biologiczno-Rolniczy

- dr hab. Idalia Kasprzyk; monitoring aerobiologiczny, wspólne publikacje, Wyróżnienie Wydz. II PAN – **M. Jędrzycka**.

Uniwersytet Szczeciński

Wydział Biologii

- dr hab. Agnieszka Grinn-Gofroń; monitoring aerobiologiczny, wspólne publikacje, Wyróżnienie Wydz. II PAN – **M. Jędrzycka**.

Uniwersytet Śląski w Katowicach

- współpraca w projekcie HARMONIA, publikacja JCR 2018 – **P. Krajewski**.
- prof. dr hab. Iwona Szarejko; wyjaśnianie współdziałania hormonów i jego roli w kształtowaniu architektury roślin jęczmienia; wspólny projekt NCN OPUS12 – **A. Kuczyńska**.
- R. Hasterok; 1) publikacja JCR 2018, 2) projekt badawczy HARMONIA7 2015/18/M/NZ2/00394 „Zmienność genetyczna i epigenetyczna w naturalnych populacjach modelowej trawy *Brachypodium distachyon*, a adaptacja do zróżnicowanych warunków środowiska” – **K. Susek**.

Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

- **Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa** – prof. M. Wiwart i mgr Klaudia Goriewa-Duba: Analiza rozmieszczenia sekwencji repetetywnych (pTa-535, pTa-86, pTa-713, 35S rDNA) na chromosomach mieszańców pszenno-orkiszowych oraz wybranych akcesji pszenicy durum – **H. Wiśniewska, M. Majka**.

Uniwersytet Wrocławski

- dr Ewa Kozłowska, identyfikacja grzybów wykorzystywanych do rozkładu związków bioaktywnych; publikacje 2017, 2018 – **Ł. Stępień, M. Urbaniak**.

Wielkopolskie Centrum Zaawansowanych Technologii w Poznaniu

- dr Jakub Rybka, mgr Adam Mieloch; otrzymywanie superparamagnetycznych bionanocząstek typu rdzeń/otoczka na przykładzie tlenku żelaza i HBcAg; złożone wnioski grantowe do NCN OPUS 13–15, złożona publikacja i publikacja w przygotowaniu – **T. Pniewski, M. Pyrski**.

Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie

Wydział Kształtowania Środowiska i Rolnictwa

- Katedra Fizyki i Agrofizyki - dr Renata Matuszak-Slamani; wpływ niedoboru wody na wybrane cechy siewek jęczmienia jarego rosnących przy różnym natężeniu promieniowania fotosyntetycznie czynnego; publikacja w przygotowaniu – **A. Kuczyńska**.

Współpraca pracowników PAN z podmiotami gospodarczymi

1. DANKO Hodowla Roślin Sp. z o.o. Oddział w Szelejewie

- projekt naukowo-badawczy MRiRW; 2014-2020; **Kosmala A., Zwierzykowski Z., Pawłowicz I., Perlikowski D., Augustyniak A., Masajada K., Zwierzykowski W., Paszkowski E.** (DANKO), Z. Banaszak (DANKO); współpraca obejmuje: (i) prace związane z uzyskaniem form introgresywnych *Lolium multiflorum*/*Festuca arundinacea* o podwyższonych parametrach zimotrwałości, mrozoodporności i tolerancji suszy oraz (ii) badania nad identyfikacją markerów fizjologiczno-molekularnych, sprzężonych z tymi cechami.
- współpraca w ramach projektu MRIRW nr 14, Z. Banaszak / **H. Wiśniewska**.
- umowa na wykonanie usługi w ramach projektu MRIRW, nr 2/01/2018, 15.02.2018 (współpraca w ramach projektu MRIRW nr 2, B. Ługowska / **H. Wiśniewska**).

2. DuPont Poland Sp. z o.o. Warszawa

- Leszek Menzel, **Jędryczka M., Kaczmarek J.**; System Prognozowania Epidemii Chorób (SPEC) – optymalizacja terminu ochrony chemicznej rzepaku przed suchą zgnilizną kapustnych w Polsce.

3. Evergreen Solutions Sp. z o.o. Pyrzyce

- Tomasz Chabelski, Regulatory pH gleby uzyskiwane w technologii FuelCal.

4. Hodowla Roślin Bartązek Sp. z o.o. – Grupa IHAR

(Obecnie: Hodowla Roślin Grunwald Sp. z o.o. – Grupa IHAR)

- **Zwierzykowski Z., Kosmala A., Sapiński W.** (Hodowla), Szwarz K. (Hodowla). Współpraca w ramach umowy dwustronnej od 2018 r. Temat: wyprowadzenie i charakterystyka materiału wyjściowego do hodowli nowych odmian *Festulolium* na bazie mieszańców *F. pratensis* × *L. perenne*.
- współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp Biologiczny, Zad. nr 42/2018. „Analiza zmienności genetycznej i piramidyzacja genów warunkujących cechy użytkowe łubinu białego” S. Stawiński / **W. Rybiński**.
- współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp Biologiczny, zad. nr 39/2018. „Cecha wczesności kwitnienia u łubinu białego i łubinu żółtego – podstawy genetyczne i molekularne”, 1 stycznia–31 grudnia 2018 r., S. Stawiński / M. Książkiewicz, **W. Bielski, B. Naganowska, P. Plewiński, S. Rychel, M. Tomaszewska, B. Wolko**.

5. Hodowla Roślin Strzelce

- umowa na wykonanie usługi w ramach projektu MRIRW, nr 2/03/2018, 15.02.2018 r., współpraca w ramach projektu MRIRW nr 2, Z. Nita / **H. Wiśniewska**.
- umowa na wykonanie usługi w ramach projektu MRIRW, nr 14/02/2018, 15.02.2018, współpraca w ramach projektu MRIRW nr 14, Z. Nita / **H. Wiśniewska**.
- umowa na wykonanie usługi w ramach projektu MRIRW, nr 2/02/2018, 15.02.2018, współpraca w ramach projektu MRIRW nr 2, E. Witkowski / **H. Wiśniewska**.

6. Innvigo Sp. z o o.

- Andrzej Brachaczek, **Jędrzycka M., Kaczmarek J.**, Ocena wrażliwości grzybów na wybrane fungicydy w warunkach *in vitro*. Wspólny projekt 2018–2019.

7. INTERMAG Sp. z o.o. z siedzibą: Al. 1000-lecia 15G, 32-300 Olkusz

- umowa na wykonanie pracy badawczej na temat: „Laboratoryjny screening właściwości antybiotycznych i nadparazyticznych izolatów grzybów z rodzaju *Trichoderma* i *Clonostachys*, pozostających we własności IGR PAN, wobec grzybów sprawców chorób odglebowych” zawartej w dniu 20 kwietnia 2017 r. na okres od 20 kwietnia do 31 sierpnia 2017 r.; Hubert Kardasz, Joanna Kardasz, Marcin Olszszak (Intermag), prof. dr hab. Bogdan Wolko, Lidia Błaszczuk (IGR PAN), raport w formie pisemnego sprawozdania w języku polskim obejmujący wyniki badań pozwalających na opracowanie prototypu biopreparatu.

8. Limagrain

- Leszek Chwalisz, **Jędrzycka M.**. Współpraca w zakresie odporności odmian rzepaku na kiłę kapusty; M. Jędrzycka – wykład na zaproszenie pt. „Kiła kapusty - zagrożenie zdrowotności upraw rzepaku w Polsce” wygłoszony na zaproszenie firmy, podczas spotkania „Hodowla rzepaku pod lupą – od nauki do praktyki, zdrowotność rzepaku podstawą wysokiego plonu”, Poznań, 23 maja 2018 r.

9. Małopolska Hodowla Roślin Spółka z o.o.

- umowa na wykonanie usługi w ramach projektu MRIRW, nr 1/05/2018, 15.02.2018, współpraca w ramach projektu MRIRW nr 2, T. Drzazga / **H. Wiśniewska**.

10. Poznańska Hodowla Roślin Spółka z o.o. – Oddział HR Wiatrowo

- współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp Biologiczny, zad. nr 39/2018. „Cecha wczesności kwitnienia u łubinu białego i łubinu żółtego – podstawy genetyczne i molekularne”, 1.01 – 31.12.2018 r., P. Barzyk / **M. Książkiewicz, W. Bielski, B. Naganowska, P. Plewiński, S. Rychel, M. Tomaszewska, B. Wolko**.
- współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp Biologiczny, Zad. nr 42/2018. „Analiza zmienności genetycznej i piramidyżacja genów warunkujących cechy użytkowe łubinu białego” P. Barzyk / **W. Rybiński**.
- umowa na wykonanie usługi w ramach projektu MRIRW, nr 2/04/2018, 15.02.2018, współpraca w ramach projektu MRIRW nr 2, Z. Paszkiewicz / **H. Wiśniewska**.
- współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp Biologiczny, Zad. nr 41/2018. ”Identyfikacja i sposób dziedziczenia genów warunkujących odporność na choroby grzybowe i niską zawartość alkaloidów w doskonaleniu wartości użytkowej łubinów, ze szczególnym uwzględnieniem łubinu żółtego” – P. Barzyk / **W. Święcicki**.
- współpraca w ramach projektu Rządowy Program Wieloletni, zadanie 2.2, „Identyfikacja genów warunkujących zawartość alkaloidów oraz zawiązywanie i utrzymywanie organów generatywnych u łubinów” – P. Barzyk / **M. Kroc**.

11. Poznańska Hodowla Roślin Spółka z o.o.

- Sekwencjonowanie nowej generacji i mapowanie asocjacyjne, jako metody generowania markerów molekularnych cech użytkowych łubinu wąskolistnego – (konsorcjum NCBiR SEGENMAS) – **B. Wolko, B. Naganowska, M. Książkiewicz, S. Rychel, W. Bielski, P. Plewiński.**

12. Rolnicze Gospodarstwo Doświadczalne „Dłoń”

- współpraca w ramach realizacji projektu MRiRW – Postęp Biologiczny, zad. nr 105/2018. „Identyfikacja układów allelicznych genów fotoneutralności i wczesności oraz opracowanie metodyki otrzymywania roślin homozygotycznych u soi”, Paweł Poślednik / **M. Książkiewicz, S. Rychel, B. Wolko.**

13. Stacja hodowli roślin – Wiatrowo (PHR)

- Stawiński S., Barzyk P., Święcicki W., Wilczura P., Nawrot Cz. Analiza zmienności genetycznej i piramidyżacja genów warunkujących cechy użytkowe łubinu białego. Projekt MRiRW - Postęp Biologiczny, zad. nr 42/2018 – **W. Rybiński**

14. Syngenta Poland, Warszawa

- Simon Ripaud, Przemysław Urbaniak, Katarzyna Rębarz. Zastosowanie testów płatkowych w uprawie rzepaku – **M. Jędrzycka.**

15. TeamRol Sp.z o.o., Pyrzyce

- Tomasz Wyszowski, Zastosowanie OrCal: precyzyjne nawożenie i regulacja pH gleby w uprawie konopi.

Wyjazdy krótkoterminowe

Ogrodowicz P., Zakład Biologii Rozwoju, Międzyinstytutowe Laboratorium Biotechnologii i Katalizy Enzymatycznej, Instytut Fizjologii Roślin Polskiej Akademii Nauk, Kraków, staż krótkoterminowy 25–30 listopada 2018 r., osoba przyjmująca dr Michał Dziurka.

Witaszak N., staż krótkoterminowy realizowany w Europejskim Centrum Bioinformatyki i Genomiki w Pracowni Spektrometrii Mas, osoba przyjmująca: dr hab. M. Łuczak, dr Ł. Marczak, 2 listopada–5 grudnia 2018 r.

Lalak-Kańczugowska J., staż krótkoterminowy w Instytucie Chemii Bioorganicznej, osoba przyjmująca: dr A. Urbanowicz, 17 listopada 2017–27 kwietnia 2018 r.

WSPÓŁPRACA Z ZAGRANICĄ IGR PAN

Kraj	Partner	Nazwa dokumentu	Okres obowiązywania
Australia	Western Australian Agriculture Authority, South Perth	Genetic Material Transfer Agreement	20.12.2012 r.– obecnie
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.
Portugalia	ITQB/NOVA, Portugal	Program bilateralny współpracy naukowej między Polską i Portugalią	2017–2018 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. r.
Stany Zjednoczone	Institute for Genomic Biology, University of Illinois, Urbana-Champaign	Agreement for Co-operation and Transfer of Materials	01.08.2018 r.– 31.07.2021
Wielka Brytania	Aberystwyth University	Material Transfer Agreement	05.05.2014 r.– 04.05.2019 r.

Współpraca bezpośrednia IGR PAN z partnerami zagranicznymi

Prowadzona w ramach umów

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

- Institute of Experimental Botany of the Academy of Sciences of the Czech Republic (AS CR)**, Ołomuniec, Republika Czeska; Porozumienie o współpracy naukowej (Memorandum of Understanding); od dnia 1 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*.

2. **Institute for Genomic Biology, University of Illinois, Urbana-Champaign, Stany Zjednoczone**, S. Long; Agreement for Co-operation and Transfer of Materials No. 091594; 01.08.2018 r.–31.07.2021 r. Współpraca w ramach realizacji projektu ROGUE, w tym staż podoktorski dr inż. J. Ceraży-Waliszewskiej. Transformacja miskanta i innych roślin energetycznych dla potrzeb zwiększenia produkcji biomasy.
3. **Western Australian Agriculture Authority, South Perth, Australia** - Genetic Material Transfer Agreement, od 20.12.2012 r.; B. Naganowska, dotyczy otrzymania materiałów roślinnych: populacja mapująca *Lupinus albus*, nadal wykorzystywana do badań zespołu w ramach projektów.
4. **ITQB/NOVA, Portugal**, Program bilateralny współpracy naukowej między Polską i Portugalią (2017/2018) Modernizacja ściany komórkowej w warunkach stresowych w *Medicago truncatula*. 2017-2018 r. Jorge Paiva (lider polski), Karolina Stefanowisz, Carolina Gomes, Marcin Olszak, rozwinięta współpraca dotycząca różnych zastosowania metodologii w badaniach roślin – w szczególności wybranych warzyw.
5. **Aberystwyth University, Aberystwyth, Wielka Brytania**, John-Clifton Brown, Terravesta Ltd, Lincoln, Wielka Brytania, Michał Mos; wspólne doświadczenia polowe w ramach przedsięwzięcia „Plonowanie, zmienność genetyczna i interakcja G x E najnowszych klonów *Miscanthus ssp.* w różnych lokalizacjach Europy”; publikacje: GCB Bioenergy 2017, 9:6-17; Front Plant Sci 2017, 8: 726 - **S. Jeżowski**.
6. **University of Helsinki**: realizacja dostępu do platform automatycznego, nieinwazyjnego fenotypowania roślin oraz opracowanie metod przetwarzania i integracji danych; jednostki, współpraca w ramach Konsorcjum EPPN2020.

Prowadzona bez formalnych umów

1. **Aberystwyth University, Aberystwyth, Wielka Brytania**, John-Clifton Brown, Terravesta Ltd, Lincoln, Wielka Brytania, Michał Mos; wspólne doświadczenia polowe w ramach przedsięwzięcia „Plonowanie, zmienność genetyczna i interakcja G x E najnowszych klonów *Miscanthus ssp.* w różnych lokalizacjach Europy”; publikacje: GCB Bioenergy 2017, 9:6–17; Front Plant Sci 2017, 8: 726 – **S. Jeżowski**.
2. **Agroväst Livsmedel AB, Skåra, Szwecja**, Thomas Borjesson, Kierownik wspólnego projektu badawczego DSS Fusarium - **M. Jędryczka**.
3. **ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy**, Francesco Cellini, Angelo Petrozza, ZFiGZ – **A. Kuczyńska**; wspólny wniosek projektowy w ramach EPPN2020 dotyczący wysokoprzepustowego fenotypowania jęczmienia jarego – **K. Mikołajczak**.
4. **Biodiversity, Rzym**; Realizacja europejskiego programu ochrony zasobów genowych (ECP/GR). Opracowanie europejskiej bazy danych zasobów genowych łubinów – **W. Święcicki**.
5. **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. Kielbowicz-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 czasopiśmie z listy JCR (2016 r. i 2017 r.).

6. **Centro di Ricerca per le Produzioni Foraggere e Lattiero-Casearie (CREA-FLC), Lodi, Włochy, P. Annicchiarico, B. Ferrari, Nelson Nazzicari / M. Książkiewicz, S. Rychel, M. Tomaszewska, B. Naganowska, B. Wolko;** Konstrukcja mapy genetycznej łubinu białego. Publikacja: Scientific Reports 2017, 7: 15335, Publikacja: "Marker-assisted breeding toolbox and whole-genome selection for anthracnose resistance in white lupin (*Lupinus albus* L.)" złożona do oceny w czasopiśmie Scientific Reports 29 października 2018, (SREP-18-29077-T).
7. **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 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**.
8. **Food Analysis and Food Technology Laboratory of the Department of Agricultural and Food Sciences (DISTAL) of the Alma Mater Studiorum-Universita di Bologna, Italy, Maria Teresa Rodriguez-Estrada, Vladimiro Cardenia;** Lipidome profiling of barley leaves exposed to multiple abiotic stresses – wspólny projekt badawczy, wymiana osobowa – **A. Kuczyńska, K. Mikołajczak**.
9. **Freie University of Berlin, Dahlem Centre of Plant Sciences, Department of Biology, Chemistry and Pharmacy, Berlin-Dahlem, Niemcy, Elke Diederichsen,** Kierownik złożonego wspólnego projektu badawczego BrassClub – **M. Jędrzycka**.
10. **Institute for Biology, Unit of Plant Molecular Cell Biology, University of Aachen, Niemcy, Ralph Panstruga,** Kierownik wspólnego projektu naukowego SUSCrop v – **M. Jędrzycka**.
11. **Institute National de la Recherche Agronomique, Thiverval Grignon, Francja, Marie-Helene Balesdant,** Członek International Advisory Board projektu BIO-TALENT – **M. Jędrzycka**.
12. **Institute National de la Recherche Agronomique, Toulouse, Francja, Jean-Noel Aubertot,** Kierownik wspólnego projektu badawczego DECIPHER – **M. Jędrzycka**.
13. **Institute 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 stresy abiotyczne; monografia naukowa (2016) i doniesienie konferencyjne (2017).
14. **Institute of Biological and Health Sciences, Department of Pharmaceutical Sciences of the Federal Rural University of Rio de Janeiro, Brazylia;** D. Chaves; współpraca w zakresie metabolomiki roślin zielarskich – **P. Kachlicki**.
15. **Institute of Experimental Botany of AS CR, Centre of Structural and Functional Genomics, Olomuniec, 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; wizyta Z. Zwierzykowskiego w Ołomuńcu (2018).
16. **Institute of Experimental Botany of the Academy of Sciences of the Czech Republic**, Centre of Structural and Functional Genomics, Ołomuniec, Republika Czeska; B. Naganowska, W. Bielski; Współpraca w ramach realizacji projektu PRELUDIUM 12 „Zróżnicowane losy chromosomów łubinów”, nr 2016/23/N/NZ2/01509, 06 lipca 2017 r. – 05 lipca 2019 r., kierownik W. Bielski, opiekun B. Naganowska. Krótki staż naukowy – **W. Bielski**, wizyta naukowa – **B. Naganowska**.
 17. **Institute of Science and the Environment, University of Worcester, Wielka Brytania**, Robert J. Herbert, Wspólna publikacja (International Journal of Biometeorology, 2018 r.) – **M. Jędryczka**.
 18. **Julius Kühn-Institut (JKI), Federal Research Centre for Cultivated Plants, Quedlinburg, Niemcy**, F. Ordon i A. Serfling/ **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”), wspólna publikacja.
 19. **Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) Gatersleben, Seeland, Niemcy**, dr Jędrzej Szymański, dr Astrid Junker / P.Krajewski; złożony wniosek projektowy w konkursie Beethoven Life 1 do NCN/DFG
 20. **Lithuanian Research Center for Agriculture and Forestry, Litwa**, Skaidrė Supronienė, Roma Semaškiene, Wymiana osobowa: wizyta w LAMMC (W. Irzykowski, P. Serbiak), złożenie do druku dwóch publikacji – **M. Jędryczka**.
 21. **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 r.); wizyta D. Perlikowskiego w IPK, Golm (31.10–11.11.2016 r.).
 22. **National Plant Phenomics Center (NPPC), Institute of Biological, Environmental and Rural Sciences at Aberystwyth University, Wielka Brytania**, John Doonan; zastosowanie najnowszych technik obrazowania korzeni jęczmienia jarego w warunkach kontrolnych oraz w warunkach deficytu wody na platformie do fenotypowania roślin wyposażonej w najnowsze urządzenia służące do ciągłego, nieinwazyjnego mierzenia parametrów korzeni – wspólny projekt badawczy, wymiana osobowa – **A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz**.
 23. **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) 17:820. Scientific Reports (2017) 7: 15335.
 24. **Netherlands Institute of Ecology (NIOO-KNAW, Department of Microbial Ecology, Wageningen, the Netherlands**, Emilja Silja Hannula, Wspólna publikacja (Fungal Ecology, 2018) – **M. Jędryczka**.

25. **Norwegian Veterinary Institute, Oslo, Norwegia;** S. Uhlig/**Ł. Stępień**, Identyfikacja cyklicznych peptydów syntetyzowanych przez grzyby patogeniczne, projekt bilateralny nieformalny; efekt – staż naukowy mgr inż. Moniki Urbaniak w 2016 r. i 2018 r. – **Ł. Stępień**.
26. **Pisum Genetics Association, North Dakota University, Fargo, USA,** K. McPhee / **W. Świącicki**. Publikacje, koordynacja terminologii z zakresu genetyki *Pisum*.
27. **Plant Accelerator – School of Agriculture, Food and Wine at the University of Adelaide, Australia,** Bettina Berger; doświadczenia wykorzystujące platformę fenotypowania poprzez analizę obrazu, mające na celu poznanie różnic fenotypowych w całym okresie wegetacji wybranych genotypów jęczmienia jarego – wspólny projekt badawczy, wymiana osobowa – **A. Kuczyńska, K. Mikołajczak**
28. **Plant Protection Institute, Riga, Latvia,** Jánis Jaško, Elina Anna Brauna, Współuczestnicy projektu badawczego DSS Fusarium, wymiana naukowa (2018) – **M. Jędrzycka**.
29. **Scottish Rural University College (SRUC), Edinburgh, Wielka Brytania,** Neil Havis, Wizyta 4 gości SRUC w IGR, kierownik przygotowywanego projektu badawczego – **M. Jędrzycka**.
30. **Technical University of Madrid, Madryt, Hiszpania;** D. Palmero/**Ł. Stępień**, Analiza patogeniczności *F. proliferatum* i *F. oxysporum* oraz interakcji roślina-patogen podczas infekcji roślin szparaga; projekt bilateralny nieformalny; efekt – publikacja w 2017 r., staż naukowy dr Justyny Lalak-Kańczugowskiej, wrzesień-grudzień 2018 r., publikacje w przygotowaniu – **Ł. Stępień**.
31. **Technical University, Dresden, Niemcy,** Jutta Ludwig-Muller, Wymiana osobowa (2018) oraz kierownik złożonego wspólnego projektu naukowego EuroClub – **M. Jędrzycka**.
32. **Università Politecnica delle Marche UNIVPM, Ancona, Włochy,** Roberto Papa / **K. Susek**. Złożenie wniosku projektu do NCN: OPUS 16 nr rej. 2018/31/B/NZ9/03325 „Odkrywanie genetycznych i epigenetycznych mechanizmów związanych ze zmiennością wielkości nasion u roślin strączkowych w celu zrozumienia procesów ewolucyjnych zachodzących podczas udomowienia”.
33. **University of Georgia, USA,** S. A. Jackson / **K. Susek**: 1) Wspólny projekty badawczy: Mechanizmy leżące u podstaw ewolucji genomów roślinnych, dywersyfikacji i specjacji. Projekt NCN; HARMONIA nr 2016/M/NZ2/00422, kierownik K. Susek, 2) Wymiana osobowa: K. Susek, realizacja projektu HARMONIA7, 3) Złożenie wniosku projektu do NCN: OPUS 16 nr rej. 2018/31/B/NZ9/03325 „Odkrywanie genetycznych i epigenetycznych mechanizmów związanych ze zmiennością wielkości nasion u roślin strączkowych w celu zrozumienia procesów ewolucyjnych zachodzących podczas udomowienia”. 4) R. J. Schmitz / **K. Susek**. Publikacja: Susek K, Braszewska-Zalewska A, Bewick AJ, Hasterok R, Schmitz RJ, Naganowska B. Epigenomic diversification within the genus *Lupinus*. PlosOne doi.org/10.1371/journal.pone.0179821.
34. **University of Olomouc, Republika Czeska,** Jaroslav Doležel, Członek International Advisory Board projektu BIO-TALENT – **M. Jędrzycka**.
35. **University of Perugia, Włochy,** L. Covarelli, G. Beccari/**Ł. Stępień**, analiza filogenetyczna szczepów *F. verticillioides* z krajów śródziemnomorskich; projekt bilateralny nieformalny; efekt – publikacja w przygotowaniu – **Ł. Stępień**.

36. **University of Pisa, Plant Pathology & Mycology Lab, Department of Agriculture, Food and Environment (DAFE), Piza, Włochy**, G. Vannacci, A. Basińska-Barczak wymiana osobowa – **L. Błaszczyk**.
37. **Univerzita Pavla Jozefa Šafárika v Košiciach**; dr Daniel Klein / **M. J. Mokrzycka**; wspólne publikacje.

Uczestnictwo w międzynarodowych organizacjach naukowych

1. **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. Świącicki, 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. Jędryczka, prof. dr hab. T. Adamski, dr J. Kaczmarek.

Wymiana osobowa

Wizyty gości zagranicznych

1. **Dr. Susana Araujo i Dr. Sofia Duque**, 04–10.11.2018 r., w ramach działalności współpracy bilateralnego programu Portugalia-Polska obejmującego ich udział w warsztatach dotyczących kwantyfikacji metylacji DNA oraz konferencji Biotalentu (05–6.11.2018 r.).
2. **Edward E. Farmer, Dept. Of Plant Molecular Biology, University of Lausanne, Switzerland**, 27.05.–29.05.2018 r. Wykład “Rapid long distance signalling in the plant wound response”.
3. **Zahra Gharari, University of Zanjan, Iran**, 20.06.–20.12.2018 r. Praca odwiedzającej w IGR skupiała się na wyciszaniu genów CypD1, CypD2 i FNS2, wtóre są odpowiedzialne za biosyntezę flawonoidów w *Scutellaria*.
4. **Neil Havis, Scotland’s Rural College, Edinburgh, UK** 16–20 kwietnia 2018 r.
5. **Laura Ragni, ZMBP-Center for Plant Molecular Biology, University of Tübingen, Niemcy**, 23.05.2018–25.05.2018. Wykład “Novel tools to measure secondary growth: the quantitative histology approach”. Trening praktyczny z wykorzystania programu LithoGrapX.
6. **Petr Smykal, Palacký University, Olomuniec, Rep. Czeska**; Zespół Struktury i Funkcji Genów ZG; 20–21 czerwca 2018 r., omówienie możliwości współpracy, wygłoszenie wykładu „Seed dormancy of *Medicago* and *Pisum* spp. from adaptive and domestication perspectives” w ramach seminariów IGR PAN (21 czerwca 2018 r.).

Wyjazdy krótkoterminowe

1. **Bakro F.**, staż naukowy w GenXPro GmbH, Frankfurt am Mein, Germany. 3.10–30.11.2018 r.
2. **Basińska-Barczak A.**, 6 tygodniowy staż, 15.10.–23.11.2018 r., Plant Pathology & Mycology Lab, Department of Agriculture, Food and Environment (DAFE), University of Pisa, Piza, Włochy, prof. G. Vannacci. Celem stażu była transformacja polskich, grzybów *Trichoderma* i ekspresji w nich białka zielonej fluorescencji (GFP), dzięki czemu będą możliwe przyżyciowe obserwacje interakcji *Trichoderma* z roślinami.

Zapoznano się również z nowymi metodami transformacji grzybów wykorzystującymi białko CRISPR/Cas9 oraz podstaw bioinformatycznych wykorzystywanych w tych badaniach.

3. **Bielski W.**, wyjazd krótkoterminowy, 23 lipca–03 sierpnia 2018 r. Institute of Experimental Botany AS CR Olomouc, Republika Czeska, J. Doležel. Zapoznanie się z metodyką znakowania oraz hybrydyzacji in situ sond oligonukleotydowych zaprojektowanych w celu ‘malowania’ chromosomów łubinów metodą ‘oligopaints’.
4. **Blicharz S.**, Integrated Molecular Plant physiology (IMPRES), in the Department of Biology of University of Antwerp., Belgia, 22.01–23.02.2018r.
5. **Blicharz S.**, ZMBP-Center for Plant Molecular Biology, University of Tübingen, Niemcy, 17.11–15.12.2018 r.
6. **Ćwiek-Kupczyńska H.**, staż krótkoterminowy, 14–21 października 2018 r., Biometris, Wageningen University and Research, Wageningen, Holandia; Fred van Eeuwijk. Cele wyjazdu: udział w sympozjum „Breeding Data: Statistical Advances in Modern Plant Breeding”, udział w planowaniu implementacji modułu R do przetwarzania danych eksperymentalnych w formacie ISA-Tab, przygotowanie przykładów zbiorów danych do wspólnego artykułu naukowego, poznanie metod i narzędzi analizy danych stosowanych w grupie Biometris w WUR.
7. **Gawłowska M.**, staż krótkoterminowy, P. Smykal, Palacký University, Olomuniec, Rep. Czeska, 10–29 czerwca 2018 r.. Porównanie doświadczeń obu stron w badaniach poziomu ekspresji genów, zaangażowanych w warunkowanie ważnych cech u grochu (odporność i poziom oligosacharydów ze strony polskiej, kiełkowanie ze strony czeskiej).
8. **Irzykowski W., Serbiak P.**, Dotnuva, Litwa, udział w spotkaniu z rolnikami, doradcami i przedstawicielami agrobiznesu oraz spotkanie projektu DSS Fusarium.
9. **Jędrzycka M.**: Riga, Łotwa, udział w spotkaniu z rolnikami, doradcami i przedstawicielami agrobiznesu oraz spotkanie projektu DSS Fusarium.
10. **Jędrzycka M.**: TU Dresden, Niemcy, przygotowanie projektu naukowego.
11. **Kosmala A., Majka J.**, 14–16 grudnia 2018 r., Swiss Federal Institute of Technology, Zurich, Szwajcaria, B. Studer; spotkanie dyskusyjne, celem określenia kierunków współpracy w roku 2019; ustalenie planu badawczego dla J. Majki w trakcie stażu u prof. Studera (2019), w ramach projektu Etiuda. Przedstawiono prezentacje: A. Kosmala; „Dissection of resistance to abiotic stresses in *Lolium/Festuca* intergeneric hybrids and their introgression derivatives”; J. Majka; “Cytomolecular insight into genomes of *Festuca pratensis* and *F. pratensis* × *Lolium perenne* hybrids”.
12. **Kuczyńska A., Mikołajczak K.**, 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, Maria Teresa Rodriguez-Estrada, Vladimiro Cardenia. Cel: Jakościowo-ilościowe oznaczenie zawartości steroli w wybranych liniach jęczmienia poddanych działaniu różnych stresów abiotycznych; 28.02. – 03.03.2018 r. i 17.06.–11.07.2018 r.
13. **Majka M.**, 8–9 października 2018 r., Center of Plant Structural and Functional Genomics, Institute of Experimental Botany AS CR, Olomuniec, Czechy; dr M. Valarik / prof. J. Doležel. Cel: Nawiązanie współpracy w zakresie identyfikacji nowych źródeł odporności na choroby zbóż u gatunków plemienia Triticeae.

14. **Naganowska B.**, 8–9 października 2018 r., Center of Plant Structural and Functional Genomics, Institute of Experimental Botany AS CR, Ołomuniec, Czechy; prof. J. Doležel. Ustalenia dotyczące przedłużenia dwustronnego Memorandum of Understanding pomiędzy instytutami.
15. **Paiva Jorge A. P.**, wyjazd do Laboratoire de Recherche en Science Vegetales (LRSV, UMR 5546 UPS/CNRS), Toulouse, France, w laboratorium Dr. hab Jacqueline Grima-Pettenati, 11–21.03.2018 r.
16. **Paiva Jorge A. P.**, wyjazd do Instituto de Ciencias Biológicas, Universidad Talca, 23.11–16.12.2018 r., zaproszony przez Prof. Raul Herrera i Prof. Alejandra Moya.
17. **Rybiński W.**, wyjazd krótkoterminowy, Niemcy, Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Production, Gatersleben, A. Börner. Ocena zmienności fenotypowej i genetycznej materiałów kolekcyjnych gatunków z rodzaju *Lathyrus*, *Vicia*, *Cicer* i *Lens* w ramach współpracy i pozyskanie nowych obiektów kolekcyjnych marginalnych roślin strączkowych. Publikacje z IF, m.in. w roku 2015 i 2017 (Genetic Resources and Crop Evolution)
18. **Susek K.**, University of Georgia, Athens, USA, S. A. Jackson: realizacja projektu HARMONIA7 – analiza bioinformatyczna transkryptomów łubinów i wybranych roślin strączkowych; 21 czerwca–30 września 2018 r.
19. **Urbaniak M.**, staż krótkoterminowy, 01–29 września 2018 r., Norwegian Veterinary Institute, Oslo, Norway, S. Uhlig. Staż w celu kontynuacji identyfikacji metabolitów produkowanych przez grzyby *Hypocreales*, współpraca jest kontynuacją poprzednich wizyt (2015–2017).
20. **Zwierzykowski Z., Majka M.**, pobyt krótkoterminowy, 08–09 października 2018 r., Center of Plant Structural and Functional Genomics, Institute of Experimental Botany AS CR, Ołomuniec, Czechy, D. Kopecky/ J. Doležel; spotkanie dyskusyjne, celem określenia kierunków współpracy w temacie: “Cytogenetyczna i molekularna analiza mieszańców *Festuca glaucescens* ($2n = 4x = 28$) i *F. pratensis* ($2n = 2x = 14$); rekonstrukcja heksaploidalnej *F. arundinacea* ($2n = 6x = 42$)”.

Wyjazdy długoterminowe

1. **Cerazy-Waliszewska J.** – staż podoktorski w **Institute for Genomic Biology, University of Illinois, Urbana-Champaign, USA**; 15.05.2018 – 31.05.2019 r.
2. **Kempa M.** – **Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Gatersleben, Niemcy**, Goetz Hensel. Cel: opracowanie konstruktów genetycznych zawartych w wektorach binarnych mające służyć do transformacji roślin jęczmienia (technika CRISPR/Cas9), doprowadzając do etapu transformacji nimi komórek *E. coli*, staż badawczy, 05.07–03.08.2018 r.
3. **Kuczyńska A., Mikołajczak K.** – **ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy**, Francesco Cellini, Angelo Petrozza. Cel: Badania wstępne w ramach wniosku projektowego EPPN2020 dotyczącego wysokoprzepustowego fenotypowania jęczmienia jarego; 11–17.11.2018 r.

4. **Lalak-Kańczugowska J.** – staż długoterminowy, 15 września – 15 grudnia 2018 r., Technical University of Madrid, Madryt, Hiszpania, D. Palmero. Celem stażu była analiza patogeniczności szczepów *Fusarium oxysporum* i *F. proliferatum* w stosunku do roślin szparaga *Asparagus officinalis* w warunkach szklarniowych oraz ich wstępna charakterystyka molekularna.
5. **Ogrodowicz P.** – staż badawczy, **The National Plant Phenomics Center (NPPC), Institute of Biological, Environmental and Rural Sciences at Aberystwyth University, Wielka Brytania**, John Doonan. Cel: Doświadczenie pilotażowe projektu dotyczącego obrazowania korzeni jęczmienia jarego w warunkach kontrolnych oraz w warunkach deficytu wody na platformie do fenotypowania roślin, 17–20.11.2018 r.
6. **Ogrodowicz P.** – staż badawczy, **INRA, Dijon, Francja**, Christophe Salon. Cel: Doświadczenie pilotażowe projektu dotyczącego obrazowania korzeni jęczmienia jarego w warunkach kontrolnych oraz w warunkach deficytu wody na platformie do fenotypowania roślin, 29.09–06.10. 2018 r.

KONFERENCJE NAUKOWE – ORGANIZACJA I UDZIAŁ

Konferencje zorganizowane przez IGR PAN

1. **Conference Cost iPlanta, iPLANTA COST Action CA15223; 2nd iPLANTA Conference RNAi: THE FUTURE OF CROSS TALK: Focus on RNAi Technology (WG1) and Applications (WG2) and Satellite Meeting (Technologie RNAi, zastosowanie oraz tematy pokrewne)**, 14–16.02.2018 r.

konferencja międzynarodowa, Wydział Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu.

Komitet organizacyjny i naukowy – IGR PAN:

Jorge A. P. Paiva (członek komitetu naukowego, przewodniczący komitetu organizacyjnego), Carolina Gomes, Mortaza Khodaeiaminjan (członek komitetu organizacyjnego).

Komitet organizacyjny i naukowy – członkowie spoza IGR PAN:

Prof. Bruno Mezzetti, dr. Jeremy Street, prof. Guy Smagghe, prof. Huw Jones, prof. Salvatore ARPAIA, alloProf Justus WESSELER, prof. Hilde-Gunn OPSAHL-SORTEBERG, prof. Michel Ravelonandro, Prof. Hely Häggman, prof. Antje Dietz-Pfeilstetter, prof. Konstantinos Karantininis, prof. Matina Tsalavouta, prof. Attila Molnar, prof. Gijs Kleter, prof. Dario Frisio, prof. Vera Ventura, prof. Joost Desein, prof. Mirco Montefiori, prof. Lorenzo Burgos, prof. Kit Greenop, prof. Zofia Szwejkowska-Kulińska – UAM Poznan, Iwona Kanonik-Jędrzejak – UAM Poznan, Tomasz Bielecki – UAM Poznan, dr. Andrzej Pacak – UAM Poznan, Aleksandra Smoczyńska – UAM Poznan, Aleksandra Grabowska – UAM Poznan

2. **International Conference on Trends and Perspectives in Linear Statistical Inference LinStat'2018**, Będlewo, 20–24 sierpnia 2018 r.

Konferencja międzynarodowa

Komitet organizacyjny:

Sawikowska – członek komitetu organizacyjnego

Katarzyna Filipiak (Poland) – Chair, Francisco Carvalho (Portugal), Jan Hauke (Poland), Daniel Klein (Slovakia), Adam Mieldzioc (Poland), Waldemar Wołyński (Poland)

Komitet Naukowy:

Augustyn Markiewicz (Poland) – Chair, Anthony C. Atkinson (UK), João Tiago Mexia (Portugal), Simo Puntanen (Finland), Dietrich von Rosen (Sweden), Müjgan Tez (Turkey), Götz Trenkler (Germany), Roman Zmysłony (Poland), Ivan Žežula (Slovakia).

3. **17th meeting of the Working Group on 'Integrated Control in Oilseed Crops'** 18 – 20 September 2018 r., Zagreb, Croatia. **M. Jędrzycka** - główny organizator spotkania.
4. **Integrative Plant Biology Conference, IPG PAS**, 7–10.11.2018 r. Konferencja międzynarodowa, miejsce: Centrum Kongresowe Instytutu Ochrony Roślin – Państwowego Instytutu Badawczego przy ulicy Węgorka 20 w Poznaniu.

Komitet organizacyjny:

Przewodniczący: **dr hab. Robert Malinowski, dr Franklin Gregory, dr Jorge Paiva, dr Sandra Rychel, dr Anna Stachowiak-Szrejbrowska, dr Karolina Stefanowicz, dr William Truman, mgr Sara Blicharz i mgr Magdalena Tomaszewska**

Komitet Naukowy:

Przewodniczący: **prof. dr hab Małgorzata Jędrzycka**

dr Paweł Kojs, **dr hab. Arkadiusz Kosmala, prof. dr hab. Paweł Krajewski, prof. dr hab Barbara Naganowska**, prof. dr hab. Jacek Oleksyn, **dr hab. Tomasz Pniewski**, prof. IGR PAN, prof. dr hab. Zofia Szwejkowska-Kulińska i prof. dr hab. Tomasz Twardowski

5. **Konferencja szkoleniowa obszaru 2 „Nowe metody i techniki dla ulepszenia wartości odmian roślin strączkowych” w ramach Programu Wieloletniego "Zwiększenie wykorzystania krajowego białka paszowego dla produkcji wysokiej jakości produktów zwierzęcych w warunkach zrównoważonego rozwoju", 15–16 listopada 2018 r., Prusim, Kwilcz „Olandia”, Konferencja krajowa Skład Komitetu Naukowego / Organizacyjnego z IGR PAN: W. Świącicki (przewodniczący), B. Góryniewicz (zastępca przewodniczącego)**

Uczestnictwo w krajowych i międzynarodowych konferencjach naukowych

1. **2 Konferencja Naukowa „Biologia I Ekologia Roślin Drzewiastych” 11–15 czerwca 2018 r., Kórnik i Poznań, Polska, Paiva J. i Gomes C., prezentacja ustna**
2. **I Ogólnopolska Konferencja „Biotechnologia nie jedno ma imię”, 24–25 listopada 2018 r., Poznań, K. Mikołajczak, referat**
3. **II Ogólnopolskie Sympozjum Nauk Przyrodniczo – Rolniczych, 07–08 kwietnia 2018 r., Poznań, A. Basińska-Barczak, K. Mikołajczak (*doniesienia ustne*)**
4. **III Ogólnopolskie Sympozjum Mikrobiologiczne „Metagenomy różnych środowisk”, Lublin, 28–29 czerwca 2018 r.. M. Jędrzycka**
5. **VIII Polish Illumina Symposium, Poznań, Uniwersytet Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, 11–12 października 2018 r. – M. Nuc**
6. **XIV Dni Alergii Pyłkowej w Krakowie, Kraków, 18–19 maja 2018 r. M. Jędrzycka – przewodnicząca sesji, J. Kaczmarek, Irzykowski W.**
7. **XLIV Konferencja „Statystyka Matematyczna”, 02–07 grudnia 2018 r., Będlewo, Polska – M. Mokrzycka (*doniesienie ustne*).**
8. **XV Ogólnopolska Konferencja Kultur In Vitro i Biotechnologii Roślin., Rogów, Polska. 17–20 września 2018 r., K. Sobańska - doniesienie ustne, udział w dyskusji: Franklin G., Kempa M., Mikołajczak K., Kuczyńska A, Ogrodowicz P, Kaczmarek Z, Ćwiek-Kupczyńska H., Surma M., Adamski T., Świącicki W. K., Barzyk P., Trzeciak R. – plakat, A. Kuczyńska - plakat, M. Kempa (*plakat*).**
9. **XVI Konferencja „Biotechnologia: dziś na Uniwersytecie Technologiczno-Przyrodniczym, jutro w regionie kujawsko-pomorskim”, 08 czerwca 2018 r., Bydgoszcz, K. Mikołajczak (plakat).**
10. **Konferencja naukowa „Charakterystyka zasobów genowych dla hodowli roślin”, 18–21 września 2018 r., Karpacz – W. Rybiński, doniesienie ustne; W. Świącicki, doniesienie ustne (*plakat*)**
11. **Konferencja Naukowa Metabolomics Circle, 26–28 października 2018 r., Toruń; Kruszka D., Selvakesavan R.K., Kachilicki P., Franklin G. (2018) Impact of metal nanoparticles on the accumulation of secondary metabolites in *Hypericum perforatum* cell suspension cultures (*plakat*).**
12. **Konferencja Użytkowników KDM, Poznańskie Centrum Superkomputerowo Sieciowe, 10–17 czerwca 2018 r., Poznań – M. Nuc**
13. **Ogólnopolska Konferencja Naukowa „Genetyka, hodowla i biotechnologia roślin – osiągnięcia, wyzwania, perspektywy”, Lublin, 25–27 czerwca 2018 r., Streszczenia: 25, Kaczmarek J., Jędrzycka M. (2018). Introdukcja genów odporności na wybrane**

- choroby rzepaku z dzikich i pokrewnych gatunków rodzaju *Brassica* (referat).
14. **Seminarium "Możliwości badawcze zwierzętarni CZT UAM w Poznaniu"**, Poznań, 11 grudnia 2018 r., M. Pyrski (*doniesienie ustne*).
 15. **Seminarium Biotechnologiczne CZT UAM**, Poznań, 29 listopada 2018 r., M. Pyrski (*doniesienie ustne*).
 16. **III International Symposium on Nanoparticles/Nanomaterials and Applications**, 22–25 styczeń 2018 r., Caparica, Portugal. Kruszka D., Selvakesavan R.K., Kachlicki P., Franklin G. (2018) *Arabidopsis thaliana* plant secondary metabolism in response to silver nanoparticles, Kruszka D (*wystąpienie ustne*).
 17. **XIII Reunion de Biologia Vegetal 2018 of the Chilean Society of Plant Biology** (<http://www.biologiavegetal.cl/xiii-reunion-de-biologia-vegetal-2018>) 03-06 grudnia 2018 r., Puerto Varas (Chile), Jorge Paiva, prelegent z zagranicy.
 18. **XIX Congress of the Spanish Society of Phytopathology (SEF)**, 08–10 października 2018 r., Toledo, Hiszpania, J. Lalak-Kańczugowska (*postery*).
 19. **XLVIII Międzynarodowe Colloquium Biometryczne**, 10–13 września 2018 r., Szamotuły, Polska – P. Krajewski, M. Mokrzycka, M. Nuc *doniesienia ustne*
 20. **2nd Global Conference on Plant Science and Molecular Biology**, 20–22 września 2018r., Rzym, Włochy, H. Wiśniewska (*plakat*).
 21. **4th Edition of International Conference on Plant Genomics**, 20–21 maja 2018 r., Rzym, Włochy, M. Majka (*doniesienie ustne*).
 22. **4th International Conference, "Plant Genetics & Breeding Technologies"**, 12–13 lipca 2018 r., Wiedeń, Austria – M. Kroc (*doniesienie ustne*).
 23. **4th International Plant Physiology Congress**. 02–05 grudnia 2018 r., CSIR-NBRI, Lucknow, India. Shakya P., Selvakesavan R.K. and Franklin G. *Hypericum perforatum* protein extracts induce antimicrobial defense response against *Agrobacterium* (*poster*).
 24. **6th Plant Genomics & Gene Editing Congress and Partnerships in Biocontrol, Biostimulants & Microbiome: Europe**. Rotterdam, Holandia, 14–15 maja 2018 r. – M. Gawłowska, M. Kroc, K. Czepiel (*plakat*), J. Czarnecka (*plakat*), A. Kielbowicz-Matuk (*plakat*), U. Talar (*plakat*).
 25. **7th EWAC Eucarpia International Conference, The European Cereals Genetics Co-operative EUCARPIA Cereals Section International Conference**, 03–08 czerwca 2018 r., Bukareszt, Rumunia, H. Wiśniewska (*plakat*).
 26. **7th International Food Legume Research Conference (IFLRC-VII)**, 02-09 maja 2018r., Marrakech, Morocco, Jorge Paiva (*plakat*).
 27. **11th International Conference Plant Functioning Under Environmental Stress**, 12–15 września 2018 r., Kraków – A. Kosmala (4 *plakaty*), K. Masajada (3 *plakaty*), I. Pawłowicz (4 *plakaty*), D. Perlikowski (4 *plakaty*), U. Talar (*plakat*).
 28. **12th Vaccine Congress**, Budapeszt, Węgry, 16–19 września 2018 r., T. Pniewski (*doniesienie ustne*).
 29. **14th European Conference of Fungal Genetics**, 25–28 lutego 2018 r., Haifa, Izrael, M. Urbaniak, Ł. Stępień, oster, G. Koczyk (*plakaty*).
 30. **14th European Fusarium Seminar**, 08–11 kwietnia 2018 r., Tulln, Austria, J. Lalak-Kańczugowska, Ł. Stępień, współautorstwo wystąpienia (*poster*).

31. **15th Applied Statistics International Conference**, Ribno, Słowenia, 23–26 września 2018 r., M. Surma (*doniesienie ustne*).
32. **15th International Trichoderma and Gliocladium Workshop**, 10–13 czerwca 2018 r., Salamanca, Hiszpania, A. Basińska – Barczak, L. Błaszczuk (*plakat, referat*).
33. **17th European Conference on Computational Biology**, 08–12 września 2018 r., Ateny, A. Sawikowska (*plakat*).
34. **21st Brassica Genetics Conference**, 01–04 lipca 2018 r., St. Malo, France, M. Jędrzycka.
35. **48th International Biometrical Colloquium in Honour of the 90th Birthday of Professor Tadeusz Caliński and VI Polish – Portuguese Workshop on Biometry**, 09 – 13 września 2018 r., Szamotuły – B. Górnyczyk (*doniesienie ustne*).
36. **Agrobacterium 2018 (A Joint event of the 39th American Crown Gall meeting and 2nd European Agrobacterium Conference)**. 12–13 września 2018 r., VIB-UGent Center for Plant Systems Biology, Ghent, Belgium, Shakya P., Selvakumaran R.K. and Franklin G. Antimicrobial Polypeptides might be involved in the plant recalcitrance against *Agrobacterium tumefaciens*-mediated transformation (*poster*).
37. **Breeding Data: Statistical Advances in Modern Plant Breeding symposium**, 16 października 2018 r., Wageningen, Holandia – H. Ćwiek-Kupczyńska.
38. **Breeding, Technology and Lipid Analysis**, 10–11 kwietnia 2018 r., Poznań. Majka J., Verification of genomic constitution of *Brassica* hybrids using GISH technique. Oilseeds Plants – Advances in Genetics.
39. **EPPN2020 Project Meeting**, 23–25 maja 2018 r., Nottingham, Wlk. Brytania. P. Krajewski, H. Ćwiek-Kupczyńska (*doniesienie ustne*).
40. **Eucarpia Section “Biometrics in Plant Breeding”**, 03–05 września 2018 r., Gandawa, Belgia – P. Krajewski *członek Komitetu Naukowego*, *doniesienie ustne*, M. Mokrzycka (*plakat*).
41. **European Human Genetics Conference**, 16–19 czerwca 2018 r., Mediolan, Włochy – G. Koczyk (*plakaty*).
42. **German Plant Pathology Conference**, wrzesień 2018 r., Jedryczka, M. Oilseed rape clubroot distribution and variation in pathotypes of *Plasmodiophora brassicae* in central Europe [Verbreitung der Kohlhernie im Rapsanbau und Variation der Pathotypen von *Plasmodiophora brassicae* in Mitteleuropa], (*referat*).
43. **Gordon Research Seminars (GRS) on Salinity and Waters Stress in Plants. Integrating Molecular Mechanisms, -Omics and Imaging to Develop Abiotic Stress Tolerant Crops**, Waterville Valley, NH, US, 02.06–03.06.2018 r., Blicharz S., Beemster G., Malinowski R. The role of the phloem in drought stress responses in pea (*wystąpienie ustne*).
44. **Integrative Plant Biology IPG PAS Conference**, Poznań, 07–09 listopada 2018 r., M. Pyrski - *doniesienie ustne*, T. Pniewski - *członek komitetu naukowego, przewodniczący sesji*, M. Jędrzycka, J. Kaczmarek, A. Piasecka, N. Ramzi, Ł. Stępień, M. Urbaniak (*postery*), Malinowski R. Integrative approaches to study *Plasmodiophora brassicae* infection in plant. (*wystąpienie ustne, wykład plenarny*), Phloem-mediated sugar redistribution is a vital component of drought response in pea. Blicharz S., Beemster G., Malinowski R. (*wystąpienie ustne*), M. Gawłowska, K. Czepiel (*plakat*).

- P. Plewiński (*plakat*); Plewiński P., Książkiewicz M., Rychel S., Bielski W., Tomaszewska M., Naganowska B., Wolko B. (*plakat*); A. Augustyniak (*plakat, doniesienie ustne*), J. Fidler (*plakat*), A. Kosmala (*4 plakaty, doniesienie ustne*), J. Majka (*2 plakaty*), K. Masajada (*plakat, doniesienie ustne*), I. Pawłowicz (*plakat, doniesienie ustne*), D. Perlikowski (*plakat, doniesienie ustne*), Z. Zwierzykowski (*plakat*).
45. **Interest Group on Agricultural Data (IGAD) Pre-Meeting, RDA 11 Plenary Meeting**, 19–20 marca 2018 r., Berlin, Niemcy – P. Krajewski, H. Ćwiek-Kupczyńska (*doniesienie ustne*).
 46. **International Association for Plant Biotechnology congress**, 19–24 sierpnia 2018 r., Dublin Ireland. Selvakesavan R. K., Franklin G. 2, 4-Dichlorophenoxyacetic acid Pretreatment Promotes Agrobacterium tumefaciens Mediated Transformation. (*plakat, in absentia*).
 47. **International Clubroot Workshop "Clubroot disease in oilseed rape – status quo and research demand" JKI/UFOP**, 15–16 stycznia 2018 r., Berlin, Germany. M. Jędrzycka (*invited speaker*).
 48. **International Clubroot Workshop**, 07–09 sierpnia 2018 r., Edmonton, Canada. M. Jędrzycka (*invited speaker*).
 49. **International Conference on Trends and Perspectives in Linear Statistical Inference, LinStat'2018**, 19–25 sierpnia 2018 r., Będlewo, Polska – A. Sawikowska *członek komitetu organizacyjnego*, (*doniesienie ustne*), M. Mokrzycka (*doniesienie ustne*).
 50. **International Congress of Plant Pathology "Plant health in a global economy"**, Boston, USA; 29 lipca –03 sierpnia 2018 r.. M. Jędrzycka (*invited speaker*).
 51. **International Plant and Algal Phenomics meeting 2018**, Praga, Czechy, 26–29 sierpnia 2018 r., A. Kuczyńska (*doniesienie ustne*).
 52. **IUFRO Eucalyptus: Managing Eucalyptus plantations under global changes that was held last**, 17–21 września 2018r., w Le Corum, Montpellier Francja, Jorge Paiva, przemowa objaśniająca
 53. Meeting of the EUCARPIA, International Congress On Oil and Protein Crops, 20–24 maja 2018 r., Chisinau, Republic of Moldova - W. Rybiński (*plakat*).
 54. **PhenoHarmonIS workshop**, 14–18 maja 2018 r., Montpellier, Francja – H. Ćwiek-Kupczyńska (*doniesienie ustne*).
 55. **Plant and Animal Genome Conference**, San Diego, USA, 13–17 stycznia 2018 r., Sawikowska A., You Y., Neumann M., Posé D., Capovilla G., Langenecker T., Neher R. A., Schmid M., Krajewski P., *Arabidopsis* shoot meristem-specific analysis of gene expression and histone modification patterns and their temporal dynamics during flowering, (*plakat*).
 56. **Plant Biology Europe**, 18–21 czerwca 2018 r., Copenhagen Selvakesavan R.K., Franklin G., Differential expression of stress related genes in *Hypericum perforatum* cells challenged with *Agrobacterium tumefaciens*, plakat, Gomes C., (*plakat*).
 57. **Research Group Meeting on Multivariate and Mixed Linear Models**, 19–23 marca 2018 r., Będlewo – A. Sawikowska, M. Mokrzycka (*doniesienie ustne*).
 58. **Research Group Meeting on Multivariate and Mixed Linear Models**, 11–16 listopada 2018 r., Będlewo, Polska – A. Sawikowska, M. Mokrzycka (*doniesienie ustne*).

59. **The International Conference on Arabidopsis Research**, 25-29 czerwca 2018 r., Turku, Finland. Truman W., Olszak M., Walerowski P., Rolfe S., Malinowski R.
60. **The Web Conference**, 23–27 kwietnia 2018 r., Lyon, Francja – H. Ćwiek-Kupczyńska (*doniesienie ustne*).
61. **WhetaIS Annual Meeting**, 12 stycznia 2018 r., San Diego, USA. Krajewski P. The MIAPPE standard implementation.
62. **Workshop of Applied Plant Biology III: Gene Regulation In Plant Development And Fruit Ripening 29**, 10.11.2018, Auditorio Instituto de Ciencias Biológicas, Universidad Talca, prelegent – J.A.P. Paiva.

SPIS PUBLIKACJI

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

Lp.	Publikacja	Punkty MNiSW	Impact Factor
1.	Augustyniak A., Perlikowski D., Rapacz M., Kościelniak J., Kosmala A. (2018). Insight into cellular proteome of <i>Lolium multiflorum/Festuca arundinacea</i> introgression forms to decipher crucial mechanisms of cold acclimation in forage grasses. <i>Plant Science</i> 272: 22–31. DOI: 10.1016/j.plantsci.2018.04.002.	35	3,712
2.	Boher P., Soler M. Sánchez A., Hoede C., Noirot C., Paiva J.A.P. , Ferra O., Figueras M. (2018) A comparative transcriptomic approach to understanding the formation of cork. <i>Plant Molecular Biology</i> 96(1-2):103–118. DOI: 10.1007/s11103-017-0682-9.	35	3,543
3.	Filipiak K., Klein D., Mokrzycka M. (2018). Estimators comparison of separable covariance structure with one component as compound symmetry matrix. <i>Electronic Journal of Linear Algebra</i> 33, 83–98. DOI: 10.13001/1081-3810, 1537-9582.3740.	20	0,739
4.	Filipiak K., Markiewicz A., Mielzioc A., Sawikowska A. (2018). On projection of a positive definite matrix on a cone of nonnegative definite Toeplitz matrices. <i>Electronic Journal of Linear Algebra</i> 33: 74–82. DOI: 10.13001/1081-3810, 1537-9582.3750.	20	0,739
5.	Frac M., Hannula S.E., Belka M., Jędrzycka M. (2018). Fungal biodiversity and their role in plant health. <i>Frontiers in Microbiology</i> 9:707. DOI: 10.3389/fmicb.2018.00707.	35	4,019
6.	Gorczyca A., Oleksy A., Gala-Czekaj D., Urbaniak M. , Laskowska M., Waśkiewicz A., Stępień Ł. (2018). Fusarium Head Blight incidence and mycotoxin accumulation in three durum wheat cultivars in relation to sowing date and density. <i>Science of Nature (Naturwissenschaften)</i> 105: 2. DOI: 10.1007/s00114-017-1528-7.	30	1,789
7.	Goriewa-Duba K., Duba A., Kwiatek M., Wiśniewska H. , Wachowska U., Wiwart M. (2018) Chromosomal distribution of pTa-535, pTa-86, pTa-713, 35S rDNA repetitive sequences in interspecific hexaploid hybrids of common wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.) and spelt (<i>Triticum spelta</i> L.). <i>PLoS ONE</i> 13(8): e0203162. DOI: 10.1371/journal.pone.0203162.	35	2,766

8.	Gryszczyńska A., Dreger M., Piasecka A., Kachlicki P., Witaszak N., Sawikowska A. , Ożarowski M., Opala B., Łowicki Z., Pietrowiak A., Miklaś M., Mikołajczak P.Ł., Wielgus K. (2018). Qualitative and quantitative analyses of bioactive compounds from ex vitro <i>Chamaenerion angustifolium</i> (L.) (<i>Epilobium angustifolium</i>) herb in different harvest times. <i>Industrial Crops & Products</i> 123: 208–220. DOI: 10.1016/j.indcrop.2018.06.010.	40	3,849
9.	Gudys K., Guzy-Wrobelska J., Janiak A., Dziurka M.A., Ostrowska A., Hura K., Jurczyk B., Żmuda K., Grzybkowska D., Śróbka J., Urban W., Biesaga-Koscielniak J., Filek M., Koscielniak J., Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Krystkowiak K., Kuczyńska A., Krajewski P. and Szarejko I. (2018). Prioritization of candidate genes in QTL regions for physiological and biochemical traits underlying drought response in barley (<i>Hordeum vulgare</i> L.). <i>Frontiers in Plant Science</i> 9:769. DOI: 10.3389/fpls.2018.00769.	40	3,677
10.	Głowacka K. , Kromdijk J., Kucera K., Xie J., Cavanagh A.P., Leonelli L., Leakey A.D.B., Ort D.R., Niyogi K.K., Long S.P. (2018) Photosystem II Subunit S overexpression increases the efficiency of water use in a field-grown crop. <i>Nature Communications</i> 9:868. DOI: 10.1038/s41467-018-03231-x.	45	12,353
11.	Jakubowicz M., Nowak W., Gałgański Ł., Babula-Skowrońska D. (2018). Expression profiling of genes encoding ABA route components in response to dehydration or various light conditions in poplar buds and leaves. <i>Journal of Plant Physiology</i> 223: 84–95. DOI: 10.1016/j.jplph.2018.01.011.	35	2,833
12.	Kasprzycka A., Lalak-Kańczugowska J. , Tys J. (2018). Flammulina velutipes treatment of non-sterile tall wheat grass for enhancing biodegradability and methane production. <i>Bioresource Technology</i> 263:660–664. DOI: 10.1016/j.biortech.2018.05.024.	45	5,807
13.	Kasprzycka A., Lalak-Kańczugowska J. , Tys J., Pawłowska M. (2018). Chemical stability and sanitary properties of pelletized organo-mineral waste-derived fertilizer. <i>Archives of Environmental Protection</i> . 44(3): 106–113. DOI: 10.24425/122284.	15	1,120
14.	Lusinska J., Majka J. , Betekhtin A., Susek K. , Wolny E., Hasterok R. (2018). Chromosome identification and reconstruction of evolutionary rearrangements in <i>Brachypodium distachyon</i> , <i>B. stacei</i> and <i>B. hybridum</i> . <i>Annals of Botany</i> 122: 445–459. DOI: 10.1093/aob/mcy086.	40	3,646
15.	Majka M. , Serfling A., Czembor P., Ślusarkiewicz-Jarzina A., Kwiatek M. , Ordon F., Wiśniewska H. (2018) Resistance of (<i>Ae. tauschii</i> × <i>S. cereale</i>) × <i>Triticosecale</i> hybrids to leaf rust (<i>Puccinia triticina</i>). <i>Front in Plant Science</i> 9:1418. DOI: 10.3389/fpls.2018.01418.	40	3,677

16.	Majka J., Zwierzykowski Z., Majka M., Kosmala A. (2018). Karyotype reshufflings of <i>Festuca pratensis</i> × <i>Lolium perenne</i> hybrids. <i>Protoplasma</i> 255: 451–458. DOI: 10.1007/s00709-017-1161-5.	30	2,457
17.	Marecik R, Błaszczak L , Biegańska-Marecik R, Piotrowska-Cyplik A. Screening and Identification of Trichoderma Strains Isolated from Natural Habitats with Potential to Cellulose and Xylan Degrading Enzymes Production (2018) <i>Polish Journal of Microbiology</i> 2018 Jun 30;67 (2):181–190. DOI: 10.21307/pjm-2018-021.	15	0,784
18.	Marslin G., Prakash J., Qi S., Franklin G. (2018) Oral Delivery of Curcumin Polymeric Nanoparticles Ameliorates CCl ₄ -Induced Subacute Hepatotoxicity in Wistar Rats. <i>Polymers</i> 10:541. DOI: 10.3390/polym10050541.	40	2,935
19.	Marslin G., Siram K., Maqbool Q., Selvakesavan R., Kruszka D., Kachlicki P., Franklin G. (2018) Secondary metabolites in the green synthesis of metallic nanoparticles. <i>Materials</i> 3;11(6). DOI:10.3390/ma11060940.	35	2,467
20.	Ozarowski M., Piasecka A. , Paszal-Jaworska A., Chaves D., Romaniuk A., Rybczynska M., Gryszczyńska A., Sawikowska A., Kachlicki P. , Mikolajczak P., Seremak-Mrozikiewicz A., Klejewski A., Thiem B. (2018) Comparison of bioactive compounds content in leaf extracts of <i>Passiflora incarnata</i> L., <i>Passiflora caerulea</i> L. and <i>Passiflora alata</i> Curtis and <i>in vitro</i> cytotoxic potential on leukemia cell lines. <i>Revista Brasileira de Farmacognosia</i> 28(2): 125–260, DOI:10.1016/j.bjp.2018.01.006.	15	1,596
21.	Pawłowicz I. , Waśkiewicz A., Perlikowski D. , Rapacz M., Ratajczak D., Kosmala A. (2018). Remodeling of chloroplast proteome under salinity affects salt tolerance of <i>Festuca arundinacea</i> . <i>Photosynthesis Research</i> 137: 475–492, DOI: 10.1007/s11120-018-0527-7.	40	3,091
22.	Piechocki M., Giska F., Koczyk G. , Grynberg M., Krzymowska M. (2018). An engineered distant homolog of <i>Pseudomonas syringae</i> TTSS effector from <i>Physcomitrella patens</i> can Act as a bacterial virulence factor. <i>Frontiers Microbiol</i> 9:1060, DOI: 10.3389/fmicb.2018.01060.	35	4,019
23.	Plażek A., Pocięcha E., Augustyniak A., Masajada K., Dziurka M., Majka J., Perlikowski D., Pawłowicz I., Kosmala A. (2018). Dissection of resistance to <i>Microdochium nivale</i> in <i>Lolium multiflorum</i> / <i>Festuca arundinacea</i> introgression forms. <i>Plant Physiology and Biochemistry</i> 123: 43–53, DOI: 10.1016/j.plaphy.2017.11.022.	35	2,718

24.	Kozłowska E., Hoc N., Sycz J., Urbaniak M. , Grzeszczuk J., Kostrzewa-Suslow E., Stępień Ł. , Płaskowska E., Janeczko T. (2018). Biotransformation of steroids by entomopathogenic strains of <i>Isaria farinosa</i> . <i>Microbial Cell Factories</i> 17(1):71. DOI: 10.1186/s12934-018-0920-0.	35	3,831
25.	Kozłowska E., Urbaniak M. , Hoc N., Grzeszczuk J., Dymarska M., Stępień Ł. , Płaskowska E., Kostrzewa-Suslow E., Janeczko T. (2018) Cascade biotransformation of dehydroepiandrosterone (DHEA) by <i>Beauveria</i> species. <i>Scientific Reports</i> : 8(1):13449. DOI: 10.1038/s41598-018-31665-2.	40	4,122
26.	Lahuta L.B., Ciak M., Rybiński W. , Bocianowski J., Börner A. (2018). Diversity of the composition and content of soluble carbohydrates in seeds of the genus <i>Vicia</i> (Leguminosae). <i>Genetic Resources and Crop Evolution</i> 65: 541–554. DOI 10.1007/s10722-017-0552-y.	30	1,130
27.	Pniewski T. , Milczarek M., Wojas-Turek J., Pajtasz-Piasecka J., Wietrzyk J., Czyż M. (2018) Plant lyophilisate carrying S-HBsAg as an oral booster vaccine against HBV. <i>Vaccine</i> 36:6070–6076. DOI:10.1016/j.vaccine.2018.09.006.	30	3,285
28.	Plażek A., Dubert F., Kopeć P., Dziurka M., Kalandyk A., Pastuszak J., Wolko B. (2018) Seed Hydropriming and Smoke Water Significantly Improve Low-Temperature Germination of <i>Lupinus angustifolius</i> L. <i>International Journal of Molecular Sciences</i> 19(4): E992, DOI: 10.3390/ijms19040992	30	3,687
29.	Plażek A., Dubert F., Kopeć P., Dziurka M., Kalandyk A., Pastuszak J., Waligórski P., Wolko B. (2018) Long-Term Effects of Cold on Growth, Development and Yield of Narrow-Leaf Lupine May Be Alleviated by Seed Hydropriming or Butenolide. <i>International Journal of Molecular Sciences</i> 19(4): E 2416. DOI: 10.3390/ijms19082416.	30	3,687
30.	Rybiński W. , Święcicki W. , Bocianowski J., Börner A., Starzycka-Korbas E., Starzycki M. (2018). Variability of fat content and fatty acids profiles in seeds of a Polish white lupin (<i>Lupinus albus</i> L.) collection. <i>Genetic Resources and Crop Evolution</i> 65: 417–431. DOI: 10.1007/s10722-017-0542-0.	30	1,130
31.	Sadyś M., Kaczmarek J. , Grinn-Gofron A., Rodinkova V., Prikhodko A., Bilous E., Strzelczak A., Herbert R.J., Jedryczka M. Dew Point Temperature affects ascospore release of allergenic genus <i>Leptosphaeria</i> (2018). <i>International Journal of Biometeorology</i> 62(6):979–990. DOI: 10.1007/s00484-018-1500-z.	30	2,577
32.	Siram K., Divakar S., Raghavan C.W., Marslin G., Rahman H., Franklin G. (2018) Prediction and elucidation of factors affecting solubilisation of imatinib mesylate in lipids. <i>Colloids and Surfaces B: Biointerfaces</i> 174: 443–450. DOI:10.1016/j.colsurfb.2018.11.033.	35	3,997

33.	Szczepaniak A., Książkiewicz M., Podkowiński J., Czyż K., Figlerowicz M., Naganowska B. (2018). Legume cytosolic and plastid acetyl-coenzyme A carboxylase genes differ by evolutionary patterns and selection pressure schemes acting before and after whole-genome duplications. <i>Genes</i> 9 (11):563. DOI:10.3390/genes9110563.	25	3,191
34.	Tyrka M., Oleszczuk S., Rabiza-Swider J., Wos H., Wedzony M., Zimny J., Ponitka A., Ślusarkiewicz-Jarzina A., Metzger J.R., Baenziger P.S., Lukaszewski A.J. (2018) Populations of doubled haploids for genetic mapping in hexaploid winter triticale. <i>Molecular Breeding</i> 38:46. DOI: 10.1007/s11032-018-0804-3.	35	2,077
35.	Urbaniak M., Przystaś W., Zablocka-Godlewska E., Stepien Ł., Janusz G. (2018). Decolorization of azo and triphenylmethane dyes by MW113 <i>Beauveria bassiana</i> strain. <i>Desalination and Water Treatment</i> , 136: 422–432. DOI: 10.5004/dwt.2018.23225.	20	1,383
36.	Wachowska U., Irzykowski W., Jędrzycka M. (2018) Agrochemicals: Effect on genetic resistance in yeasts colonizing winter wheat kernels. <i>Ecotoxicology and Environmental Safety</i> 162, pp. 77–84. DOI: 10.1016/j.ecoenv.2018.06.042.	30	3,974
37.	Walerowski P., Gündel A., Yahaya N., Truman W., Sobczak M., Olszak M., Rolfe S., Borisjuk L., and Malinowski R. 2018. Clubroot Disease Stimulates Early Steps of Phloem Differentiation and Recruits SWEET Sucrose Transporters within Developing Galls. <i>The Plant Cell</i> 30:3058–3073. DOI: 10.1105/tpc.18.00283.	45	8,228
38.	Weryszko-Chmielewska E., Kasprzyk I., Nowak M., Sulborska A., Kaczmarek J., Szymanska A., Haratym W., Gilski M., Jędrzycka M. (2018). Health hazards related to conidia of <i>Cladosporium</i> – biological air pollutants in Poland, central Europe. <i>Journal of Environmental Sciences</i> 65: 271–281, DOI: 10.1016/j.jes.2017.02.018	30	3,120
39.	Zawieja B., Rybiński W., Nowosad K., Bocianowski J, (2018). Assessment of <i>Lathyrus</i> species accession variability using visual and statistical methods. <i>Pakistan Journal of Botany</i> 50 (6): 2277–2284.	20	0,750

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

Lp.	Nazwa czasopisma	Autor/autorzy	Tytuł/rok/tom/strony	Pkt MNiSW
1.	Progress in Plant Protection Punkty	Czembor E., Frasiński S., Stępień Ł. (2018).	Response of maize genotypes to the infection by selected Fusarium isolates from Liseola section; 2018/58(2): 81–86.	12
2.	Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin	Starzycka-Korbas E., Starzycki M., Kamiński P., Dubert M., Rybiński W. , Budzanowski G., Stefanowicz M.	Badania odporności mieszańców międzygatunkowych z płemienia <i>Brassicaceae</i> na porażenie powodowane przez patogeny <i>Leptosphaeria</i> sp. i <i>Alternaria</i> sp.; 2017 /nr 282, s. 123–138 (praca ukazała się drukiem w roku 2018)	6
3.	Journal of Plant Protection Research	Majka M. , Kwiatek M., Korbas M., Danielewicz J., Gawłowska M., Góral T., Wiśniewska H.	Eyespot resistance of winter wheat breeding lines evaluated with the marker-assisted selection and inoculation tests at the seedling and adult plant stage; 2018/ 58 (4), DOI: 10.24425/jppr.2018.124647.	15
4.	Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin	Wiśniewska H. , Góral T., Ochodzki P., Walentyn-Góral D., Kwiatek M., Majka M. , Belter J. , Banaszak Z., Pojmaj M., Kurleto D., Konieczny M., Budzanowski G., Cicha A., Paizert K., Matysik P.	Badanie typów odporności na fuzariozę kłosów u pszenżyta ozimego za pomocą markerów fenotypowych i metabolicznych, 284.	6

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

Lp.	Autor/autorzy	Tytuł/rok/tom/strony
1.	Kaczmarek J., Jędryczka M.	Przedsiębiorca Rolny; 2018/ 4 (42): 66–67. Wiosna 2018: uwaga rusza nowy sezon SPEC.
2.	Kaczmarek J., Jędryczka M	Przedsiębiorca Rolny; 2018/ 6 (44): 65–67. Kiła kapusty w Polsce – koktajl patotypów.
3.	Górniewicz B., Święcicki W., Pilarczyk W., Mikulski W.	Springer International Publishing AG, part of Springer Nature (2018). Online ISBN 978-3-319-89578-9. Print ISBN 978-3-319-89577-2 Conference proceedings: 191-195.
4.	Rybiński W., Kroc M., Święcicki W., Wilczura P., Kamel K., Barzyk P., Mikulski W.	Springer International Publishing AG, part of Springer Nature (2018). Online ISBN 978-3-319-89578-9. Print ISBN 978-3-319-89577-2 Conference proceedings: 131-136.
5.	Ogrodowicz P., Surma M., Adamski T., Kaczmarek Z., Święcicki W. , Stopyra P., Kuczyńska A., Krystkowiak K., Mikołajczak K.	Publishing AG, part of Springer Nature (2018). Online ISBN 978-3-319-89578-9. Print ISBN 978-3-319-89577-2 Conference proceedings: 51-55.

D. Autorstwo/redakcja monografii; autorstwo rozdziału w monografii

Lp.	Autor/autorzy	Tytuł/rok/tom/strony
1.	Masajada K., Augustyniak A., Perlikowski D., Ratajczak D., Zwierzykowski W., Pawłowicz I., Kosmala A.	Physiological indicators of tolerance to soil water deficit in <i>Lolium multiflorum</i> / <i>Festuca arundinacea</i> introgression forms. In: G. Brazauskas, K. Janovičienė, G. Statkevičiūtė (eds.), <i>Breeding Grasses and Protein Crops in the Era of Genomics</i> . Springer International Publishing AG, Cham, Switzerland, pp. 176–180. DOI: 10.1007/978-3-319-89578-9_32.
2.	Ćwiek-Kupczyńska H.	Striving for semantics of plant phenotyping data. W: <i>Semantics, Analytics, Visualization</i> (González-Beltrán A., Osborne F., Peroni S., Vahdati S., eds). Lecture Notes in Computer Science, vol 10959. Springer, Cham. DOI: https://doi.org/10.1007/978-3-030-01379-01_12 .
3.	Ogrodowicz P., Surma M., Adamski T., Kaczmarek Z., Świącicki W.K., Stopyra P., Kuczyńska A., Krystkowiak K., Mikołajczak K.	Effects of temperature on growth during <i>in vitro</i> embryo culture of field bean (<i>Vicia faba</i> var. <i>minor</i> L.). W: <i>Breeding Grasses and Protein Crops in the Era of Genomics</i> (Brazauskas G., Statkevičiūtė G., Jonavičienė K., red.) Springer, Cham, ISBN 978-3-319-89577-2, str. 51–55.
4.	Bakro F., Wielgus K., Bunalski M., Jędrzycka M.	An overview of pathogen and insect threats to fibre and oilseed hemp (<i>Cannabis sativa</i> L.) and methods for their biocontrol. <i>Integrated Control in Oilseed Crops IOBC-WPRS Bulletin</i> 136: 9-20.
5.	Błaszczak L., Basińska-Barczak A., Kosmala A., Marczak Ł.R., Sawikowska A., Witaszak N.	Effects of the association of wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.) roots with <i>Trichoderma</i> species exhibiting different lifestyles. W: <i>Opportunism and conversations with the environment. TG2018: Proceedings of the 15th International Trichoderma & Gliocladium Workshop</i> . Eds: R. Hermosa, M.B. Rubio and E. Monte. University of Salamanca, 2018, Salamanca, Spain. ISBN: 978-84-09-02624-1, str. 54.

7.	Basińska-Barczak A., Blaszczyk L.	Changes at cellular level in roots of wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.) after interaction with two different strains of <i>Trichoderma</i> . W: Opportunism and conversations with the environment. TG2018: Proceedings of the 15th International <i>Trichoderma</i> & <i>Gliocladium</i> Workshop. Eds: R. Hermosa, M.B. Rubio and E. Monte. University of Salamanca, 2018, Salamanca, Spain. ISBN: 978-84-09-02624-1, str. 61.
8.	Ramzi N., Kaczmarek J., Jędryczka M.	Identification of clubroot resistance sources from world gene bank accessions. Integrated Control in Oilseed Crops IOBC-WPRS Bulletin 136: 144–147.
9.	Susana S. Araújo, Carolina Gomes, J.A.P. Paiva , Alma Balestrazzi, and Anca Macovei	MicroRNAs: Emerging Roles in Abiotic Stresses and Metabolic Processes. In Metabolic Adaptations in Plants During Abiotic Stress Akula Ramakrishna, Sarvajeet Singh Gill, ed. CRC Press ISBN 9781138056381 - CAT# K33263, pad 251–266.

ANEKS NR 1 DO SPRAWOZDANIA

**DONIESIENIA NA KONFERENCJACH KRAJOWYCH
I MIĘDZYNARODOWYCH**

Doniesienia na konferencjach krajowych

1. **Basińska-Barczak A., Błaszczyk L.** Zmiany w korzeniu pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) w wyniku inokulacji grzybami *Trichoderma*, II Ogólnopolskie Sympozjum Nauk Przyrodniczo – Rolniczych, 7–8 kwietnia 2018 r., Poznań, str. 15, (referat).
2. **Franklin G.** Plant recalcitrance against Agrobacterium mediated transformation – present status and future perspectives, XV Ogólnopolska Konferencja Kultur In Vitro i Biotechnologii Roślin, 17–20 września 2018 r., Rogów. (udział w dyskusji).
3. **Franklin G.** Plant recalcitrance against Agrobacterium mediated transformation – present status and future perspectives, XV Ogólnopolska Konferencja Kultur In Vitro i Biotechnologii Roślin, 17–20 września 2018 r., Rogów. (wystąpienie ustne).
4. **Górny A.G, Ratajczak D, Gawłowska M., Święcicki W.K.** Ocena zmienności i selekcja dawców fizjologicznej efektywności i tolerancji stresu w krajowej kolekcji grochu. Variation estimation and donors selection of physiological effectiveness and stress tolerance in the domestic *Pisum* collection. Konferencja naukowa „Charakterystyka zasobów genowych dla hodowli roślin”, 18–21 września 2018 r., Karpacz. Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin nr 283/2018. s. 111–112. (plakat).
5. **Irzykowski W., Marzec-Schmidt K., Ramzi N., Jędrzycka M.** (2018). Mikrobiom glebowy towarzyszący *Plasmodiophora brassicae*. III Ogólnopolskie Sympozjum Mikrobiologiczne „Metagenomy różnych środowisk”, Lublin, 28–29 czerwca 2018 r. Streszczenia (referat).
6. **Kaczmarek J., Latunde-Dada A.O., Jędrzycka M.** (2018). Detekcja i identyfikacja molekularna zarodników grzybów chorobotwórczych wobec roślin, przenoszonych w powietrzu. III Ogólnopolskie Sympozjum Mikrobiologiczne „Metagenomy różnych środowisk”, Lublin, 28–29 czerwca 2018. Streszczenia (referat).
7. Niemann J., **Kaczmarek J., Weigt D., Jędrzycka M.** (2018). Introdukcja genów odporności na wybrane choroby rzepaku z dzikich i pokrewnych gatunków rodzaju *Brassica*. Ogólnopolska Konferencja Naukowa „Genetyka, hodowla i biotechnologia roślin – osiągnięcia, wyzwania, perspektywy”, Lublin, 25–27 czerwca 2018, Streszczenia: 25 (referat).
8. **Kempa M., Mikołajczak K., Kuczyńska A., Ogrodowicz P., Kaczmarek Z., Ćwiek-Kupczyńska H., Surma M., Adamski T., Święcicki W.K., Barzyk P, Trzeciak R.** (2018). In vitro culture of white lupin embryos for shortening the generation cycles in the production of homozygous lines by single seed descent technique. XV Ogólnopolska Konferencja Kultur In Vitro i Biotechnologii Roślin. 17–20 września, Rogów, Polska (plakat).
9. **Kruszka D., Selvakesavan R.K., Kachilicki P., Franklin G.** (2018) Impact of metal nanoparticles on the accumulation of secondary metabolites in *Hypericum perforatum* cell suspension cultures, Konferencja Naukowa Metabolomics Circle, 26–28 październik 2018, Toruń, (plakat).
10. **Ślusarkiewicz-Jarzina A., Wojciechowicz M.K., Pudelska H., Kuczyńska A.** Intergeneric

crosses of selected legumes through the *in vitro* ovary culture. XV Overall Polish *in vitro* and Plant Biotechnology Conference, 17–20 September 2018, Rogów; BioTechnologia 2018, 99:275 (plakat).

11. **Mikołajczak K., Błaszczyk L.** (2018). Bioróżnorodność endofitów zasiedlających endosferę i ryzosferę różnych odmian pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.), XVI Konferencja „Biotechnologia: dziś na Uniwersytecie Technologiczno–Przyrodniczym, jutro w regionie kujawsko–pomorskim”, 8 czerwca 2018, Bydgoszcz, str. 40, (poster).
12. **Mikołajczak K., Błaszczyk L.** (2018). Grzyby endofityczne zasiedlające pszenicę zwyczajną (*Triticum aestivum* L.), II Ogólnopolskie Sympozjum Nauk Przyrodniczo–Rolniczych, 7–8 kwietnia 2018, Poznań, str. 32 (referat).
13. **Mikołajczak K., Błaszczyk L.** (2018). Markery filogenetyczne wykorzystywane w identyfikacji gatunkowej grzybów endofitycznych zasiedlających tkanki roślin pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.), I Ogólnopolska Konferencja „Biotechnologia nie jedno ma imię”, 24–25 listopada 2018, Poznań, str. 11 (referat).
14. **Mikołajczak K., Kuczyńska A., Ogrodowicz P., Kaczmarek Z., Ćwiek–Kupczyńska H., Surma S., Adamski T., Święicki W., Barzyk P., Trzeciak R., Kempa M.** The *in vitro* culture of white lupin embryos for the shortening of the generation cycles in the production of homozygous lines by the single seed descent technique. XV Overall Polish *in vitro* and Plant Biotechnology Conference, 17–20 September 2018, Rogów; BioTechnologia 2018, 99:285 (plakat).
15. **Filipiak K., Klein D., Mokrzycka M.** Porównanie algorytmów wyznaczenia estymatorów największej wiarygodności i najmniejszej straty w modelach podwójnie wielowymiarowych, XLIV Konferencja „Statystyka Matematyczna”, 2–7 grudnia 2018, Będlewo, Polska.
16. **Rybiński W., Starzycki M., Starzycka–Korbas E., Bocianowski J.** (2018). Rodzaj *Lathyrus* – ocena i charakterystyka na podstawie wybranych gatunków i obiektów kolekcyjnych. Konferencja Naukowa „Charakterystyka Zasobów Genowych dla Hodowli Roślin”, Karpacz 18 – 21 września 2018, Biuletyn IHAR nr 283/2018, Referaty, str. 63–64.
17. **Sobańska K., Cerazy-Waliszewska J., Ślusarkiewicz-Jarzina A., Ponitka A., Jeżowski S., Pniewski T.** Biolistic transformation of *Miscanthus sinensis* and *Miscanthus* × *giganteus*. XV Overall Polish *in vitro* and Plant Biotechnology Conference, 17–20 September 2018, Rogów; BioTechnologia 2018, 99:235.
18. **Święicki W., Kaczmarek Z., Kroc M., Rybiński W., Wilczura P.** 2108. Charakterystyka zmienności w kolekcji rodzaju *Pisum* i *Lupinus* – wybrane wyniki. Konferencja Naukowa „Charakterystyka Zasobów Genowych dla Hodowli Roślin”, Karpacz 18–21 września 2018, Biuletyn IHAR nr 283/2018, str. 61–62 (referaty)
19. **Święicki W., Nawrot Cz.** 2018. Groch mniej znany – zmienność monogeniczna w kolekcji. Konferencja Naukowa „Charakterystyka Zasobów Genowych dla Hodowli Roślin”, Karpacz, 18–21 września 2018, Biuletyn IHAR nr 283/2018, Referaty s. 109–110.
20. **Witaszak N.,** Metabolomics Circle, 26–28 października 2018, Toruń, (wystąpienie ustne).

Doniesienia na konferencjach międzynarodowych

1. **Augustyniak A., Pawłowicz I., Perlikowski D., Masajada K., Kosmala A.** (2018). Key components of plant leaf metabolism associated with the tolerance to low temperature in *Lolium multiflorum/Festuca arundinacea* introgression forms. The Integrative Plant Biology Conference, 7–9 listopada 2018 r., Poznań, s. 14.
2. **Augustyniak A., Perlikowski D., Masajada K., Pawłowicz I., Kosmala A.** (2018). Expression of *cor* genes in *Lolium multiflorum/Festuca arundinacea* introgression forms under cold acclimation conditions. 11th International Conference *Plant Functioning Under Environmental Stress*, 12–15 września 2018 r., Kraków, s. 99–100.
3. **Bakro F., Wielgusz K., Bunalski M., Jędryczka M.**: An overview of pathogen and insect threats to fibre and oilseed hemp (*Cannabis sativa* L.) and methods for their biocontrol. 17th meeting of the Working Group on 'Integrated Control in Oilseed Crops', 18–20 September 2018 r., Zagreb, Croatia. Book of abstracts: 9–20 (*referat*).
4. **Bakro F., Wielgusz K., Gaj R., Wilk R., Jędryczka M.**: Chemical composition of hemp plants changes dramatically with soil fertilization. Integrative Plant Biology IPG PAS Meeting, 7–9 November 2018 r., Poznań. Abstracts:15 (*poster*).
5. **Basińska-Barczak A., Błaszczuk L.**: Zmiany w korzeniu pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) w wyniku inokulacji grzybami *Trichoderma*, II Ogólnopolskie Sympozjum Nauk Przyrodniczo – Rolniczych, 7–8 kwietnia 2018 r., Poznań, str. 15 (*referat*).
6. **Basińska-Barczak A., Błaszczuk L.**: 15th International *Trichoderma* and *Gliocladium* Workshop, 10–13 czerwca 2018 r., Salamanca, Hiszpania (*plakat, referat*).
7. **Basińska-Barczak A., Błaszczuk L.**: Changes at cellular level in roots of wheat (*Triticum aestivum* L.) after interaction with two different strains of *Trichoderma*. 15th International *Trichoderma* and *Gliocladium* Workshop, 10–13 czerwca 2018 r., Salamanca, Hiszpania (*poster*).
8. **Błaszczuk L., Basińska-Barczak A., Kosmala A., Marczak Ł., Perlikowski D., Sawikowska A., Witaszak N.** (2018). Reaction of wheat *Triticum aestivum* L.) to *Trichoderma* spp. root colonization. The Integrative Plant Biology Conference, 7–9 listopada 2018 r., Poznań, s. 35.
9. **Błaszczuk L., Basińska-Barczak A., Kosmala A., Marczak Ł., Sawikowska A., Witaszak N.** Effects of the association of wheat (*Triticum aestivum* L.) roots with *Trichoderma* species exhibiting different lifestyles. Opportunism and conversations with the environment. TG2018: Proceedings of the 15th International *Trichoderma* & *Gliocladium* Workshop. In: R. Hermosa, M.B. Rubio and E. Monte (eds.). University of Salamanca, Spain, 2018 r. ISBN: 978–84–09–02624–1, s. 2–3 (*doniesienie ustne*).
10. **Błaszczuk L., Basińska-Barczak A., Kosmala A., Marczak Ł.R., Perlikowski D., Sawikowska A., Witaszak N.**: Reaction of wheat (*Triticum aestivum* L.) to *Trichoderma* spp. root colonization. Integrative Plant Biology Conference IPG PAS, 7–9 listopada 2018 r., Poznań, str. 35 (*poster*).
11. **Błaszczuk L., Basińska-Barczak A., Kosmala A., Marczak Ł.R., Sawikowska A., Witaszak N.**: Effects of the association of wheat (*Triticum aestivum* L.) roots with *Trichoderma* species exhibiting different lifestyles. 15th International *Trichoderma* and *Gliocladium* Workshop, 10–13 czerwca 2018 r., Salamanca, Hiszpania, str. 54 (*referat*).

12. **Blicharz S.**, **Beemster G.**, **Malinowski R.** Phloem-mediated sugar redistribution is a vital component of drought response in pea. Gordon Research Conference (GRC) on Salinity and Waters Stress in Plants, Abiotic Stress and the Future of Agriculture, 03.06–08.06.2018 r., Waterville Valley, NH, US (*poster*).
13. **Blicharz S.**, **Beemster G.**, **Malinowski R.** Phloem-mediated sugar redistribution is a vital component of drought response in pea. Integrative Plant Biology IPG PAS Conference, 07.11–09.11.2018 r., Poznań (*poster*).
14. Brachaczek A., **Kaczmarek J.**, **Jędrzycka M.**: Impact of mepiquat chloride on root development system in oilseed rape. 17th meeting of the Working Group on ‘Integrated Control in Oilseed Crops’, 18–20 September 2018 r., Zagreb, Croatia. Book of abstracts: 166–168, (*referat*).
15. **Ćwiek-Kupczyńska H.**, **Krajewski P.**, Filipiak K., Markiewicz A. Estimation of parameters under the mixed effects extended growth curve model. International Conference of Trends and Perspectives in Linear Statistical Inference LINSTAT 2018, 20–24 sierpnia 2018, Będlewo, Polska.
16. **Ćwiek-Kupczyńska H.**, **Mokrzycka M.**, **Sawikowska A.**, **Krajewski P.** Integrating experimental data for integrative plant biology. The Integrative Plant Biology Conference, 7–9 listopada 2018, Poznań, Polska.
17. **Ćwiek-Kupczyńska H.**, PhenoHarmonIS workshop, 14–18 maja 2018 r., Montpellier, Francja (*doniesienie ustne*).
18. **Ćwiek-Kupczyńska H.**, The Integrative Plant Biology Conference, 7–9 listopada 2018 r., Poznań, Polska (*doniesienie ustne*).
19. **Ćwiek-Kupczyńska H.**, The Web Conference, 23–27 kwietnia 2018 r., Lyon, Francja (*doniesienie ustne*).
20. **Czarnecka J.**, **Kielbowicz-Matuk A.**, Rorat T. (2018). Transcription factor StZPR1 participates in the reproductive development of *Solanum tuberosum*. 6th Plant Genomics & Gene Editing Congress, 14–15 maja 2018 r., Rotterdam, Holandia, s. 10.
21. **Czepiel K.**, **Kroc M.**, **Koczyk G.**, **Święcicki W.** “Identification of genes involved in resistance to fusarium wilt in yellow lupin (*Lupinus luteus* L.)” „Integrative plant biology conference, IPG PAS, 7–9 listopada 2018 r., Poznań, Abstract book, s. 16. *Plakat*
22. **Dutkiewicz Z.**, **Kawaliło M.**, **Koczyk G.** (2018) Phylogenomic roadmapping of accessory enzymes untangles the complex relationships in secondary metabolism of fungal plant partners and pathogens Integrative Plant Biology Conference, Poznań, 7–9 listopada 2018 r. Abstrakty: s. 20 (*plakat*).
23. **Dutkiewicz Z.**, **Urbaniak M.**, **Stępień Ł.**, **Koczyk G.** (2018) Insight by proxy – investigating the evolutionary history of beauvericin biosynthesis through ketoisovalerate reductase accessory gene. 14th European Conference on Fungal Genetics, Hajfa, Izrael, 25–28 luty 2018 r. Abstrakty: s. 289 (*plakat*).
24. **Fidler J.**, **Różańska J.**, **Babula-Skowrońska D.** (2018). Expression profiling of hb6-like genes during development and in the response to abiotic stresses in oilseed rape (*Brassica napus* L.). The Integrative Plant Biology Conference, 7–9 listopada 2018 r., Poznań, s. 67.
25. Filipiak K., Klein D., Markiewicz A., **Mokrzycka M.** Regularization of covariance matrix under the doubly multivariate model via entropy loss function, International Conference on

Trends and Perspectives in Linear Statistical Inference, LinStat'2018, 20–24 sierpnia 2018 r., Będlewo, Polska

26. Filipiak K., Klein D., **Mokrzycka M.** Estimators comparison of separable covariance structure with one component as compound symmetry matrix, *Multivariate and Mixed Linear Models*, 11–16 listopada 2018 r., Będlewo, Polska
27. **Gawłowska M.**, Durska A., **Święcicki W.**, Boros L., Wawer A. (2018). Identification of genes differentially expressed in resistance reaction to *Didymella pinodes* in *Pisum sativum* L. field experiment. 6th Plant Genomics & Gene Editing Congress and Partnerships in Biocontrol, Biostimulants & Microbiome: Europe. Rotterdam, Holandia, 14–15 maja 2018 r., <http://www.globalengage.co.uk/posters/pgc18.pdf>, p.3 (*plakat*).
28. **Gawłowska M.**, Górny A., **Ratajczak D.**, Niewiadomska A., **Święcicki W.**, **Beczek K.**, **Kroc M.**, **Knopkiewicz M.** (2018). The assignment of nitrogen utilization efficiency QTL in the mapping populations of field pea (*Pisum sativum* L.). 4th International Conference, 12–13 lipca 2018 r., Wiedeń, Austria, Abstract Book, s. 36 (*plakat*).
29. **Gawłowska M.**, **Święcicki W.**, Lahuta L., Pluskota W., Boros L., Wawer A. (2018) Poprawa wartości użytkowej grochu (*Pisum sativum* L.), łubinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.) oraz łubinu białego (*L. albus* L.) poprzez obniżenie w nasionach zawartości anty-żywniowych oligosacharydów rodziny rafinozy oraz obniżenie podatności grochu na askochytozę. Konferencja szkoleniowa obszaru 2 „Nowe metody i techniki dla ulepszenia wartości odmian roślin strączkowych” w ramach Programu Wieloletniego "Zwiększenie wykorzystania krajowego białka paszowego dla produkcji wysokiej, jakości produktów zwierzęcych w warunkach zrównoważonego rozwoju" 15–16 listopada 2018 r., Olandia, Prusim Kwilcz, Abstract Book, s. 1 (*doniesienie ustne*).
30. **Gawłowska M.**, **Święcicki W.**, Lahuta L., Pluskota W., Spychała J., Błaszczuk Sz. (2018). Identification of genes differentially expressed in high and low oligosaccharide cultivars of *Pisum sativum* L. in field experiment. Integrative Plant Biology Conference, IPG PAS 7–9 października 2019 r., Poznań. Abstract Book, 68 (*plakat*).
31. **Gomes C.**, “Plant Biology Europe 2018”, 18–21 czerwiec, Kopenhaga, Dania, *plakat*
32. **Góral T.**, **Wiśniewska H.**, **Ochodzki P.**, **Walentyn-Góral D.**, **Majka M.**, **Grzeszczak I.**; Fusarium head blight and *Fusarium* toxins accumulation in grain of winter wheat breeding lines inoculated with *Fusarium culmorum*. EUCARPIA cereal section meeting: “Breeding cereals for sustainable agriculture” (Clermont–Ferrand, Francja, 19–21.03.2018 r.) (*doniesienie ustne*).
33. **Górny A.G.**, **Ratajczak D.**, **Gawłowska M.**, **Święcicki W. K.** (2018) Ocena zmienności i selekcja dawców fizjologicznej efektywności i tolerancji stresu w krajowej kolekcji grochu. Variation estimation and donors selection of physiological effectiveness and stress tolerance in the domestic *Pisum* collection. Konferencja naukowa „Charakterystyka zasobów genowych dla hodowli roślin”, 18–21 września 2018, Karpacz. Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin nr 283/2018. s. 111–112 (*plakat*).
34. Grinn–Gofroń A., **Kaczmarek J.**, Sadyś M., Strzelczak A., Rodinkova V., Prikhodko A., **Jędryczka M.**: Modern tools for tracking of fungal spore transport in air masses, using

Leptosphaeria spp. as an example. Konferencja Naukowo–Szkoleniowa XIV Dni Alergii Pyłkowej. 18–19 maja 2018 r., Kraków. Biodiv. Res. Conserv. Supplement 3: 29–30 (referat).

35. Hasterok R., Lusinska J., **Majka J.**, Betekhtin A., **Susek K.**, Wolny E. (2018). Identifying chromosomes and reconstructing their evolutionary rearrangements in *Brachypodium* using comparative chromosome barcoding. The 6th Asia–Pacific Chromosome Colloquium, 04–05 lipca 2018, Canberra, Australia, GSA2018_APCC6332 (doniesienie ustne).
36. **Irzykowski W.**, Marzec–Schmidt K., **Ramzi N.**, **Jędrzycka M.**: Mikrobiom glebowy towarzyszący *Plasmodiophora brassicae*. III Ogólnopolskie Sympozjum Mikrobiologiczne „Metagenomy różnych środowisk”, Lublin, 28–29 czerwca 2018 r.. *Streszczenia (referat)*.
37. **Jędrzycka M.**, **Kaczmarek J.**, **Irzykowski W.**, **Serbiak P.**: Integration of DNA–based diagnostics with air samplers in a country–wide sampling network for plant disease forecasting. International Congress of Plant Pathology “Plant health in a global economy”, 29 July–3 August 2018 r. Boston, USA. *Phytopathology* 108:10S, S1.306.
38. **Jędrzycka M.**, **Kaczmarek J.**, **Piasecka A.**, **Ramzi N.**, **Stępień Ł.**, **Urbaniak M.**: Integrative Plant Biology IPG PAS Meeting, 7–9 November 2018 r., Poznań, (plakaty).
39. **Jędrzycka M.**, Korbas M., Czubatka A., Marzec–Schmidt K., Nieróbca A., **Kaczmarek J.**, Jajor E., **Ramzi N.**, **Irzykowski W.**: Occurrence of *Plasmodiophora brassicae* in agricultural soils, pathotype variation and means of clubroot control in Poland. International Clubroot Workshop, 7–9 August 2018 r., Edmonton, Canada. Book of abstracts, (referat).
40. **Jędrzycka M.**, **Ramzi N.**, **Kaczmarek J.**, Burzyński A.: Coming closer: comparing the precision of *Plasmodiophora brassicae* detection in soils. 21st Brassica Genetics Conference, 1–4 July 2018 r., St. Malo, France. Abstracts: 88 (poster).
41. **Jędrzycka M.**: The occurrence, severity and pathotypes of *Plasmodiophora brassicae* on WOSR in Poland. International Clubroot Workshop ”Clubroot disease in oilseed rape – status quo and research demand” JKI/UFOP, 15–16 January 2018 r., Berlin, Germany, referat
42. **Kaczmarek J.**, Borycka K., Żuraw B., Karolewski Z., **Jędrzycka M.**: Concentration of ascospores of *Leptosphaeria maculans* and *L. biglobosa* in Poland in autumn 2015–2017. Konferencja Naukowo–Szkoleniowa XIV Dni Alergii Pyłkowej. 18–19 maja 2018 r., Kraków. Biodiv. Res. Conserv. Supplement 3:28–29.
43. **Kaczmarek J.**, Brachaczek A., **Jędrzycka M.**: Mepiquat chloride enhances root system, chlorophyll fluorescence and gas exchange efficiency in oilseed rape. Integrative Plant Biology IPG PAS Meeting, 7–9 November 2018 r., Poznań. Abstracts: 38 (poster).
44. **Kaczmarek J.**, Burzyński A., **Jędrzycka M.** Loop–mediated Isothermal Amplification is a useful molecular tool for studying the composition of *Leptosphaeria* spp. populations that cause stem canker of oilseed rape. Integrative Plant Biology IPG PAS Meeting, 7–9 November 2018 r., Poznań. Abstracts: 71 (poster).
45. **Kaczmarek J.**, Górniak K., **Irzykowski W.**, Havis N., **Jędrzycka M.**: Molecular detection of *Ramularia collo-cygni* – the endophyte and pathogen of grasses. Konferencja Naukowo–Szkoleniowa XIV Dni Alergii Pyłkowej. 18–19 maja 2018 r., Kraków. Biodiv. Res. Conserv. Supplement 3: 30–31 (referat).
46. **Kaczmarek J.**, Latunde–Dada A.O., **Jędrzycka M.**: Detekcja i identyfikacja molekularna zarodników grzybów chorobotwórczych wobec roślin, przenoszonych w powietrzu. III

Ogólnopolskie Sympozjum Mikrobiologiczne „Metagenomy różnych środowisk”, Lublin, 28–29 czerwca 2018 r. Streszczenia (referat).

47. **Kaczmarek J.**, Niemann J., Weigt D., Jedryczka M.: Screening and identification of resistance to stem canker (*Leptosphaeria* spp.) and downy mildew (*Hyaloperonospora brassicae*) in *Brassica* hybrids. 17th meeting of the Working Group on ‘Integrated Control in Oilseed Crops’, 18–20 September 2018 r., Zagreb, Croatia. Book of abstracts: 176–179 (referat).
48. **Kempa M.**, **Mikołajczak K.**, **Kuczyńska A.**, **Ogrodowicz P.**, **Kaczmarek Z.**, **Ćwiek-Kupczyńska H.**, **Surma M.**, **Adamski T.**, **Święcicki W.K.**, **Barzyk P.**, **Trzeciak R.** In vitro culture of white lupin embryos for shortening the generation cycles in the production of homozygous lines by single seed descent technique. XV Ogólnopolska Konferencja Kultur In Vitro i Biotechnologii Roślin. 17–20 września 2018 r., Rogów, Polska (plakat).
49. **Koczyk G.**, Popiel D, Dawidziuk A, Wojciechowicz B, Socha M, Olech E, Sowińska-Seidler A, Jamsheer A.: Adopting hybridisation-based enrichment in molecular diagnostics of complex disorders via next-generation ion semiconductor sequencing. European Human Genetics Conference, Mediolan, Włochy, 16–19 czerwca 2018 r.. Abstrakty: P14.061A (plakat).
50. **Koczyk G.**, **Sawikowska A.**, **Mokrzycka M.**, **Nuc M.**, **Kawaliło M.**, The Integrative Plant Biology Conference, 7–9 listopada 2018, Poznań, Polska (plakaty).
51. **Koczyk G.**, **Urbaniak M.**, Dawidziuk A, Popiel D.: Large-scale phylogenomic roadmapping – sources of diversity in factors of resistance to fungicidal substances. 14th European Conference on Fungal Genetics, Hajfa, Izrael, 25–28 luty 2018 r.. Abstrakty: s. 340 (plakat).
52. **Kosmala A.**, **Perlikowski D.**, **Augustyniak A.**, **Masajada K.**, **Majka J.**, **Pawłowicz I.**, **Zwierzykowski W.**, **Zwierzykowski Z.**: Dissection of abiotic stress tolerance in forage grasses of *Lolium-Festuca* complex. 11th International Conference *Plant Functioning Under Environmental Stress*, 12–15 września 2018 r., Kraków, s. 44.
53. **Krajewski P.** In search of biomarkers and the ideotype of barley tolerant to water scarcity. The Integrative Plant Biology Conference, 7–9 listopada 2018 r., Poznań, Polska. (referat zaproszony).
54. **Krajewski P.**, **Surma M.**, **Kachlicki P.** POLAPGEN-BD, a project on biotechnology for breeding cereals with increased resistance to drought: main results and their integration. Eucarpia Section “Biometrics in Plant Breeding”, 3–5 września 2018 r., Gandawa, Belgia.
55. **Krajewski P.** The MIAPPE standard implementation. WhetaIS Annual Meeting, 12 stycznia 2018 r., San Diego, USA.
56. **Krajewski P.**, **Ćwiek-Kupczyńska H.**, EPPN2020 Project Meeting, 23–25 maja 2018 r., Nottingham, Wlk. Brytania (doniesienie ustne).
57. **Krajewski P.**, **Ćwiek-Kupczyńska H.**, Interest Group on Agricultural Data (IGAD) Pre-Meeting, RDA 11 Plenary Meeting, 19–20 marca 2018 r., Berlin, Niemcy (doniesienie ustne).
58. **Krajewski P.**, **Mokrzycka M.**, **M. Nuc**, XLVIII Międzynarodowe Colloquium Biometryczne, 10–13 września 2018 r., Szamotuły, Polska (doniesienie ustne).

59. **Krajewski P.**, The Integrative Plant Biology Conference, 7–9 listopada 2018 r., Poznań, Polska (*doniesienie ustne*).
60. **Kroc M., Czepiel K., Koczyk G., Święcicki W.** (2018). *Lupinus albus* and *Lupinus luteus* transcriptome sequencing, towards identification of genes involved in quinolizidine alkaloid biosynthesis. 6th Plant Genomics & Gene Editing Congress and Partnerships in Biocontrol, Biostimulants & Microbiome: Europe. 14–15 maja 2018 r., Rotterdam, Holandia, Abstract book s. 38 (*plakat*).
61. **Kroc M., Koczyk G., Kamel A.K., Czepiel K., Fedorowicz–Strońska O., Krajewski P., Kosińska J., Podkowiński J., Wilczura P., Święcicki W.** (2018). Candidate genes involved in quinolizidine alkaloid biosynthesis in narrow-leafed lupin (*Lupinus angustifolius* L.). “Plant Genetics & Breeding Technologies”, 4th International Conference, 12–13 lipca 2018 r., Wiedeń, Austria, Abstract Book s. 26 (*doniesienie ustne*).
62. **Kroc M., Święcicki W., Czepiel K., Wilczura P.** (2018) Identyfikacja genów warunkujących zawartość alkaloidów oraz zawiązywanie i utrzymywanie organów generatywnych u łubinów. Konferencja szkoleniowa obszaru 2 „Nowe metody i techniki dla ulepszenia wartości odmian roślin strączkowych” w ramach Programu Wieloletniego “Zwiększenie wykorzystania krajowego białka paszowego dla produkcji wysokiej jakości produktów zwierzęcych w warunkach zrównoważonego rozwoju” 15–16 listopada 2018 r., Olandia, Prusim Kwilcz, Abstract Book. s. 3 (*doniesienie ustne*).
63. **Kuczyńska A.** – International Plant and Algal Phenomics meeting 2018 r., Praga, Czechy, 26–29 sierpnia 2018 r. (*doniesienie ustne*).
64. Łacna K, Białek-Prościńska A, Przyborska M, Muszyński J, Matuszewska K, Badziąg-Leśniak N, Glazar R, Stawicka-Nielacna M, **Koczyk G**, Dawidziuk A, Popiel D, Piechota M, Jamsheer A. (2018) Screening of Polish patients for novel BRCA1/2 mutations as underlying factors of ovarian/breast cancer. European Human Genetics Conference, Mediolan, Włochy, 16–19 czerwca 2018 r. Abstrakty: E–P12.17 (*plakat*).
65. **Lalak-Kańczugowska J., Gil J., Stępień Ł., Palmero D.** Pathogenicity and phylogenetic study of *Fusarium proliferatum* isolated from six different plant species. XIX Congreso de la Sociedad Española de Fitopatología. 8–10 października 2018 r., Toledo, Hiszpania, s. 295 (*poster*).
66. **Lalak-Kańczugowska J., Stępień Ł., Witaszak N., Waśkiewicz A.** Expression profiling of stress-related genes in phytopathogenic *Fusarium proliferatum* under biotic stress conditions. XIX Congress of the Spanish Society of Phytopathology (SEF), 8–10 października 2018 r., Toledo, Hiszpania, s. 296 (*poster*).
67. **Lalak-Kańczugowska J., Stępień Ł.:** 14th European *Fusarium* Seminar, 8–11 kwietnia 2018 r., Tulln, Austria, współautorstwo wystąpienia (*plakat*).
68. **Lalak-Kańczugowska J., Witaszak N., Waśkiewicz A., Stępień Ł.** Changes of *ENA-1* gene expression in plant pathogen *Fusarium proliferatum* exposed to host plant extracts. The Integrative Plant Biology Conference, IPG PAS, 7–9 listopada 2018 r., Poznań, s. 40 (*poster*).
69. **Lalak-Kańczugowska J., Witaszak N., Waśkiewicz A., Stępień Ł.** How do abiotic factors influence growth, fumonisin biosynthesis and stress response in *Fusarium proliferatum*? 14th European *Fusarium* Seminar, 8–11 kwietnia 2018 r., Tulln, Austria, s. 44

70. **Lalak-Kańczugowska J.**: XIX Congress of the Spanish Society of Phytopathology (SEF), 8–10 października 2018 r., Toledo, Hiszpania (*plakaty*).
71. Latunde–Dada A.O., **Kaczmarek J.**, Stonard J.F., Karolewski Z., Fitt B.D.L., **Jedryczka M.**: Reflections and projections on a decade of aerobiological studies on British and Polish phoma stem canker disease of oilseed rape caused by *Leptosphaeria maculans*. Konferencja Naukowo–Szkoleniowa XIV Dni Alergii Pyłkowej. 18–19 maja 2018 r., Kraków. Biodiv. Res. Conserv. Supplement 3: 27–28 (*referat*).
72. **Majka J., Jedryczka M.**, Fluorescent in situ hybridization (FISH) with 5S and 35S rDNA sequences differentially marks chromosomes of *Brassica*. The Integrative Plant Biology Conference, 7–9 listopada 2018 r., Poznań, s. 23.
73. **Majka J., Jedryczka M.**: Fluorescent *in Situ* Hybridization (FISH) with 5S and 35S rDNA sequences differentially marks chromosomes of *Brassica*. Integrative Plant Biology IPG PAS Meeting, 7–9 November 2018 r., Poznań. Abstracts: 23 (*poster*).
74. **Majka J., Kielbowicz-Matuk A., Kopecký D., Książczyk T., Majka M., Zwierzykowski Z., Kosmala A.** (2018). Cytogenetic insight into the karyotypes of *Festuca pratensis* and *F. pratensis* × *Lolium perenne* hybrids. The Integrative Plant Biology Conference, 7–9 listopada 2018 r., Poznań, s. 73.
75. **Majka M.**, Serfling A., Czembor P., Ślusarkiewicz–Jarzina A., Kwiatek M., Ordon F., **Wiśniewska H.**, Resistance of (*Ae. tauschii* × *S. cereale*) × *Triticosecale* hybrids to leaf rust (*Puccinia triticina*), Proceedings of 4th Edition of International Conference on Plant Genomics, Journal of Plant Physiology & Pathology, ISSN: 2329–955X. doi: 10.4172/2329–955X–C1–014 (*doniesienie ustne*).
76. **Masajada K., Perlikowski D., Pawłowicz I., Kosmala A.** (2018). The expression of genes coding the crucial enzymes of the Calvin cycle under water deficit and further rewatering in the *Lolium–Festuca* species and hybrids. 11th International Conference *Plant Functioning Under Environmental Stress*, 12–15 września 2018 r., Kraków, s. 84.
77. Mieldzioc A., **Mokrzycka M., Sawikowska A.** Estimation of the covariance matrix for metabolomic data – part II. Multivariate and mixed linear models, 19–23 marca 2018 r., Będlewo, Polska
78. **Mikołajczak K., Błaszczak L.**: Bioróżnorodność endofitów zasiedlających endosferę i ryzosferę różnych odmian pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.), XVI Konferencja „Biotechnologia: dziś na Uniwersytecie Technologiczno–Przyrodniczym, jutro w regionie kujawsko–pomorskim”, 8 czerwca 2018 r., Bydgoszcz, str. 40 (*poster*).
79. **Mikołajczak K., Błaszczak L.**: Grzyby endofityczne zasiedlające pszenicę zwyczajną (*Triticum aestivum* L.), II Ogólnopolskie Sympozjum Nauk Przyrodniczo–Rolniczych, 7–8 kwietnia 2018 r., Poznań, str. 32 (*referat*).
80. **Mikołajczak K., Błaszczak L.**: Markery filogenetyczne wykorzystywane w identyfikacji gatunkowej grzybów endofitycznych zasiedlających tkanki roślin pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.), I Ogólnopolska Konferencja „Biotechnologia nie jedno ma imię”, 24–25 listopada 2018, Poznań, str. 11 (*referat*).
81. **Mokrzycka M., Ćwiek-Kupczyńska H., Krajewski P.**, “Annotation and formatting of molecular marker data in plants”, Eucarpia Section “Biometrics in Plant Breeding”, 3–5 września 2018 r., Gandawa, Belgia (*plakat*).
82. Niemann J., **Kaczmarek J., Jedryczka M.**: (Introduction of Phoma stem canker resistance

to rapeseed through interspecific hybridization. Integrative Plant Biology IPG PAS Meeting, 7–9 November 2018 r., Poznań. Abstracts: 43 (*poster*).

83. Niemann J., **Kaczmarek J.**, **Jędrzycka M.**: Introduction of clubroot resistance to rapeseed through interspecific hybridization. 17th meeting of the Working Group on 'Integrated Control in Oilseed Crops', 18–20 September 2018 r., Zagreb, Croatia. Book of abstracts: 148–150 (*referat*).
84. Niemann J., **Kaczmarek J.**, Weigt D., **Jędrzycka M.**: Introdukcja genów odporności na wybrane choroby rzepaku z dzikich i pokrewnych gatunków rodzaju *Brassica*. Ogólnopolska Konferencja Naukowa „Genetyka, hodowla i biotechnologia roślin – osiągnięcia, wyzwania, perspektywy”, Lublin, 25–27 czerwca 2018 r., Streszczenia: 25 (*referat*).
85. Niemann J., **Majka J.**, Weigt D. (2018). Verification of genomic constitution of *Brassica* hybrids using GISH technique. Oilseeds Plants – Advances in Genetics, Breeding, Technology and Lipid Analysis, 10–11 kwietnia 2018 r., Poznań.
86. **Nuc M.**, **Krajewski P.** Genomic DNA k-mers: basic notions and applications. XLVIII Międzynarodowe Colloquium Biometryczne, 9–13 września 2018 r., Szamotuły, Polska.
87. **Paiva J.**, 7th International Food Legume Research Conference (IFLRC–VII), 2nd to 9th May 2018 r., Marrakech, Morocco (*plakat*).
88. **Pawłowicz I.**, Waśkiewicz A., **Perlikowski D.**, Rapacz M., **Ratajczak D.**, **Kosmala A.** Involvement of chloroplastic proteins in the process of acclimation to salinity in *Festuca arundinacea*. 11th International Conference *Plant Functioning Under Environmental Stress*, 12–15 września 2018 r., Kraków, s. 140.
89. **Perlikowski D.**, **Augustyniak A.**, **Masajada K.**, **Pawłowicz I.**, Skiryicz A., Soja A.M., Michaelis A., Wolter G., **Kosmala A.**: The performance of root system under water deficit in *Festuca arundinacea* genotypes distinct in the levels of drought resistance. The Integrative Plant Biology Conference, 7–9 listopada 2018 r., Poznań, s. 13 (*doniesienie ustne*).
90. **Plewiński P.**, **Książkiewicz M.**, **Rychel S.**, **Bielski W.**, **Tomaszewska M.** (2018). Cecha wczesności kwitnienia u łubinu białego i łubinu żółtego – podstawy genetyczne i molekularne. Konferencja szkoleniowa obszaru 2 „Nowe metody i techniki dla ulepszenia wartości odmian roślin strączkowych” w ramach Programu Wieloletniego "Zwiększenie wykorzystania krajowego białka paszowego dla produkcji wysokiej jakości produktów zwierzęcych w warunkach zrównoważonego rozwoju" 15–16 listopada 2018 r., Olandia, Prusim Kwilcz. abstrakty (forma elektroniczna), prezentacja nr 8 (*doniesienie ustne*).
91. **Plewiński P.**, **Książkiewicz M.**, **Krajewski P.**, **Rychel S.**, **Bielski W.**, **Rudy E.**, **Tomaszewska M.**, **Naganowska B.**, **Wolko B.** (2018). Massive analysis of 3' cDNA ends (MACE) and quantitative trait loci mapping provides candidate genes conferring main agronomical traits in narrow-leafed lupin (*Lupinus angustifolius* L.). The Integrative Plant Biology Conference, IPG PAS – Poznań, 7–9 listopada 2018 r., Abstract book, s. 75 (*plakat*).
92. **Pniewski T.**, 12th Vaccine Congress, Budapeszt, Węgry, 16–19 września 2018 r., (*doniesienie ustne*).

93. **Pyrski M.**, Integrative Plant Biology IPG PAS Conference, Poznań, 7–9 listopada 2018 r. (*doniesienie ustne*).
94. **Ramzi N., Jedryczka M.**: The cultivar of *Raphanus sativus* from Kurdistan, Iraq is resistant to several economically important pathotypes of clubroot (*Plasmodiophora brassicae*). Integrative Plant Biology IPG PAS Meeting, 7–9 November 2018 r., Poznań. Abstracts: 48 (*poster*).
95. **Ramzi N., Kaczmarek J., Jedryczka M.**: Identification of clubroot resistance sources from world gene bank accessions. 17th meeting of the Working Group on 'Integrated Control in Oilseed Crops', 18–20 September 2018 r., Zagreb, Croatia. Book of abstracts: 144–147 (*referat*).
96. **Ratajczak D., Gawłowska M., Katańska-Kaczmarek A., Święcicki W., Górny A.G.** (2018). 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. Konferencja szkoleniowa obszaru 2 „Nowe metody i techniki dla ulepszenia wartości odmian roślin strączkowych” w ramach Programu Wieloletniego "Zwiększenie wykorzystania krajowego białka paszowego dla produkcji wysokiej jakości produktów zwierzęcych w warunkach zrównoważonego rozwoju" 15–16 listopada 2018 r., Olandia, Prusim Kwilcz, Abstract Book. s. 9 (*doniesienie ustne*).
97. **Rybiński W.** (2018) Możliwości ulepszenia najważniejszych cech łubinu białego. Konferencja szkoleniowa obszaru 2 „Nowe metody i techniki dla ulepszenia wartości odmian roślin strączkowych” w ramach Programu Wieloletniego "Zwiększenie wykorzystania krajowego białka paszowego dla produkcji wysokiej jakości produktów zwierzęcych w warunkach zrównoważonego rozwoju" 15–16 listopada 2018 r., Olandia, Prusim Kwilcz, Abstract Book. s. 17 (*doniesienie ustne*).
98. **Rybiński W., Święcicki W., Starzycka-Korbas E., Starzycki M., Barzyk P.** (2018). Seeds of white lupin (*Lupinus albus* L.) as a valuable source of fat and fatty acids. Meeting of the EUCARPIA, International Congress On Oil and Protein Crops – Chisinau, Mołdawia, 20–24 maja 2018 r., Abstract Book. s. 89 (*plakat*).
99. **Sawikowska A.**, International Conference on Trends and Perspectives in Linear Statistical Inference, LinStat'2018, 20–24 sierpnia 2018 r., Będlewo, Polska – *członek komitetu organizacyjnego* (*doniesienie ustne*).
100. **Sawikowska A., Piasecka A., Kachlicki P., Krajewski P.** (2018). Computational peak deconvolution in chromatographic data by clustering and by functional data analysis. 17th European Conference on Computational Biology, 8–12 września 2018 (*plakat*).
101. **Sawikowska A., You Y., Neumann M., Posé D., Capovilla G., Langenecker T., Neher R.A., Schmid M., Krajewski P.** (2018). *Arabidopsis* shoot meristem-specific analysis of gene expression and histone modification patterns and their temporal dynamics during flowering. Plant and Animal Genome Conference, San Diego, USA, 13–17 stycznia 2018 r. (*plakat*).
102. **Sawikowska A., Mokrzycka M.**, Research Group Meeting on Multivariate and Mixed Linear Models, 11–16 listopada 2018 r., Będlewo, Polska – *doniesienia ustne*

103. **Sawikowska A., Mokrzycka M.**, Research Group Meeting on Multivariate and Mixed Linear Models, 19–23 marca 2018 r., Będlewo (*doniesienia ustne*).
104. **Shakya P., Selvakesavan R.K., Franklin G.** Antimicrobial Polypeptides might be involved in the plant recalcitrance against *Agrobacterium tumefaciens*–mediated transformation. Agrobacterium 2018 (A Joint event of the 39th American Crown Gall meeting and 2nd European Agrobacterium Conference). 12–13 September 2018 r., VIB–UGent Center for Plant Systems Biology, Ghent, Belgium, Preeti Shakya (*poster*).
105. **Shakya P., Selvakesavan R. K., Franklin G.** Hypericum perforatum protein extracts induce antimicrobial defense response against *Agrobacterium*. 4th International Plant Physiology Congress. 2–5 December 2018 r., CSIR–NBRI, Lucknow, India. Preeti Shakya (*poster*).
106. **Stefanowicz K., Walerowski P., Olszak M. L., Kosmala A., Malinowski R.** (2018). The importance of plant cell wall remodelling for the pathogenesis of *Plasmodiophora brassicae*. The Integrative Plant Biology Conference, 7–9 listopada 2018 r., Poznań, s. 51.
107. **Stępień Ł., Witaszak N., Waśkiewicz A., Lalak-Kańczugowska J.** Changes in expression of stress–responsive genes in *Fusarium proliferatum* exposed to host plant extracts. 14th European *Fusarium* Seminar, 8–11 kwietnia 2018 r., Tulln, Austria, s. 103 (*poster*).
108. **Surma M.**, 15th Applied Statistics International Conference, Ribno, Słowenia, 23–26 września 2018 r. (*doniesienie ustne*).
109. **Święcicki W.,** Pilarczyk W., Mikulski W., **Góryniewicz B.** (2018) Analiza zmienności, sposobu dziedziczenia wskaźników fizjologicznych u łubinu wąskolistnego i grochu siewnego oraz możliwości ich wykorzystania w ulepszaniu produktywności roślin. Konferencja szkoleniowa obszaru 2 „Nowe metody i techniki dla ulepszenia wartości odmian roślin strączkowych” w ramach Programu Wieloletniego "Zwiększenie wykorzystania krajowego białka paszowego dla produkcji wysokiej jakości produktów zwierzęcych w warunkach zrównoważonego rozwoju" 15–16 listopada 2018 r., Olandia, Prusim Kwilcz, Abstract Book. s. 8 (*doniesienie ustne*).
110. **Talar U, Kielbowicz-Matuk A, Rorat T.** (2018). StBBX20 protein regulates salt stress tolerance and the timing of floral development in *Solanum tuberosum*. 6th Plant Genomics & Gene Editing Congress, 14–15 maja 2018 r., Rotterdam, Holandia, s. 10.
111. **Talar U., Kielbowicz-Matuk A., Czarnecka J., Rorat T.** (2018). StBBX20 protein regulates salt stress tolerance in *Solanum tuberosum*. 11th International Conference *Plant Functioning Under Environmental Stress*, 12–15 września 2018 r., Kraków, s. 94.
112. **Truman W.,** Olszak M., Rolfe S., **Malinowski R.** Mining the Transcriptional Responses to Clubroot Disease in Arabidopsis to Identify Regulatory Components. Integrative plant biology IPG PAS conference, 7–9 November 2018 r., Poznan, Poland (*poster*).
113. **Truman W.** Olszak M., Walerowski P., Rolfe S., **Malinowski R.** Mining the Transcriptional Responses to Clubroot Disease in Arabidopsis to Identify Regulatory Components. The International Conference on Arabidopsis Research, 25th–29th June 2018 r., Turku, Finland (*poster*).
114. **Urbaniak M., Stępień Ł.:** 14th European Conference of Fungal Genetics, 25–28 lutego 2018 r., Haifa, Izrael (*plakat*).

115. **Urbaniak M.**, Uhlig S., **Stępień Ł.** Mass spectrophotometric characterization of natural beauvericin–type cyclohexadepsipeptides in *Fusarium* fungi. The Integrative Plant Biology Conference, IPG PAS, 7–9 listopada 2018 r., Poznań, s. 52 (*poster*).
116. Walerowski, P., Gündel, A., Yahaya, N., Truman, W., Sobczak, M., Olszak, M., Rolfe, S.A., Borisjuk, L., **Malinowski R.** The capacity of the host to deliver sugars towards the pathogen influences clubroot disease progression in Arabidopsis. The International Conference on Arabidopsis Research, 25th–29th June 2018 r., Turku, Finland (*poster*).
117. **Wiśniewska H.**, Góral T., Ochodzki P., Walentyn–Goral D., **Majka M.**, Banaszak Z., Nita Z., Pojmaj M., Kurlito D., Konieczny M., Budzianowski G., Cicha A., Paizert K. (2018). Screening of triticale winter breeding lines for resistance to Fusarium head blight. 2nd Global Conference on Plant Science and Molecular Biology, 20–22 września 2018 r., Rzym, Włochy, Book of Abstract s. 70 (*plakat*).
118. **Wiśniewska H.**, **Majka M.**, **Gawłowska M.**, Korbas M., Kwiatek M., Danielewicz J., **Belter J.** (2018). Identification of eyespot resistance genes in breeding lines of hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.). 7th EWAC Eucarpia International Conference, The European Cereals Genetics Co–operative EUCARPIA Cereals Section International Conference. 3–8 czerwca 2018 r., Bucharest, Romania. Book of Abstracts s. 36 (*plakat*).
119. **Witaszak N.**, **Lalak-Kańczugowska J.**, **Stępień Ł.**, Waśkiewicz A. Changes in *Fusarium proliferatum* from four host species during salinity stress. The Integrative Plant Biology Conference, IPG PAS, 7–9 listopada 2018 r., Poznań, s. 53 (*poster*).
120. Zamani–Noor N., Wallenhammar A–C. Cordsen Nielsen G., Orgeur G., Konradyova V., Burnett F., Dussart F., Smith J., Korbas M., **Jędryczka M.** (2018). Overview of the clubroot incidence and variation in the pathotypes of *Plasmodiophora brassicae* populations in Europe. 17th meeting of the Working Group on ‘Integrated Control in Oilseed Crops’, 18–20 September 2018 r., Zagreb, Croatia. Book of abstracts: 133–135 (*referat*).
121. Zamani–Noor N., Wallenhammar A–C. Cordsen Nielsen G., Orgeur G., Konradyova V., Dussart F., **Jędryczka M.**: Epidemiology of clubroot disease and pathogenic variation among isolates of *Plasmodiophora brassicae* from oilseed rape growing in Europe. International Clubroot Workshop, 7–9 August 2018 r., Edmonton, Kanada. Book of abstracts (*referat*).
122. Zamani–Noor, N.; Wallenhammar, A.–C.; Cordsen Nielsen, G.; Orgeur, G.; Konradyová, V.; Dussart, F.; **Jędryczka M.**: Oilseed rape clubroot distribution and variation in pathotypes of *Plasmodiophora brassicae* in central Europe [Verbreitung der Kohlhernie im Rapsanbau und Variation der Pathotypen von *Plasmodiophora brassicae* in Mitteleuropa]. German Plant Pathology Conference, September 2018 r.. Abstracts: 127, (*referat*).