



Instytut Genetyki Roślin  
Polskiej Akademii Nauk



# SPRAWOZDANIE

z działalności naukowo-badawczej  
w 2020 roku

## Spis treści

<b>SPIS TREŚCI</b> .....	<b>1</b>
<b>INFORMACJE OGÓLNE</b> .....	<b>3</b>
SAMODZIELNI PRACOWNICY NAUKOWI .....	3
RADA NAUKOWA.....	4
JEDNOSTKI ORGANIZACYJNE .....	6
STRUKTURA ZATRUDNIENIA.....	7
UPRAWNIENIA .....	7
INFORMACJA FINANSOWA.....	8
<b>INFORMACJE O DZIAŁALNOŚCI INSTYTUTU I DOROBKU NAUKOWYM</b> .....	<b>10</b>
PUBLIKACJE .....	10
PROJEKTY BADAWCZE .....	10
KONFERENCJE NAUKOWE .....	10
WSPÓŁPRACA Z ZAGRANICĄ .....	10
KONSORCJA I SIECI.....	11
OCHRONA WŁASNOŚCI INTELEKTUALNEJ .....	12
<i>Przyznane patenty</i> .....	12
<i>Zgłoszenia patentowe</i> .....	12
<i>Instrukcja wdrożeniowa</i> .....	12
<i>Współautorstwo odmiany uprawnej</i> .....	13
NAGRODY I WYRÓŻNIENIA .....	13
ROZWÓJ KADRY NAUKOWEJ .....	14
<i>Tytuł naukowy profesora</i> .....	14
<i>Stopień naukowy doktora</i> .....	14
<i>Tytuł magistra</i> .....	15
<i>Inżynieranci</i> .....	15
<i>Stażyci, praktykanci</i> .....	15
KSZTAŁCENIE DOKTORANTÓW.....	18
UCZESTNICTWO W KOMITETACH REDAKCYJNYCH CZASOPISM NAUKOWYCH .....	19
UCZESTNICTWO Z WYBORU W DZIAŁALNOŚCI EKSPERCKIEJ, STOWARZYSZENIACH NAUKOWYCH I IN.....	20
DZIAŁALNOŚĆ DYDAKTYCZNA, POPULARYZATORSKA I DORADCZA.....	22
<i>Zajęcia dydaktyczne</i> .....	22
<i>Organizacja przedsięwzięć promujących i popularyzujących wyniki badań naukowych</i> .....	24
DZIAŁALNOŚĆ WYDAWNICZA.....	24
<b>INFORMACJE O DZIAŁALNOŚCI NAUKOWEJ</b> .....	<b>25</b>
WAŻNIEJSZE OSIĄGNIĘCIA .....	25
<b>SPRAWOZDANIE Z REALIZACJI BADAŃ</b> .....	<b>28</b>
ZAKŁAD BIOLOGII STRESÓW ŚRODOWISKOWYCH .....	28
<i>Zespół Regulacji Ekspresji Genów</i> .....	28
<i>Zespół Fizjologii Molekularnej i Cytogenetyki Roślin</i> .....	31
ZAKŁAD BIOMETRII I BIOINFORMATYKI.....	37
<i>Zespół Biometrii i Bioinformatyki</i> .....	37
<i>Zespół Ewolucji Funkcji Systemów Biologicznych</i> .....	42
ZAKŁAD BIOTECHNOLOGII.....	46
<i>Zespół Fenotypowania i Genotypowania Zbóż</i> .....	46
<i>Zespół Bioinżynierii</i> .....	54
ZAKŁAD GENETYKI PATOGENÓW I ODPORNOŚCI ROŚLIN .....	60
<i>Zespół Fitopatologii Molekularnej</i> .....	60
<i>Zespół Interakcji Roślina-Patogen</i> .....	66
<i>Zespół Struktury i Funkcji Mikrobiomu Roślin</i> .....	70
<i>Zespół Metabolomiki</i> .....	75
ZAKŁAD GENOMIKI .....	78
<i>Zespół Genomiki Porównawczej Roślin Strączkowych</i> .....	78
<i>Zespół Struktury i Funkcji Genów</i> .....	88
<i>Zespół Genomiki Zbóż</i> .....	94
ZAKŁAD ZINTEGROWANEJ BIOLOGII ROŚLIN .....	100
<i>Zespół Zintegrowanej Biologii Roślin</i> .....	100

<b>Zespół Nanobiotechnologii i Biosyntezy Metabolitów Wtórnych</b> .....	104
WSPÓŁPRACA KRAJOWA.....	108
<i>Współpraca z krajowymi placówkami naukowymi prowadzona bez umów</i> .....	108
<i>Współpraca pracowników IGR PAN z podmiotami gospodarczymi</i> .....	114
WSPÓŁPRACA Z ZAGRANICĄ.....	118
<b>Współpraca bezpośrednia z partnerami zagranicznymi</b> .....	118
<i>Współpraca prowadzona w ramach umów</i> .....	118
<i>Współpraca prowadzona bez formalnych umów</i> .....	118
WYMIANA OSOBOWA.....	122
KONFERENCJE I SPOTKANIA NAUKOWE – ORGANIZACJA I UDZIAŁ.....	124
<i>Konferencje</i> .....	124
<i>Seminaria naukowe IGR PAN</i> .....	124
<i>Udział w krajowych i międzynarodowych konferencjach naukowych</i> .....	124
REFERATY WYGŁOSZONE W KRAJU I ZA GRANICĄ, NA ZAPROSZENIE INSTYTUCJI NAUKOWYCH.....	125
LISTA PROJEKTÓW REALIZOWANYCH W 2020 R. ....	127
WYKAZ PUBLIKACJI.....	132
<i>Artykuły w czasopismach naukowych</i> .....	132
<i>Wykaz publikacji w wydawnictwach publikujących recenzowane monografie naukowe</i> .....	140

## INFORMACJE OGÓLNE

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

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

## SAMODZIELNI PRACOWNICY NAUKOWI

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

## RADA NAUKOWA

### **Prezydium Rady Naukowej:**

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

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

Zastępca Przewodniczącej – Prof. dr hab. Łukasz STĘPIEŃ

Sekretarz – Dr Justyna LALAK-KAŃCZUGOWSKA

Zastępca Sekretarza – Dr Katarzyna CZYŻ

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

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

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

Rzecznik Dyscyplinarny – prof. dr hab. Tomasz PNIEWSKI

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

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

Czł. rzecz. prof. dr hab. Stefan MALEPSZY

Czł. koresp. prof. dr hab. Małgorzata MAŃKA

Czł. rzecz. prof. dr hab. Marian SANIEWSKI

Czł. koresp. prof. dr hab. Marek ŚWITOŃSKI

Czł. rzecz. prof. dr hab. Wojciech ŚWIĘCICKI

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

Dr hab. Lidia BŁASZCZYK

Dr hab. Franklin GREGORY, prof. IGR PAN

Prof. dr hab. Małgorzata JĘDRYCZKA

Prof. dr hab. Piotr KACHLICKI

Dr hab. Agnieszka KIEŁBOWICZ-MATUK

Dr hab. Grzegorz KOCZYK

Prof. dr hab. Arkadiusz KOSMAŁA

Prof. dr hab. Paweł KRAJEWSKI

Dr hab. Michał KSIĄŻKIEWICZ

Dr hab. Anetta KUCZYŃSKA, prof. IGR PAN

Dr hab. Robert MALINOWSKI, prof. IGR PAN

Prof. dr hab. Barbara NAGANOWSKA

Dr hab. Izabela PAWŁOWICZ

Prof. dr hab. Tomasz PNIEWSKI

Prof. dr hab. Łukasz STĘPIEŃ

Dr hab. Karolina SUSEK

Prof. dr hab. Halina WIŚNIEWSKA

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Dr Katarzyna CZYŻ

Dr Justyna LALAK-KAŃCZUGOWSKA

Dr Krzysztof MIKOŁAJCZAK

**Przedstawiciel doktorantów w Radzie Naukowej:**

Mgr inż. Katarzyna MIKOŁAJCZAK

**JEDNOSTKI ORGANIZACYJNE**

- 1. Zakład Biologii Stresów Środowiskowych**  
*kierownik: prof. dr hab. Arkadiusz Kosmala*
- 2. Zakład Biometrii i Bioinformatyki**  
*kierownik: dr hab. Grzegorz Koczyk*
- 3. Zakład Biotechnologii**  
*kierownik: prof. dr hab. Tomasz Pniewski*
- 4. Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin**  
*kierownik: prof. dr hab. Łukasz Stępień*
- 5. Zakład Genomiki**  
*kierownik: prof. dr hab. Bogdan Wolko*
- 6. Zakład Zintegrowanej Biologii Roślin**  
*kierownik: dr hab. Robert Malinowski, prof. IGR PAN*
- 7. Sekretariat Naukowy i Kształcenie Doktorantów**  
*mgr inż. Magdalena Roth*
- 8. Biblioteka**  
*mgr Joanna Szypulska*
- 9. Dział Księgowości**  
*główna księgowa: mgr Kinga Chałupniczak*
- 10. Dział Gospodarczo-Techniczny**  
*kierownik: Andrzej Gielda*
- 11. Dział Zaopatrzenia**  
*kierownik: Krzysztof Kobla*
- 12. Dział Kadr**  
*kierownik: mgr Magdalena Kapka*

## STRUKTURA ZATRUDNIENIA

(stan na 31 grudnia 2020 r.)

Grupy pracowników	Liczba osób	Liczba etatów	Liczba osób zatrudnionych w projektach	Liczba etatów w projektach
Profesorowie i profesorowie IGR PAN	15	12,75	2	0,25
Adiunkci	21	20,125	2	2,0
Asystenci	11	10,5	2	2,0
Badawczo-techniczni	1	1,0	-	-
Inżynierzyjni z wyższym wykształceniem	13	12,25	2	2,0
Techniczni	10	10,0	2	1,0
Administracja	11	10,7	-	-
Biblioteka i informacja naukowa	3	2,5	-	-
Robotnicy + obsługa	4	4,0	-	-
	<b>89</b>	<b>83,825</b>	<b>10</b>	<b>7,25</b>

Osoby pobierające stypendia doktoranckie: **9** osób.  
Liczba doktorantów (razem z pracownikami): **20** 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 agronomia - postanowienie Centralnej Komisji do Spraw Stopni i Tytułów z 27 października 2008 r. (nr BCK-III-U-421/2008).



## INFORMACJA FINANSOWA

I. Przychody	(zł)
<b>Subwencja</b>	6 100 800
<b>Projekty badawcze</b>	
Projekty finansowane ze środków zagranicznych	180 140
MNiSW	324 062
Projekty NCN	3 497 794
Projekty NCBiR	387 221
Projekty i programy finansowane przez MRiRW	2 854 681
Prace naukowo-wdrożeniowe finansowane przez inne podmioty	174 034
<b>Razem projekty</b>	7 417 932
<b>Działalność gospodarcza</b>	144 900
<b>Przychody ogółem</b>	<b>13 663 632</b>

II. Przychody z projektów w % subwencji	121,6
Osobowy fundusz płac w subwencji (zł)	5 114 401
- w % subwencji	83,8
- w % przychodów ogółem	37,4
Koszty ogrzewania i energii elektrycznej (% subwencji)	13,1

III. W 2020 roku świat opanowała pandemia zakaźnej choroby COVID-19 wywołanej przez koronawirusa SARS-CoV-2. Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk odczuł skutki wpływu pandemii na sytuację makroekonomiczną Polski i Europy. Przede wszystkim spadły przychody jednostki poprzez ograniczenie realizacji projektów badawczych i ograniczenie mobilności pracowników naukowych.

IV. Instytut Genetyki Roślin zakłada w 2021 roku kontynuację działalności na nieco wyższym poziomie niż w 2020 roku, przy założeniu spadku negatywnego wpływu pandemii na poziom przychodów jednostki osiąganych z tytułu realizacji projektów badawczych. Wartość subwencji na 2021 rok zakłada się na podobnym poziomie jak subwencja na rok 2020, czyli około 6.100.000 zł .

V. Jednostka nie dokonała nabycia udziałów własnych w 2020 roku, nie dokonała zbycia tych udziałów. Jednostka nie posiada nabytych ani zatrzymanych udziałów własnych.

VI. Instytut nie posiada oddziałów.

VII. Instytut nie jest narażony na ryzyko zmiany cen, ryzyko kredytowe oraz ryzyko istotnych zakłóceń przepływów środków pieniężnych z uwagi na sposób finansowania działalności. Jednostka do roku 2018 otrzymywała dotację statutową na utrzymanie potencjału badawczego (od roku 2019, w związku ze zmianą przepisów, jest to subwencja),

w 12 miesięcznych ratach, co zabezpiecza ją w istotny sposób przed utratą płynności finansowej, natomiast badania naukowe finansowane są również przez NCN, NCBiR, KE oraz Ministerstwo 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. Kluczowymi niefinansowymi wskaźnikami efektywności związanymi z działalnością Instytutu Genetyki Roślin są liczba i jakość publikacji. Wskaźniki te zostały szczegółowo podane w niniejszym sprawozdaniu.

-----

**Realizacja projektu inwestycyjnego „Modernizacja kompleksu pomieszczeń dla potrzeb modyfikacji genetycznych mikroorganizmów do badań interakcji roślina-mikroorganizm”**  
Nr umowy dotacyjnej: 6979/IB/SP/2019; suma przyznana: 549 000,00 zł, suma wykorzystana 398 999,89 zł.

W ramach realizacji projektu, w okresie objętym raportem, przeprowadzono modernizację pomieszczeń Zakładu Genetyki Patogenów i Odporności Roślin, umożliwiającą dostosowanie tych pomieszczeń do dołączenia ich do Zakładu Inżynierii Genetycznej. W okresie objętym raportem w modernizowanych pomieszczeniach zrealizowano roboty budowlane. Pomieszczenia zostały wyposażone w nowe meble laboratoryjne i sprzęt laboratoryjny, zamontowano dygestorium i system do uzdatniania wody. Obecnie prowadzone są przygotowania dokumentacji do uzyskania zgody na ZIG dla mikroorganizmów modyfikowanych genetycznie klasy PII (GMM P2).

## INFORMACJE O DZIAŁALNOŚCI INSTYTUTU I DOROBKU NAUKOWYM

### PUBLIKACJE

(Spis: str. 132)

Prace opublikowane w 2020 roku:

– artykuły w czasopismach naukowych i recenzowanych materiałach z konferencji międzynarodowych wraz z przypisaną liczbą punktów	<b>86</b>
– publikacje w innych czasopismach (w tym branżowych i popularno-naukowych)	7
– autorstwo rozdziału w monografii w j. angielskim	2

### PROJEKTY BADAWCZE

(Spis str. 127)

Finansowane przez:

– UE	4
– międzynarodowy-bilateralny	0
– rządowe	3
– NCN/NCBR/POIG	35
– MRiRW	10
– inne	1
<b>Ogółem</b>	<b>53</b>

### KONFERENCJE NAUKOWE

(Szczegóły str. 124)

Konferencje, warsztaty i seminaria zorganizowane przez Instytut:

– krajowe i międzynarodowe	1
----------------------------	---

Udział pracowników w konferencjach:

– konferencje krajowe	7
– konferencje międzynarodowe	8
<b>Ogółem</b>	<b>16</b>

### WSPÓŁPRACA Z ZAGRANICĄ

(Szczegóły: str. 118)

Realizowano: 7 tematów w ramach umów międzynarodowych,  
34 tematy z instytucjami w ramach współpracy bezumownej.

Przyjęto 2 gości zagranicznych,  
zrealizowano 1 wyjazd krótkoterminowy pracownika IGR PAN,  
4 osoby przebywały na stażach długoterminowych.

## KONSORCJA I SIECI

### **Konsorcjum HYBRE**

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

### **Konsorcjum EPPN2020**

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

### **Konsorcjum w ramach projektu NCN OPUS 12**

Konsorcjum w ramach projektu NCN OPUS 12 „Wyjaśnianie współdziałania hormonów i jego roli w kształtowaniu architektury roślin jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.)”, nr 2016/23/B/NZ9/03548; Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu, Uniwersytet Śląski w Katowicach; A. Kuczyńska; P. Krajewski, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, H. Ćwiek-Kupczyńska, M. Kempa, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak, I. Szarejko, A. Daszkowska-Golec, D. Gruszka

### **Konsorcjum INCREASE**

Konsorcjum utworzono w celu realizacji projektu INCREASE, 28 partnerów: Università Politecnica Delle Marche, Włochy; Leibniz - Institut Fuer Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Niemcy; Max-Planck-Gesellschaft Zur Forderung Der Wissenschaften Ev, Niemcy; Instytut Genetyki Roślin PAN, Polska; Università Degli Studi Della Basilicata, Włochy; Kmetijski Institut Slovenije - Agricultural Institute Of Slovenia, Słowenia; Eurice European Research and Project Office Gmbh, Niemcy; Consiglio Per La Ricerca In Agricoltura E L'analisi Dell'economia Agraria, Włochy; International Centre For Agricultural Research In The Dry Areas, Liban; Servicio Regional De Investigacion Y Desarrollo Agroalimentario Del Principado De Asturias, Hiszpania; Institut National De La Recherche Agronomique, Francja; Centre National De La Recherche Scientifique CNRS, Francja; Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - PIB, Polska; Statiunea

De Cercetare Dezvoltare Pentru Legumicultura Bacau, Rumunia; Suceava Genebank, Rumunia; Instituto Nacional De Investigacion Y Tecnologia Agraria Y Alimentaria OA MP,

Hiszpania; Universidade Catolica Portuguesa, Portugalia; Terres Inovia, Francja; Isea Srl, Włochy; Dcs-Fuerth, Germany; Comunita' Del Mais Spinato Di Gandino, Włochy; Food And Agriculture Organization Of The United Nations FAO, Włochy; Federal Research Center The N.I. Vavilov All-Russian Institute Of Plant Genetic Resources, Rosja; Universidad Nacional De La Plata, Argentyna; University Of Saskatchewan, Kanada; The Regents Of The University Of California, USA; International Crops Research Institute For The Semi-Arid Tropics, Indie; North Dakota State University, USA; K. Susek, M. Kroc, M. Tomaszewska, K. Czepiel.

### **Konsorcjum PLANTOVAC**

Konsorcjum, powołane w celu opracowania szczepionki pochodzenia roślinnego przeciwko wirusowemu zapaleniu wątroby typu B i ochrony własności intelektualnej. Jednostki tworzące: 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; T. Pniewski.

## **OCHRONA WŁASNOŚCI INTELEKTUALNEJ**

### *Przyznane patenty*

P.420186. Sposób wytwarzania androst-1,4-dien-3,17-dionu. Decyzja: 12.03.2020, Warszawa, Polska. Kozłowska E., Dymarska M., Kancelista A., Urbaniak M., Stępień Ł., Kostrzewa-Susłow E., Janeczko T. Urząd Patentowy Rzeczypospolitej Polskiej, Polska. (współtwórca – IGR PAN)

P.420187. Sposób wytwarzania 17a-oxa-D-homo-androst-4-en-3,17-dionu. Decyzja: 25.02.2020, Warszawa, Polska. Kozłowska E., Kancelista A., Urbaniak M., Stępień Ł., Dymarska M., Kostrzewa-Susłow E., Janeczko T. Urząd Patentowy Rzeczypospolitej Polskiej, Polska. (współtwórca – IGR PAN)

### *Zgłoszenia patentowe*

P.434781 (24.07.2020 r.) Franklin G., Selvakesavan R.K., Metoda ustalania zawiesiny komórek i hodowli pędów dziurawca (*Hypericum*) oraz ich zastosowanie. (twórca IGR PAN)

P.433026, (25.02.2020 r.) A. Sawikowska, P. Krajewski, A. Piasecka, P. Kachlicki, Separacja wspólnie wpływających związków w chromatografii za pomocą funkcjonalnej analizy składowych głównych, zgłoszenie patentowe w Urzędzie Patentowym RP. (twórca IGR PAN)

P.433027 (25.02.2020 r.) A. Piasecka, P. Kachlicki, Sposób rozdzielania izomerycznych związków flawonoidowych ze złożonego materiału roślinnego za pomocą preparatywnej chromatografii cieczowej, zgłoszenie patentowe w Urzędzie Patentowym RP. (twórca IGR PAN)

### *Instrukcja wdrożeniowa*

„Metody biotechnologiczne otrzymywania form homozygotycznych i mieszańcowych roślin strączkowych” Surma M., Adamski T., Kuczyńska A., Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Pudelska H., Wojciechowicz K., Trzeciak R., Anioła A., Holewińska R. Opracowanie wykonane na podstawie wyników doświadczeń przeprowadzonych w ramach realizacji

zadania 2.3 Programu Wieloletniego na lata 2016-2020: „Zwiększenie wykorzystania krajowego białka paszowego dla produkcji wysokiej jakości produktów zwierzęcych w warunkach zrównoważonego rozwoju” obowiązującego w latach 2016-2020 ustanowionego na podstawie uchwały nr 222/2015 Rady Ministrów z dnia 15 grudnia 2015 r. Poznań 2020

*Współautorstwo odmiany uprawnej*

W. Świąćicki - współautorstwo odmiany uprawnej grochu - Grot (zarejestrowana 2020).

## NAGRODY I WYRÓŻNIENIA

**Małgorzata Jędrzycka** – Nagroda Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego za dorobek publikacyjny polskiego naukowca, członka PTFit, przyznana w ramach 3. edycji Konkursu w 2020 r. przez Kapitułę Nagrody Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego; data przyznania nagrody: 22 października 2020 r.

**Małgorzata Jędrzycka** – Odznaka honorowa Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego za zasługi dla Towarzystwa oraz poważny dorobek naukowy. Data przyznania odznaki: 4 lipca 2020 r.

**Agnieszka Kielbowicz-Matuk** – Laureatka Polskiej Nagrody Inteligentnego Rozwoju 2020 w kategorii „Naukowiec przyszłości” za realizację projektu pt. „Funkcja białka jądrowego StBBX20 w regulacji czasu kwitnienia i tuberyzacji u ziemniaka uprawnego”. Centrum Inteligentnego Rozwoju, 15.05.2020 r.

**Katarzyna Lechowicz** – Stypendium Dyrektora Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN dla najlepszych doktorantów Środowiskowego Studium Doktoranckiego przy ICHB PAN na rok akademicki 2020/2021.

**Maciej Majka** – Stypendium naukowe **START 2019** przyznawane przez Fundację na rzecz Nauki Polskiej (01.07.2019 r. – 30.06.2020 r.)

**Krzysztof Mikołajczak** – Laureat Krajowej Nagrody Naukowej z Zakresu Genetyki Roślin im. Stefana Barbackiego w roku 2019; nagroda II stopnia za „*badania dotyczące reakcji jęczmienia jarego na stresy abiotyczne*”, 12.11.2020 r.

**Krzysztof Mikołajczak** – Laureat Polskiej Nagrody Inteligentnego Rozwoju 2020 w kategorii „Naukowiec przyszłości”; za realizację projektów pt.: „Zmiany ekspresji genów na poziomie całego genomu liścia flagowego jęczmienia pod wpływem stresów abiotycznych działających symultanicznie”, „Drought effects on roots developmental aspects in spring barley population differentiated in the *sdw1/denso* locus” oraz „High-throughput phenotyping of barley varieties response to drought for understanding crops adaptation to arid climate”, 03.12.2020 r.

**Monika Mokrzycka** – I nagroda w konkursie dla młodych statystyków na najlepszą prezentację, konferencja pt. „Statystyka Matematyczna”, 30.11 - 2.12.2020 r.

**Łukasz Stępień** – Nominacja do ogólnopolskiej nagrody gospodarczej „Ambasador Innowacyjności” za wkład w rozwój innowacji w Polsce, za przyszłościowe, nieszablonowe

myślenie, pionierskie projekty, nowe idee i niezwykle rozwiązania. Przede wszystkim za budowanie pozytywnego wizerunku polskich innowacji, które są na bardzo wysokim poziomie i niejednokrotnie wyprzedzają światowe trendy. Europejski Ośrodek Rozwoju Gospodarki Sp. z o.o., sierpień 2020 r.

**Łukasz Stępień** – Polska Nagroda Inteligentnego Rozwoju w kategorii „Naukowiec przyszłości” za realizację projektów pt. „Genetyczne podstawy biosyntezy cyklicznych peptydów przez patogeniczne grzyby z rzędu Hypocreales”, „Roślinne związki bioaktywne indukujące odpowiedź na stres u patogenicznego grzyba *Fusarium proliferatum*” i „Rola enzymów litycznych i mykotoksyn wytwarzanych przez grzyby *Fusarium* w procesie patogenezы oraz metabolitów odpowiedzialnych za odpowiedź obronną roślin”, Centrum Inteligentnego Rozwoju, 17.06.2020 r.

**Wojciech Święcicki** – wybór na członka rzeczywistego Polskiej Akademii Nauk.

## ROZWÓJ KADRY NAUKOWEJ

*Tytuł naukowy profesora*

**Dr hab. Tomasz Pniewski** – tytuł naukowy profesora nauk rolniczych nadany Postanowieniem Prezydenta RP z dnia 21 lipca 2020 r.

*Stopień naukowy doktora*

**Mgr Maciej Majka** – stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 8 czerwca 2020 r. na podstawie pracy: „Analiza cytomolekularna i fenotypowa oraz ocena odporności na grzyby patogeniczne form pszenżyta ozimego (*× Tritico-secale*) z introgresją chromatyny *Aegilops tauschii* Coss.”; promotor: H. Wiśniewska.

**Mgr Fatema Alzahraa Bakro** – stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 20 listopada 2020 r. na podstawie pracy „Assessment of terpene and cannabidiol production in hemp (*Cannabis sativa* L.)” grown on light and acidic soils under various plant fertilization regimes” [Ocena wytwarzania terpenów i kannabidiolu w roślinach konopi siewnych (*Cannabis sativa* L.) uprawianych na glebach lekkich i kwaśnych w warunkach zróżnicowanego nawożenia]; promotor: M. Jędryczka, kopromotor: V. Cardenia (UNITO, Turyn, Włochy), promotor pomocniczy - K. Wielgusz (IWNiRZ, Poznań); Europejski Doktorat Przemysłowy (EID).

**Mgr Sara Blicharz** – stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 23 listopada 2020 r. na podstawie pracy pt. „Zmiany zawartości metabolitów w soku floemowym jako wskaźnik odpowiedzi grochu zwyczajnego (*Pisum sativum* L.) na stres suszy”; promotor: R. Malinowski.

**Mgr inż. Hanna Ćwiek-Kupczyńska** – stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 20 listopada 2020 r. na podstawie pracy „Semantyczne modelowanie danych doświadczalnych i jego zastosowanie w analizie wyników fenotypowania roślin”; promotor: P. Krajewski.

**Mgr Wojciech Krzysztof Bielski** – stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 20 listopada 2020 r. na podstawie pracy „Porównawcza charakterystyka zróżnicowania chromosomów wybranych gatunków łubinów Starego Świata”; promotor: B. Naganowska, promotor pomocniczy: K. Susek.

#### *Tytuł magistra*

**Julia Grupa**, praca magisterska, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Biologia, V r. studiów 2. stopnia, 02.01-01.09.2020 r., obrona 02.09.2020, tytuł pracy: „Wpływ grzybów endogennych na rośliny pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.)”, promotor L. Błaszczuk.

**Eryk Malinowski**, praca magisterska pt.: „Funkcja białka StZPR1 typu palca cynkowego C<sub>4</sub> w rozwoju ziemniaka uprawnego (*Solanum tuberosum* L.)”, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, obrona 9 września 2020 r., promotor: A. Kielbowicz-Matuk.

**Julia Żok**, praca magisterska, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii, Biotechnologia I i II rok studiów 2. stopnia, 01.07.2020-30.06.2021, promotor S. Salamon.

**Martyna Przewoźnik**, praca magisterska, UP Poznań, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii, II r. studiów 2. stopnia, 10.2018-22.09.2020, promotor: T. Pniewski.

#### *Inżynieranci*

**Władysław Laskowski**; realizacja pracy inżynierskiej, UAM w Poznaniu, Wydział Matematyki i Informatyki, III r. studiów 1. stopnia, 26.02.2019-31.01.2020, opiekun: H. Ćwiek-Kupczyńska, P. Krajewski.

**Jakub Łasecki**, realizacja pracy inżynierskiej, UAM w Poznaniu, Wydział Matematyki i Informatyki, III r. studiów 1. stopnia, 26.02.2019-31.01.2020, opiekun: H. Ćwiek-Kupczyńska, P. Krajewski.

**Krzysztof Madra**, realizacja pracy inżynierskiej, UAM w Poznaniu, Wydział Matematyki i Informatyki, III r. studiów 1. stopnia, 26.02.2019-31.01.2020, opiekun: H. Ćwiek-Kupczyńska, P. Krajewski.

**Szymon Wojciechowski**, realizacja pracy inżynierskiej, UAM w Poznaniu, Wydział Matematyki i Informatyki, III r. studiów 1. stopnia, 26.02.2019-31.01.2020, opiekun: H. Ćwiek-Kupczyńska, P. Krajewski.

#### *Stażystki, praktykanci*

**Zuzanna Barańska**, staż naukowy UP w Poznaniu, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii, II r. studiów 2. stopnia, 10.08.2020 - 16.10.2020, M. Kroc.

**Gabriela Belniak**, wolontariuszka, UAM, Wydział Biologii, III r. studiów 1. stopnia, od 11.2020, K. Sobańska / T. Pniewski.



**Justyna Błońska**, praktyki zawodowe, Politechnika Poznańska, Wydział Technologii Chemicznej, I r. studiów 2. stopnia, 3-28.08.2020, T. Pniewski.

**Martyna Bodzak**, staż naukowy/wolontariat, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, kierunek Biotechnologia / IV r. studiów, 01.07.-31.12.2020, A. Kuczyńska.

**Michał Dawidowski**, „Studujesz? Praktykuj!” - Program staży zawodowych dla studentów Wydziału Rolnictwa Ogrodnictwa i Bioinżynierii UP Poznań, III r. studiów 1. stopnia, 10.08.-18.09.2020, J. Cerazy-Waliszewska.

**Kacper Dziewior**, staż naukowy, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, kierunek Biotechnologia / V r. studiów 2. stopnia, 01.07-30.09.2020, K. Mikołajczak.

**Mateusz Frankiewicz**, wolontariusz, UP Poznań, Wydział Rolnictwa Ogrodnictwa i Bioinżynierii, III r. studiów 1. stopnia, od 10.2020, K. Sobańska.

**Joanna Henschke**, staż naukowy UP w Poznaniu, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii, II r. studiów 2. stopnia, 29.06.2020 – 11.09.2020, M. Kroc.

**Mateusz Jendrasiak**, staż naukowy, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, kierunek Biotechnologia / V r. studiów 2. stopnia, 29.06.-30.08.2020, A. Kuczyńska.

**Natalia Jędrzejewska**, studenckie praktyki zawodowe, UAM w Poznaniu, Biologia / II r. studiów 1. stopnia, 28.09-15.10.2020, M. Książkiewicz.

**Kamil Juźwiak**, „Studujesz? Praktykuj!” - Program staży zawodowych dla studentów Wydziału Rolnictwa Ogrodnictwa i Bioinżynierii UP Poznań, III r. studiów 1. stopnia, 13.07.-11.09.2020, K. Sobańska.

**Wiktor Kitzman**, staż naukowy, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii / III r. studiów 1. stopnia, 15.12.2019-28.02.2020, D. Babula-Skowrońska.

**Oleksandr Kondratenko**, staż naukowy UP w Poznaniu, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii, III r. studiów 1. stopnia, 13.07.- 04.09.2020, K. Susek.

**Stanisław Koszuta**, praktyki zawodowe, UP Poznań, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii, III r. studiów 1. stopnia, 7.09.-2.10.2020, T. Pniewski.

**Kamila Kulesza**, staż naukowy, UWM w Olsztynie, Wydział Biologii i Biotechnologii, Katedra Mikrobiologii i Mykologii, 27.0-26.02.2020 i 13-17.07.2020, opiekun: Ł. Stępień.

**Paulina Lipińska**, stażystka, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii, Biotechnologia II rok studiów 2. stopnia, 20.07.-30.09.2020, L. Błaszczak.

**Sylwia Łyżwińska**, staż naukowy, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, kierunek Biotechnologia / III r. studiów 1. stopnia, 01.08.-30.09.2020, P. Ogrodowicz.

**Mikołaj Jerzy Mańczak**, staż naukowy, UP w Poznaniu, Biotechnologia / III r. studiów 1. stopnia, 06.07.-07.08.2020, S. Rychel-Bielska.

**Emilia Mroczko**, praktyki zawodowe, Uniwersytet Wrocławski, Wydział Nauk Biologicznych, II r. studiów 1. stopnia, 17-30.08.2020, T. Pniewski.

**Wiktoria Katarzyna Mysło**, staż naukowy, UP w Poznaniu, Biotechnologia, III r. studiów 1. stopnia, 06.07-7.08.2020, M. Gawłowska.

**Hanna Prusak**, „Studiujesz? Praktykuj!” - Program staży zawodowych dla studentów Wydziału Rolnictwa Ogrodnictwa i Bioinżynierii UP Poznań, III r. studiów 1. stopnia, 10.08.-18.09.2020, J. Cerazy-Waliszewska.

**Zuzanna Śnioszek**, staż naukowy, UP w Poznaniu, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii / III r. studiów 1. stopnia, 20.07.-21.08.2020, D. Perlikowski.

**Estera Wojtkowiak**, „Studiujesz? Praktykuj!” - Program staży zawodowych dla studentów Wydziału Rolnictwa Ogrodnictwa i Bioinżynierii UP Poznań, następnie praktyki zawodowe, III r. studiów 1. stopnia staż i praktyki zawodowe, 25.05-3.07 i 6.07-31.07.2020, J.Cerazy-Waliszewska / K. Sobańska / T. Pniewski.

**Katarzyna Wojtyniak**, wolontariat, praktyki obowiązkowe, praca inżynierska, UP w Poznaniu, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii, Biotechnologia, II r. studiów 1. stopnia, 20.01.- 30.06.2020 – wolontariat, 01.-31.07.2020 – praktyki obowiązkowe, 01.10-31.12.2020 – praca inżynierska, L. Błaszczak, A. Basińska-Barczak.

**Weronika Woźna**, staż naukowy, UP w Poznaniu, Wydział Rolniczy, Biotechnologia roślin, I rok studiów 2. stopnia, staż naukowy, UP w Poznaniu, Wydział Rolniczy, Biotechnologia roślin, I rok studiów 2. stopnia, 02.03.-03.07.2020, M. Jędryczka.

**Patrycja Zielińska**, staż naukowy, UP w Poznaniu, Wydział Rolniczy, Biotechnologia roślin, I rok studiów 2. stopnia, 15.06.-25.09.2020, M. Jędryczka.

## KSZTAŁCENIE DOKTORANTÓW

### 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 Jędryczka (do 29.02.2020)*

- *prof. dr hab. Barbara Naganowska (od 1.03.2020)*

Sekretariat Międzynarodowych Studiów Doktoranckich IGR PAN

- *mgr inż. Magdalena Roth*

Liczba uczestników studiów doktoranckich prowadzonych przez IGR PAN				Liczba uczestników pobierających stypendia:	
stacjonarne studia doktoranckie				ogółem	w tym: stypendium doktoranckie, o którym mowa w art. 200 ust. 1 ustawy z dn. 27.07.2005 Prawo o szkolnictwie wyższym, przyznane przez Dyrektora Instytutu PAN prowadzącego studia (art. 285 ustawy z dn. 3.07.2018 Przepisy wprowadzające ustawę - Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce)
K – kobiety M – mężczyźni		w tym: przyjęci w roku 2020			
K	M	K	M		
<b>9</b>	<b>6</b>	-	-		
Liczba uczestników studiów doktoranckich ogółem: <b>15</b>					
				<b>12</b>	<b>5</b>

Liczba cudzoziemców ogółem		w tym: przyjęci w roku 2020	
<b>5</b>		-	
Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców	Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców
1) <b>Indie</b>	<b>3</b>	-	-
2) <b>Irak</b>	<b>1</b>	-	-
3) <b>Syria</b>	<b>1</b>	-	-

### UCZESTNICTWO W POZNAŃSKIEJ SZKOLE DOKTORSKIEJ INSTYTUTÓW POLSKIEJ AKADEMII NAUK

- Działalność Szkoły – od początku roku akademickiego 2019/2020
- Dyscyplina reprezentowana przez IGR PAN – rolnictwo i ogrodnictwo; koordynator w IGR PAN – dr hab. Lidia Błaszczyk
- W roku 2020 – brak doktorantów z IGR PAN.

## UCZESTNICTWO W KOMITETACH REDAKCYJNYCH CZASOPISM NAUKOWYCH

### **L. Błaszczyk:**

- Biuletynu Oddziału Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu; współredaktor

### **F. Gregory:**

- Plants; członek komitetu redakcyjnego (od 2019)
- Scientifica; członek komitetu redakcyjnego (od 2013)

### **M. Jędrzycka:**

- Agronomy; Guest Editor wydania specjalnego pt.: Strategies for the Control of Fusarium Head Blight in Cereals
- Zemdirbyste Agriculture, członek rady programowej

### **J. Kaczmarek:**

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

### **Z. Kaczmarek:**

- Journal of Applied Genetics; członek komitetu redakcyjnego
- Polish Botanical Journal; członek komitetu redakcyjnego

### **A. Kosmala:**

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

### **P. Krajewski:**

- Journal of Applied Genetics; członek komitetu redakcyjnego

### **A. Kuczyńska:**

- Biohelikon; członek komitetu redakcyjnego (od 2012)
- Biometrical Letters; członek komitetu redakcyjnego (od 2012)
- Journal of Applied Biotechnology; członek komitetu redakcyjnego (od 2012)

### **R. Malinowski:**

- Frontiers in Plant Science; redaktor pomocniczy „Plant physiology” (2017-2020)

### **K. Mikołajczak:**

- Plants (MDPI); Topic Editor (od 2020)

### **I. Pawłowicz:**

- Journal of Applied Genetics; redaktor działu "Genetyka roślin " (od 2020)

### **T. Pniewski:**

- Plants; Guest Editor - Special Issue “Plant-Derived Booster Vaccines or Adjuvants” (od 09.2020)

- Vaccines; Co-Guest Editor - Special Issue “Virus-like particle & Nano-particle Vaccines” (od 10.2020)

#### **L. Stępień:**

- The Science of Nature; członek komitetu redakcyjnego (od 2017)
- Microorganisms; Guest Editor Specjalnego Numeru “*Fusarium*: Mycotoxins, Taxonomy, Pathogenicity”, od lutego 2019 do kwietnia 2020
- Microorganisms; Guest Editor Specjalnego Numeru “Bioactive Compounds in Plant-Pathogen Interactions”, od listopada 2020

#### **K. Susek:**

- Frontiers in Plant Science; Review Editor of Editorial Board (od 2017)
- Szkoła Doktorska Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach; Komisja ewaluacyjna do oceny doktorantów (od 2020)

#### **W. Świącicki:**

- Genetic Resources and Crop Evolution; Springer; członek redakcji

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

#### **L. Błaszczyk:**

- Sekretarz Zarządu Oddziału Poznańskiego Polskiego Towarzystwa Genetycznego
- Przewodnicząca Sekcji Mikologii i Mikotoksyn Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego
- Członek Komisji Biotechnologii O/PAN w Poznaniu w kadencji 2019-2022
- Koordynator dyscypliny rolnictwo i ogrodnictwo w PSD IPAN
- Członek panelu ekspertów „2020 Call for SR&TD Project Grants - Agriculture Forestry and Fisheries Evaluation Panel” w Fundação para a Ciência e a Tecnologia, I.P. (FCT), the Portuguese Foundation for Science and Technology (od 10.03 do 31.12.2020)

#### **M. Jędrzycka:**

- Koordynator grupy roboczej (Integrated Control in Oilseed Crops) - International Organisation for Biological Control/West Palaearctic Regional Section (od 2013)
- Członek Global Council of Innovation in Rapeseed and Canola (GCIRC)
- Członek Zarządu Głównego Polskiego Towarzystwa Genetycznego
- Zastępca Przewodniczącego Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego
- Zastępca Sekretarza Oddziału Poznańskiego Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego
- Członek Rady Towarzystw Naukowych przy Prezydium Polskiej Akademii Nauk (2019-2022)
- Członek Komisji COBORU ds Rejestracji Odmian Roślin Oleistych i Włóknistych na kadencję 2017-2021
- Członek Rady Kuratorów Wydziału II Nauk Rolniczych i Leśnych (od 2020)

**A. Kosmala:**

- Członek Komisji Rewizyjnej Oddziału Poznańskiego Polskiego Towarzystwa Genetycznego od 2017 r.
- Członek Komitetu Nauk Agronomicznych PAN (2020-2023)
- Członek Komisji ds. Rozwoju Kadry Naukowej IGR PAN
- Członek Grupy Roboczej Roślin Pastewnych z ramienia Polski - The European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources (ECPGR)
- Członek Komisji Biotechnologii przy Poznańskim Oddziale PAN

**P. Krajewski:**

- Członek Rady Naukowej Polskiego Towarzystwa Biometrycznego (od 2013)
- Członek Zarządu EUCARPIA Section Biometrics in Plant Breeding (od 2012)
- Członek Komitetu Nauk Agronomicznych PAN (2020-2023)

**A. Kuczyńska:**

- Członek Komisji oceniającej działalność naukową Czeskich Akademii Nauk za okres 2015-2019 (2020)
- Członek panelu oceniającego projekty zgłaszane do Czeskiej Fundacji Nauki (2020)

**R. Malinowski:**

- Członek Komitetu Biotechnologii PAN
- Przedstawiciel Polski – Multinational Arabidopsis Steering Committee

**T. Pniewski:**

- Członek Komisji Biotechnologii przy Poznańskim Oddziale PAN (od 2019)
- Członek Sekcji Biotechnologii Roślin - Komitet Biotechnologii PAN (od 2020)

**B. Naganowska:**

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

**L. Stępień:**

- Ekspert Fundacji na Rzecz Nauki Polskiej w programie POIR od 2019
- Przewodniczący Komisji Rewizyjnej Oddziału Poznańskiego Polskiego Towarzystwa Genetycznego
- Ekspert Komisji Europejskiej, Program Societal Challenge 2 (SFS-28-2018-2019-2020 Scope C) w ramach programu Horyzont 2020, Single Stage Evaluation (luty-marzec 2020)
- Udział w Zespole oceniającym w konkursie Oddziału PAN w Poznaniu na najlepsze publikacje naukowe zgłoszone przez doktorantów w zakresie Nauk Biologicznych i Rolniczych (marzec-maj 2020)
- Członek Rady Programowej Banku Patogenów Instytutu Ochrony Roślin – PIB w Poznaniu, od maja 2019

**J. Lalak-Kańczugowska:**

- Ekspert Narodowego Centrum Badań i Rozwoju

**M. Urbaniak:**

- Skarbnik Zarządu Głównego Polskiego Towarzystwa Mykologicznego (od grudnia 2020 r.)

**W. Święcicki:**

- Przewodniczący kapituły Krajowej Nagrody Naukowej im. St. Barbackiego
- Przewodniczący Rady Naukowej Instytutu Środowiska Rolniczego i Leśnego PAN w Poznaniu
- Członek Rady Naukowej Ogrodu Botanicznego PAN w Powsinie
- Członek honorowy International Legume Society
- Członek zarządu *Pisum* Genetics Association
- Członek komisji do rejestracji odmian roślin pastewnych COBORU
- Członek honorowy Krajowego Zrzeszenia Producentów Rzepaku i Roślin Białkowych
- Przewodniczący Rady ds. Ochrony zasobów Genowych Roślin Uprawnych

**M. Kroc:**

- Współorganizator Seminariów Naukowych IGR PAN (od 2019)

**I. Pawłowicz:**

- Skarbnik Polskiego Towarzystwa Genetycznego, Oddział w Poznaniu (od 2017)

**K. Mikołajczak:**

- Współorganizator Seminariów Naukowych IGR PAN (od 2020)

**H. Wiśniewska:**

- Wiceprzewodnicząca Komisji ds. Rozwoju Kadry Naukowej IGR PAN

**B. Wolko:**

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

## DZIAŁALNOŚĆ DYDAKTYCZNA, POPULARYZATORSKA I DORADCZA

### *Zajęcia dydaktyczne*

„Technika HPLC-MS – podstawy i zastosowania w chemii związków naturalnych”, Studium Podyplomowe „Analityka chemiczna”, Wydział Chemii, Uniwersytet im. A. Mickiewicza; 11 stycznia 2020; **P. Kachlicki**, wykład.

„Technika HPLC-MS – podstawy i zastosowania w chemii związków naturalnych” dla studentów Studium Podyplomowego „Analityka chemiczna”, Wydział Chemii, Uniwersytet im. A. Mickiewicza; 11 stycznia 2020; **A. Piasecka, D. Kruszka**, ćwiczenia.

„Grzyby”, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, 3 czerwca 2020; **L. Błaszczyk**, wykłady w formie prezentacji przesłanych elektronicznie na warsztaty dla

studentów kierunku Biologia roślin użytkowych (organizatorzy: A. Kosmala, M. Jędrzycka); liczba uczestników: 27.

„Genomika strukturalna łubinów”, Wydział Biologii, Uniwersytet im A. Mickiewicza, 3 czerwca 2020; **M. Książkiewicz**, wykład w formie prezentacji przesłanej elektronicznie na warsztaty dla studentów kierunku Biologia roślin użytkowych; (organizatorzy: A. Kosmala, M. Jędrzycka); liczba uczestników: 27.

„Ważne gospodarczo gatunki sprawców chorób grzybowych rzepaku; Biologia, rozpoznawanie i zwalczanie z uwzględnieniem zasad integrowanej ochrony; Sygnalizacja, ocena stopnia porażenia i prognozy ekonomicznej szkodliwości”, Instytut Ochrony Roślin – PIB, 11 stycznia 2020, **M. Jędrzycka**, wykłady na Studiach Podyplomowych w zakresie integrowanej produkcji ze szczególnym uwzględnieniem ochrony roślin i rolnictwa ekologicznego, liczba uczestników: 21 osób, 3 godz.

„Aeromycology - the study of fungal spores in aeroplankton”, Wydział Rolniczy Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu, kierunek Rolnictwo; 20 stycznia 2020, **M. Jędrzycka**, wykład i ćwiczenia z zakresu aerobiologii, grupa międzynarodowa ERASMUS+, 7 osób, 3 godz.

„Największy w Europie system wspierania decyzji w ochronie roślin wykorzystujący dane aerobiologiczne – SPEC”, Wydział Biologii, Uniwersytet im Adama Mickiewicza, 3 czerwca 2020, **M. Jędrzycka**, wykład na warsztatach dla studentów kierunku Biologia roślin użytkowych w formie prezentacji przesłanej elektronicznie oraz zajęcia praktyczne i test sprawdzający wiedzę opartą o dane na stronie [www.spec.edu.pl](http://www.spec.edu.pl); liczba uczestników: 27, 2 godz.

„Matematyka w finansach”, Wyższa Szkoła Bankowa w Poznaniu, kierunek: Finanse i Rachunkowość; październik 2020 - styczeń 2021, **M. Mokrzycka**, ćwiczenia, 28 godz.

„Susza”, Wydział Biologii, Uniwersytet im Adama Mickiewicza, 3 czerwca 2020, **A. Kosmala**, warsztaty dla studentów kierunku Biologia roślin użytkowych, liczba uczestników: 27.

„Fenotypowanie roślin”, Wydział Biologii, Uniwersytet im Adama Mickiewicza, 3 czerwca 2020, **P. Ogrodowicz**, warsztaty dla studentów kierunku Biologia roślin użytkowych, liczba uczestników: 27.

„Ewolucja genomów roślinnych: analiza porównawcza chromosomów łubinów”, SGGW, Wydział Ogrodnictwa, Biotechnologii i Architektury Krajobrazu, Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, 24 stycznia 2020, **K. Susek**, referat na zaproszenie.

„Semantyczne modelowanie danych doświadczalnych”, Politechnika Warszawska, WMiNI, 11 września 2020, **H. Ćwiek-Kupczyńska**, prezentacja ustna na Seminarium Mi2 Data Lab (online).

„Block matrix approximation via entropy loss function and Frobenius norm”, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, 27 listopada 2020, **M. Mokrzycka** prezentacja ustna na Seminarium Środowiskowym.



## *Organizacja przedsięwzięć promujących i popularyzujących wyniki badań naukowych*

- 29 października 2020, artykuł na portalu sekcji Rzecz o Innowacjach [www.rzecz.pl](http://www.rzecz.pl) „Nie straszny im stres i wysoka temperatura!”, **K. Mikołajczak**.
- 29 marca 2020, Wywiad-opinia nt. produkcji w roślinach potencjalnej szczepionki przeciwko SARS-CoV2 „Szczepionka przeciw COVID-19 produkowana w liściach tytoniu? Innowacyjne rozwiązanie”, **T. Pniewski** (red. M. Ważna): <https://www.medonet.pl/koronawirus-pytania-i-odpowiedzi/leczenie-koronawirusa,szczepionka-przeciw-covid-19-produkowana-w-lisciach-tytoniu--innowacyjne-rozwiazanie,artykul,20968776.html>.
- 31 marca 2020, Wywiad-opinia nt. produkcji w roślinach potencjalnej szczepionki i przeciwciał przeciwko SARS-CoV2 „W walce z koronawirusem mogą pomóc szczepionki i przeciwciała produkowane w roślinach”, **T. Pniewski**:  
<https://pap-mediroom.pl/zdrowie-i-styl-zycia/w-walce-z-koronawirusem-moga-pomoc-szczepionki-i-przeciwciala-produkowane-w>  
<https://www.pap.pl/centrum-prasowe/616890%2Cw-walce-z-koronawirusem-moga-pomoc-szczepionki-i-przeciwciala-produkowane-w>  
<http://kurier.pap.pl/zdrowie/w-walce-z-koronawirusem-moga-pomoc-szczepionki-i-przeciwciala-produkowane-w-roslinach>
- 22 stycznia 2020, seminarium Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Poznaniu, wykład pt.: „Rzepak - poliploidalna roślina modelowa w badaniach zależności między strukturą genomu a funkcją genów i ich wpływem na programy hodowlane”, **D. Babula-Skowrońska**.
- 14 lutego 2020, Gospodarstwo Nasienne Piotr i Bogusław Dukiewicz, Kalsk (sala LODR), w ramach regionalnej konferencji nt. „Uprawy strączkowych i innowacji w dolistnym dokarmianiu roślin”. **W. Świącicki**, wykład pt. „Zwiększenie stabilności i jakości plonu nasion wysokobiałkowych roślin strączkowych”.
- 20 listopada 2020, Agroport Bartoszyce „Niektóre aspekty rynku krajowego na przykładzie Klastra AGROPORT Bartoszyce”, **W. Świącicki**, wykład pt. „Nowe metody i techniki dla ulepszenia wartości odmian roślin strączkowych”.
- 11 grudnia 2020, Webinarium: Rodzime białko roślinne, jako czynnik bezpieczeństwa białkowego kraju. UP Poznań, **W. Świącicki**, wykład „Nowe metody i techniki dla ulepszenia wartości odmian roślin strączkowych”.

## 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. Redaktor Naczelny – prof. dr hab. Marek Świtoński. Od 2011 r. wydawcą jest Springer Verlag GmbH Berlin Heidelberg. dostęp online: Wirtualna Biblioteka Nauki, kolekcja Springer. Aktualny IF<sub>2019</sub> = 2,027.  
<http://www.springer.com/life+sciences/journal/13353>.

# INFORMACJE O DZIAŁALNOŚCI NAUKOWEJ

## WAŻNIEJSZE OSIĄGNIĘCIA

### I. Zakład Biologii Stresów Środowiskowych

#### *Zespół Fizjologii Molekularnej i Cytogenetyki Roślin*

Po raz pierwszy opisano reakcję trawy pastewnej *Festuca glaucescens* na deficyt wody i powtórne nawodnienie na poziomie fizjologiczno-molekularnym, w oparciu o analizę funkcjonowania jej aparatu fotosyntetycznego i enzymatycznego systemu antyoksydacyjnego. Wykazano, że istotną rolę w wykształceniu tolerancji suszy u tego gatunku odgrywa poziom aktywności antyoksydacyjnej komórek, w tym poziom akumulacji i aktywności katalazy.

Lechowicz K., Pawłowicz I., Perlikowski D., Arasimowicz-Jelonek M., Majka J., Augustyniak A., Rapacz M., Kosmala A. (2020). Two *Festuca* species - *F. arundinacea* and *F. glaucescens* - differ in the molecular response to drought, while their physiological response is similar. *International Journal of Molecular Sciences* 21(9): 3174. DOI: 10.3390/ijms21093174

#### *Zespół Regulacji Ekspresji Genów*

- Uzyskanie roślin transgenicznych *Solanum tuberosum* odm. Desiree z nadekspresją genów *StBBX4*, *StBBX22* i *StBBX20*.
- Przygotowanie wektora pERaRb umożliwiającego niezależne wklonowanie dwóch guide RNA, w którym każde guide RNA ma własny promotor i własny scaffoldRNA.
- Przygotowanie wektora pERaRb-TUCas9 do przejściowej transformacji protoplastów *Solanum tuberosum*.

### II. Zakład Biometrii i Bioinformatyki

#### *Zespół Biometrii i Bioinformatyki*

Opracowano metodę semantycznego opisu i modelowania wyników analizy statystycznej danych ilościowych prowadzonej za pomocą mieszanego modelu liniowego. Metoda ta pozwala na automatyczne przetwarzanie i ustrukturyzowane przechowywanie informacji o modelu i rezultatach analiz dla doświadczeń prowadzonych w badaniach genetycznych i hodowlanych.

#### *Zespół Ewolucji Funkcji Systemów Biologicznych*

Na drodze analiz porównawczych zgromadzono dowody wspierające hipotezę o istotnej roli selektywnej delecji genów w utrzymaniu zdolności wiązania azotu atmosferycznego w wyniku symbiozy z bakteriami z grupy *Rhizobium* wśród przedstawicieli starych ewolucyjnie linii *Fabaceae* (*Caesalpinioideae*, *Mimosoideae*). W pracach wykorzystano dane z ponad 70 gatunków roślin o zróżnicowanej zdolności do nodulacji, a zgromadzone rezultaty obejmują nieopisywane do tej pory w literaturze rodziny kandydackie oraz istotnie nowe dane transkryptomiczne.

### III. Zakład Biotechnologii

#### *Zespół Bioinżynierii*

Dane doświadczalne: cechy biometryczne, parametry fluorescencji i zawartość chlorofilu oraz wyciek elektrolitów wraz z analizą statystyczną, umożliwiły selekcję, spośród 19 z kolekcji IGR, genotypów miskanta chińskiego o skrajnie niskiej (Low Cold Tolerant) –

Ms12 i wysokiej (High Cold Tolerant) – Ms16 tolerancji na stres chłodu. Genotypy te będą stanowić materiał badawczy w szczegółowych analizach podstaw molekularnych, biochemicznych i fizjologicznych tolerancji miskanta na chłód.

#### ***Zespół Fenotypowania i Genotypowania Zbóż***

Zintegrowane badania dostarczyły nowej wiedzy o adaptacji roślin do warunków stresowych. Wyznaczono geny zaangażowane w procesy zależne od brassinosteroidów w kontekście reakcji jęczmienia na suszę. Wytypowano genotypy jęczmienia o największym potencjale wzrostu korzeni podczas suszy, a jednocześnie dobrze plonujące w warunkach polowych. Mogą one stanowić źródło korzystnych alleli w selekcji odmian o stabilnej wydajności plonowania w niekorzystnych warunkach przy ograniczonym dostępie wody.

### **IV. Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin**

#### ***Zespół Struktury i Funkcji Mikrobiomu Roślin***

Poznano podstawy reakcji pszenicy na inokulację grzybami *Trichoderma*; zidentyfikowano w roślinach istotne zmiany morfo-fizjologiczne, anatomiczne i na poziomie funkcjonalnym genomu; zaobserwowano, że zakres tych zmian zależy od gatunku *Trichoderma*, odmiany pszenicy, organu rośliny, jej stadium rozwojowego i warunków uprawy. Wykrycie tych zależności jest istotne w aspekcie wykorzystania grzybów *Trichoderma* jako induktorów wzrostu i reakcji odpornościowych roślin w ochronie biologicznej.

#### ***Zespół Fitopatologii Molekularnej***

Opracowano sposób łącznej detekcji terpenów i kanabidiolu (CBD) metodą chromatografii gazowej z detekcją płomieniowo-jonizacyjną (GC FID) i przy jej wykorzystaniu wykryto CBD i 29 terpenów w liściach i kwiatostanach konopi siewnej (*Cannabis sativa* L.). Całkowity czas detekcji metodą GC FID trwa 16 min., limit detekcji jest satysfakcjonujący i wynosi 0,03–0,27 µg/mL w zależności od wykrywanego związku, natomiast limit oznaczeń ilościowych waha się w granicach 0,10–0,89 µg/mL. (We współpracy z Uniwersytetem w Turynie, Włochy.)

### **V. Zakład Genomiki**

#### ***Zespół Struktury i Funkcji Genów***

Metodą mapowania asocjacyjnego zidentyfikowano w kolekcji nasiennej łubinu wąskolistnego geny warunkujące wczesność kwitnienia i dojrzewania oraz wysoki plon nasion. Są to geny ze szlaków indukcji kwitnienia w odpowiedzi na wernalizację i fotoperiod, geny kontrolujące reakcję na stresy środowiskowe oraz geny związane ze sprawnym działaniem aparatu fotosyntetycznego. Dla najważniejszych loci opracowano markery umożliwiające selekcję pożądanych form przy pomocy prostych technik laboratoryjnych.

#### ***Zespół Genomiki Porównawczej Roślin Strączkowych***

W ramach kompleksowych badań nad wykorzystaniem roślin strączkowych w zapewnieniu bezpieczeństwa białkowego kraju (Program Wieloletni) uzyskano wyniki przydatne dla praktyki i hodowli. Określono poziom ekspresji genów odpowiedzialnych za zawartość oligosacharydów w nasionach grochu, wyodrębniono korzystny skład jakościowy rafinozy: stachiozy:werbaskozy. Wskazano geny kandydackie zaangażowane w syntezę/akumulację alkaloidów u łubinu białego i żółtego na podstawie danych transkryptomicznych.

### ***Zespół Genomiki Zbóż***

W wyniku przekrzyżowań wewnątrzgatunkowych pszenicy wytypowano z użyciem identyfikacji molekularnej 5 form pszenicy ozimej ze spiramidyzowanymi genami *Pch1* i *Pch2*, podwyższającymi odporność na patogeny z rodzaju *Oculimacula*. Wyselekcjonowano również z zastosowaniem markerów fenotypowych 10 genotypów pszenżyta ozimego o podwyższonej odporności na patogeny z rodzaju *Fusarium*.

## **VI. Zakład Zintegrowanej Biologii Roślin**

### ***Zespół Biologii Systemów Roślinnych***

Opisano zjawisko regulacji odpowiedzi *Arabidopsis thaliana* na infekcję *P. brassicae* przez czynniki zaangażowane w regulację metabolizmu poliamin oraz przekazu sygnałowego charakterystycznego dla obecności tych związków. Praca naukowa we współpracy z Prof. Yka Hellariutta z Sinsbury Laboratory, University of Cambridge. Wykazano, że oddziaływanie molekularne poliamin z czynnikami zaangażowanymi w przemiany RNA wpływa na długodystansową koordynację aktywności kambium oraz zmiany różnicowania wiązek przewodzących obserwowane w trakcie infekcji *Arabidopsis thaliana* przez *Plasmodiophora brassicae*.

### ***Zespół Nanobiotechnologii i Biosyntezy Metabolitów Wtórnych***

Universal method for the establishment of cell suspension and shoot cultures of the genus *Hypericum* has been developed. It revealed the changes of secondary metabolism and related signalling events in *H. perforatum* challenged with metal and metal oxide nanoparticles. An alternative pathway for the biosynthesis of emodin and hypericin has been identified in *H. perforatum*.

## SPRAWOZDANIE Z REALIZACJI BADAŃ

### ZAKŁAD BIOLOGII STRESÓW ŚRODOWISKOWYCH

Kierownik: prof. dr hab. Arkadiusz Kosmala

*Mechanizmy adaptacji roślin do stresowych warunków środowiska*

#### **Zespół Regulacji Ekspresji Genów**

Kierownik Zespołu dr hab. Agnieszka Kielbowicz-Matuk

Skład Zespołu dr Anna Kasprzewska  
mgr inż. Magdalena Biegańska  
mgr Klaudia Grądzka (stypendystka)  
mgr inż. Urszula Talar (doktorantka)

Liczba N 2

#### **Współautorstwo publikacji**

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MNiSW	1
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	<b>1</b>

#### **Projekty wykonywane w Zespole**

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zespole	Udział w projektach innych Zespołów IGR PAN i zewnętrznych
UE	-	-
Inny międzynarodowy	-	-
Rządowy	-	-
NCN/NCBiR/POIG	1	1
MRiRW	-	-
Inny	-	-
Ogółem	1	1

#### **Projekty kierowane w Zespole**

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu; środki finansowe ogółem; środki finansowe ogółem	Kierownik; wykonawcy
1.	Narodowe Centrum Nauki Typ projektu: OPUS 15 Tytuł: „Funkcja białka jądrowego	A. Kielbowicz-Matuk; M. Biegańska, K. Grądzka, I. Pawłowicz

	StBBX20 w regulacji czasu kwitnienia i tuberyzacji u ziemniaka uprawnego”, Nr 2018/29/B/NZ9/01457 Okres realizacji: 1 marca 2019 – 1 marca 2022; 1 096 240 zł	
--	--	--

## 1. Opis prac badawczych Zespołu.

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

**Projekt NCN OPUS 15** pt.: „Funkcja białka jądrowego StBBX20 w regulacji czasu kwitnienia i tuberyzacji u ziemniaka uprawnego”.

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

Chcielibyśmy uzyskać odpowiedź na następujące pytania:

1. Czy białko StBBX20 jest bezpośrednio zaangażowane w regulację wzrostu wegetatywnego i generatywnego?
2. Jakie inne białka z domeną palca cynkowego są zaangażowane w indukcję kwitnienia i proces tuberyzacji u ziemniaka uprawnego?

### Syntetyczny opis zrealizowanych prac:

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

W 2020 roku uzyskano rośliny transgeniczne *S. tuberosum* z nadekspresją genów *StBBX20*, *StBBX4*, *StBBX22* i *StZPR1*. Uzyskane linie transgeniczne są aktualnie analizowane na poziomie molekularnym.

Rozpoczęto badania zmierzające do edytowania przy pomocy techniki CRISPR-Cas9 genów *StBBX20*, *StBBX4*, *StBBX22* i *StZPR1* u *Solanum tuberosum*. W ramach tych prac dla każdego z genów przygotowano kolekcję guide RNA poprzez wklonowanie ich do wektora pEn-Chimera pomiędzy promotor a sekwencję scaffoldRNA. Wektor pEn-Chimera jest częścią systemu Gateway i służy do wprowadzania konstrukcji genowych do wektora binarnego, w tym przypadku do wektora pDe-Cas9 kodującego nukleazę Cas9. Aktywność guide RNA względem badanych genów: *StBBX20*, *StBBX4*, *StBBX22* i *StZPR1* została wstępnie sprawdzona w warunkach *in vitro*. Te guide RNA, które okazały się być aktywne i prowadziły do przecięcia fragmentu badanego genu w obecności nukleazy Cas9, zostały wyselekcjonowane do dalszych badań. Ponadto, w Zespole przez dr A. Kasprzewską został stworzony wektor pERaRb, który umożliwił niezależne wklonowanie dwóch guide RNA. Każde z tych guide RNA ma własny promotor i własny scaffoldRNA, co powinno umożliwić transkrypcje obu guideRNA w transformowanej roślinie. Powstawanie dwóch gRNA rozpoznających ten sam gen zwiększa prawdopodobieństwo wygenerowania delekcji fragmentu genu znajdującego się pomiędzy rozpoznawanymi sekwencjami. Rekombinacja

wektora pERaRb niosącego dwie sekwencje guide RNA z wektorem pDe-Cas9 pozwoliła uzyskać kolekcję wektorów binarnych: pDe-Cas9-StBBX20, pDe-Cas9-StBBX4, pDe-Cas9-StBBX22 oraz pDe-Cas9-StZPR1 umożliwiających stabilną transformację roślin. Wektory te zostały wprowadzone do *Agrobacterium tumefaciens*, a następnie wykorzystane do transformacji roślin *Solanum tuberosum*. Aktualnie trwają prace nad uzyskaniem roślin transgenicznych z mutacją typu knockout dla genów *StBBX20*, *StBBX4*, *StBBX22* i *StZPR1*. Dodatkowo dr A. Kasprzewska przygotowała wektor pERaRb-TUCas9 do przejściowej transformacji protoplastów *Solanum tuberosum*. Wektor ten poza dwoma miejscami do klonowania guide RNA ma także jednostkę transkrypcyjną kodującą nukleazę Cas9.

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

**Cel badań:** Wiązanie czynników transkrypcyjnych należących do rodziny YABBY do wybranych elementów *cis*-regulatorowych w rejonach promotorowych genów kodujących oksydazy giberelinowe u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.).

#### **Syntetyczny opis zrealizowanych prac:**

W ramach współpracy w projekcie Harmonia, przeprowadzono wiązanie 6 białek YABBY do wyselekcjonowanych fragmentów DNA w rejonie promotorowym genów *HvGA20ox1*, *HvGA20ox2* (*sdw1*) i *HvGA20ox3*. Analizę wiązania białko-DNA przeprowadzono w warunkach *in vitro* za pomocą techniki przesunięcia ruchliwości elektroforetycznej (ang. Electrophoresis Mobility Shift Assays, EMSA).

## **2. Lista publikacji Zespołu wydanych w 2020 r.**

Grądzka K., **Kielbowicz-Matuk A.** (2020) Białka B-box u roślin – heterogeniczność strukturalna i funkcjonalna. *Postępy Biologii Komórki* 47 (3): 225–246.

**IF=0.163 MNiSW= 20**

## **Zespół Fizjologii Molekularnej i Cytogenetyki Roślin**

Kierownik Zespołu      prof. dr hab. Arkadiusz Kosmala

Skład Zespołu            dr Danuta Babula-Skowrońska  
                                 dr Tomasz Książczyk (do 23.07.2020)  
                                 dr hab. Izabela Pawłowicz  
                                 dr Joanna Majka  
                                 dr Dawid Perlikowski  
                                 mgr inż. Włodzimierz Zwierzykowski  
                                 mgr Adam Augustyniak (doktorant, do 31.10.2020)  
                                 mgr Joanna Fidler (doktorantka, do 31.05.2020)  
                                 mgr Katarzyna Lechowicz (doktorantka do 30.11; biolog od  
                                 1.12.2020)  
                                 mgr Natalia Żyła (doktorantka)

Liczba N                    5 i 1/12

### **Współautorstwo publikacji**

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MNiSW	10
Poza listą	-
Monografie i rozdziały	-
Inne	-
Ogółem	10

### **Projekty wykonywane w Zespole**

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zespole	Udział w projektach innych Zespołów IGR PAN i zewnętrznych
UE	-	-
Inny międzynarodowy	-	1
Rządowy	-	-
NCN/NCBiR/POIG	3	3
MRiRW	1	1
Inny	-	-
Ogółem	4	5

### **Projekty kierowane w Zespole**

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu; środki finansowe ogółem	Kierownik; wykonawcy
1	NCN; OPUS 12 „Wgląd w molekularne mechanizmy tolerancji deficytu wody i regeneracji po jego ustąpieniu	A. Kosmala; I. Pawłowicz, K. Lechowicz (IGR PAN), M. Arasimowicz-Jelonek (UAM, Poznań)



	u wybranych gatunków i mieszańców traw pastewnych kompleksu <i>Lolium-Festuca</i> ”, nr 2016/23/B/NZ9/00820, 2017-07-03; 2021-07-02; 796 283 zł.	
2	NCN; OPUS 12 „Plastyczność odpowiedzi poliploidów na stresy środowiskowe: zbadanie regulonu ABI1/HB6 w warunkach stresów solnego i suszy u rzepaku ( <i>Brassica napus</i> L.)”, nr 2016/23/B/NZ9/02175, 2017-07-26; 2021-07-25; 975 450 zł.	D. Babula-Skowrońska; J. Fidler, N. Żyła (IGR PAN), T. Cegielska-Taras (IHAR, Poznań), L. Szała (IHAR, Poznań), A. Ludwików (UAM, Poznań), A. Cieśla (UAM, Poznań)
3	NCN; PRELUDIUM 13 „Analiza molekularnych mechanizmów mrozoodporności u form introgressywnych <i>Lolium multiflorum/Festuca arundinacea</i> ”, nr 2017/25/N/NZ9/00001, 2018-02-01; 2020-01-31; 119 760 zł	A. Augustyniak; A. Kosmala – opiekun naukowy
4	MRiRW; Postęp biologiczny w produkcji roślinnej „Identyfikacja genów związanych z ekspresją zimotrwałości i tolerancji suszy u form introgressywnych <i>Lolium multiflorum/Festuca arundinacea</i> ”, projekt nr 35, 2014-01-01; 2020-12-31; 135 000 zł na rok 2020	A. Kosmala; A. Augustyniak, K. Lechowicz, D. Perlikowski, I. Pawłowicz, W. Zwierzykowski, Z. Zwierzykowski, A. (IGR PAN), Płazek (UR w Krakowie), E. Pocięcha (UR w Krakowie), M. Rapacz (UR w Krakowie), E. Paszkowski (DANKO HR)

### 1. Opis prac badawczych Zespołu.

**Streszczenie:** Badano reakcję aparatu fotosyntetycznego i enzymatycznego systemu antyoksydacyjnego na suszę i niską temperaturę u traw kompleksu *Lolium-Festuca* oraz analizowano fizjologiczno-molekularne wskaźniki tolerancji tych stresów u traw. Ponadto, badano mechanizmy kontrolujące komórkową sieć interakcji genów w układzie ABI1/HB6 u *Brassica napus*. Analizowano wzory ekspresji zduplikowanych genów *BnaABI1* i *BnaHB6* oraz oddziaływania izoform białek kodowanych przez te geny w warunkach stresów abiotycznych.

## Projekty kierowane w zespole:

**NCN; OPUS 12** „Wgląd w molekularne mechanizmy tolerancji deficytu wody i regeneracji po jego ustąpieniu u wybranych gatunków i mieszańców traw pastewnych kompleksu *Lolium-Festuca*”; celem prowadzonych badań jest poznanie odpowiedzi fizjologicznej oraz reakcji aparatu fotosyntetycznego i systemu antyoksydacyjnego na warunki deficytu wody oraz ponownego nawodnienia u gatunków *F. arundinacea* i *F. glaucescens* oraz u form introgresywnych *L. multiflorum/F. arundinacea*. W obrębie każdej grupy badane są rośliny o zróżnicowanym poziomie tolerancji suszy. W 2020 r. analizowano aktywność enzymów antyoksydacyjnych (peroksydazy askorbinianowej i glutationowej, katalazy, reduktazy glutationowej i dysmutazy nadadtlenkowej) oraz ekspresję genów kodujących te enzymy. Prowadzono również badania nad rolą tlenu azotu w reakcji traw na suszę; prace w tym kierunku są kontynuowane. W 2020 r. dokonano także podsumowania dotychczas uzyskanych wyników i opublikowano je w dwóch artykułach. Jak dotąd wykazano, że *F. arundinacea* i *F. glaucescens* charakteryzowały się podobną reakcją fizjologiczną na deficyt wodny oraz ponowne nawodnienie, pomimo odmiennej dynamiki pobierania wody z gleby oraz różnic w poziomie akumulacji ABA. Ponadto wykazano, że *F. arundinacea* odznaczała się stabilną wydajnością cyklu Calvina w warunkach suszy. Z kolei *F. glaucescens*, charakteryzowała się dostosowaniem enzymatycznego systemu antyoksydacyjnego do warunków suszy. W przypadku form introgresywnych stwierdzono, że forma o wyższym poziomie tolerancji suszy wykazywała większą stabilność błon biologicznych i wyższą akumulację ABA już w początkowej fazie stresu. Charakteryzowała ją również zdolność adaptacji cyklu Calvina i enzymatycznego systemu antyoksydacyjnego do warunków suszy. Natomiast forma introgresywna o niższym poziomie tolerancji regenerowała błony biologiczne po ponownym nawodnieniu oraz akumulowała więcej triacylogliceroli podczas suszy. Ponadto wykazano, że pomimo istotnych różnic w gęstości rozmieszczenia aparatów szparkowych na powierzchni liścia oraz ich wielkości, obie formy introgresywne charakteryzowały się zbliżonym poziomem transpiracji oraz przewodności szparkowej.

**NCN; PRELUDIUM 13** „Analiza molekularnych mechanizmów mrozoodporności u form introgresywnych *Lolium multiflorum/Festuca arundinacea*”; celem prowadzonych badań było poznanie roli aparatu fotosyntetycznego i antyoksydacyjnego w procesie hartowania na mróz traw kompleksu *Lolium-Festuca*. Badania realizowano w oparciu o dwie formy introgresywne różniące się poziomem mrozoodporności. Realizacja projektu została zakończona. W 2020 r. dokonano przede wszystkim podsumowania dotychczas uzyskanych wyników i je opublikowano. W ramach projektu analizowano stopień uszkodzenia błon biologicznych w komórce (poziom wpływu elektrolitów i peroksydacji lipidów), ilość generowanego nadtlenu wodoru i anionorodnika nadadtlenkowego, parametry fluorescencji chlorofilu i wymiany gazowej, poziom akumulacji i aktywność wybranych enzymów cyklu Calvina i systemu antyoksydacyjnego oraz poziom akumulacji transkryptów genów kodujących te enzymy. Wykazano, że forma introgresywna o wyższym poziomie mrozoodporności charakteryzowała się większą integralnością błon biologicznych w komórce, niższym poziomem generowania reaktywnych form tlenu oraz bardziej wydajnym enzymatycznym systemem antyoksydacyjnym w niskiej temperaturze. Z kolei, w oparciu o wyniki analizy poziomu asymilacji CO<sub>2</sub>, aktywności aldolazy fruktozo-1,6-bisfosforanowej oraz parametrów fluorescencji chlorofilu, w tym maksymalnej wydajności fotochemicznej fotosystemu II, wykazano, że bardziej mrozoodporna forma miała zdolność do hartowania aparatu fotosyntetycznego w niskiej temperaturze.

**MRiRW**; Postęp biologiczny w produkcji roślinnej „Identyfikacja genów związanych z ekspresją zimotrwałości i tolerancji suszy u form introgresywnych *Lolium multiflorum*/*Festuca arundinacea*”; celem projektu była selekcja tetraploidalnych form introgresywnych *L. multiflorum*/*F. arundinacea* tolerujących abiotyczne i biotyczne czynniki stresowe oraz identyfikacja fizjologicznych i molekularnych wskaźników tolerancji stresów. Realizacja projektu została zakończona. W 2020 r. analizowano przede wszystkim poziom akumulacji transkryptu i białka w warunkach suszy (akwaporyny tonoplastowe tip 1-1 i tip 1-2) oraz w warunkach hartowania na mróz (Cor14b i Wcor80) u form BC<sub>6</sub> różniących się poziomem tolerancji. W ramach realizacji projektu wyselekcjonowano formy introgresywne o stosunkowo wysokim poziomie zimotrwałości, mrozoodporności, tolerancji suszy oraz odporności na porażenie patogenami. Wykazano również m.in. że poziom akumulacji transkryptu i białka dla genu *Cor14b* może być wskaźnikiem stopnia mrozoodporności u traw. Z kolei, poziom akumulacji białek tip 1-1 i tip 1-2 w warunkach deficytu wodnego może być wskaźnikiem stopnia tolerancji suszy.

**NCN; OPUS 12** „Plastyczność odpowiedzi poliploidów na stesy środowiskowe: zbadanie regulonu ABI1/HB6 w warunkach stresów solnego i suszy u rzepaku (*Brassica napus* L.)”; celem projektu jest zbadanie komórkowej sieci interakcji genów kontrolowanych przez układ ABI1/HB6 u *Brassica napus* w warunkach stresów. *BnaHB6* należy do rodziny specyficznych dla roślin czynników transkrypcyjnych HD-Zip klasy I, które są zaangażowane w regulację wzrostu roślin, rozwój oraz odpowiedź na czynniki stresowe. U rzepaku zidentyfikowano 4 kopie genu *BnaHB6* wykazujące wysoki stopień homologii sekwencji kodującej i białkowej oraz zróżnicowany wzór ekspresji w warunkach stresu solnego i suszy. Natomiast fosfatazy białkowe *PP2CA*, w tym *ABII* są kluczowymi elementami i negatywnymi regulatorami wczesnych etapów sygnalizacji ABA. U rzepaku zidentyfikowano 6 kopii genu *BnaABII*, które ujawniły zróżnicowane wzory ekspresji w różnych organach, na różnych etapach rozwoju, w cyklu dobowym oraz w odpowiedzi na stres solny i suszę. Po raz pierwszy pokazano, że złożoność sieci interakcji u *B. napus* jest wynikiem zmian we wzorach ekspresji zduplikowanych genów *BnaABII* i *BnaHB6* oraz zmian w oddziaływaniach izoform obu białek. Wykazano, że geny *BnaA01ABII* i *BnaA09HB6* ulegają ko-ekspresji w stresie solnym, a kodowane przez nie białka fizycznie oddziałują ze sobą. Natomiast *BnaC07ABII* i *BnaA09HB6* pokazały zróżnicowane wzory ekspresji po ekspozycji roślin na stres solny; natomiast kodowane przez nie białka wykazały brak oddziaływania. Podjęto próbę wyciszenia funkcji wszystkich czterech paralogów genu *BnaHB6*, a także jego pojedynczych kopii u rzepaku w oparciu o technologię CRISPR/Cas9. Przygotowano 8 kaset ekspresyjnych gRNA składających się z promotora genu U3 lub U6 snRNA oraz różnych sekwencji gRNA, które mogą wygenerować mutacje indukowane Cas9 w genach *BnaHB6*. Dwa z tych konstruktów zostały wprowadzone do rzepaku przy wykorzystaniu techniki agrotransformacji zarodków mikrosporowych. Otrzymano 8 oraz 20 transgeniczných roślin rzepaku dla każdego z konstruktów.

### **Projekty wykonywane we współpracy:**

**UEB CAS; nr 20-10019S** Genomic dominance as a force shaping evolution of plant wide hybrids; dr David Kopecký. Celem projektu jest analiza mechanizmów związanych z dominacją (sub)-genomu u mieszańców międzygatunkowych kompleksu *Festuca-Lolium*, tj. otrzymanych w wyniku krzyżowania *F. pratensis*, *L. multiflorum*, *F. glaucescens* oraz u mieszańców *Allium cepa* × *Allium roylei*. W pierwszy roku projektu przeprowadzono analizę konstytucji genomów otrzymanych mieszańców (określono wpływ komponentów

rodzicielskich na dominację (sub-genomu), przeprowadzono analizę kwitnienia mieszańców, potencjału zapylenia (analiza wzrostu łagiewek pyłkowych), parowania chromosomów w mejozie oraz kiełkowania otrzymanych nasion dla poszczególnych kombinacji roślin mieszańcowych; J. Majka

**MRiRW** "Identyfikacja rejonów w genomie grochu warunkujących wybrane parametry sprawności fizjologicznej jako istotnego elementu odporności na stresy abiotyczne", HOR hn-801-8/14 zad. 40; 2014-01-01; 2020-12-31; kierownik projektu W. Święcicki. Członek zespołu brał udział w wykonaniu zadania: „Ocena parametrów fotosyntetycznych w 16 liniach grochu w warunkach kontrolowanych, przy optymalnym zaopatrzeniu w azot i jego niedoborze”; K. Lechowicz

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

**NCN; OPUS 11** „Rola transportu floemowego w adaptacji grochu do warunków niedoboru wody”, nr 2016/21/B/NZ9/02020, 2017-01-12; 2021-01-11; kierownik projektu R. Malinowski. Celem badań jest zweryfikowanie hipotezy dotyczącej udziału zmian strukturalnych oraz funkcjonalnych w obrębie floemu w reakcji roślin grochu na okresowy niedobór wody w podłożu. Założono, że istnieje zależność pomiędzy zdolnością roślin do przebudowy/rozwoju tkanki floemowej oraz transportem cukrów, a ich zdolnością do zmiany właściwości osmotycznych komórki w trakcie suszy. Członkowie zespołu brali udział w projektowaniu i prowadzeniu analiz związanych z fizjologiczną odpowiedzią grochu na suszę; A. Kosmala, D. Perlikowski

**NCN; OPUS 13** „Role enzymów litycznych i mykotoksyn wytwarzanych przez grzyby *Fusarium* w procesie patogenezy, oraz metabolitów odpowiedzialnych za odpowiedź obronną roślin” nr 2017/25/B/NZ9/01210, 2018-02-09; 2022-02-08; kierownik projektu Ł. Stępień. Wykonane zadanie badawcze przez członka zespołu: "Optymalizacja metodyki ekstrakcji i oczyszczania RNA z kultur *F. proliferatum* i *F. oxysporum* z dodatkiem dwóch odmian grochu”; I. Pawłowicz

## 2. Lista publikacji Zespołu wydanych w 2020 r.:

**Lechowicz K., Pawłowicz I., Perlikowski D., Arasimowicz-Jelonek M., Blicharz S., Skirycz A., Augustyniak A., Malinowski R., Rapacz M., Kosmala A.** (2020). Adjustment of photosynthetic and antioxidant activities to water deficit is crucial in the drought tolerance of *Lolium multiflorum*/*Festuca arundinacea* introgression forms. *International Journal of Molecular Sciences* 21(16): 5639. DOI: 10.3390/ijms21165639.

**IF=4,556 MNiSW=140**

**Augustyniak A., Pawłowicz I., Lechowicz K.,** Izbiańska-Jankowska K., Arasimowicz-Jelonek M., Rapacz M., **Perlikowski D., Kosmala A.** (2020). Freezing tolerance of *Lolium multiflorum*/*Festuca arundinacea* introgression forms is associated with the high activity of antioxidant system and adjustment of photosynthetic activity under cold acclimation. *International Journal of Molecular Sciences* 21(16): 5899. DOI: 10.3390/ijms21165899. **IF=4,556 MNiSW=140**

**Lechowicz K., Pawłowicz I., Perlikowski D.,** Arasimowicz-Jelonek M., **Majka J., Augustyniak A.,** Rapacz M., **Kosmala A.** (2020). Two *Festuca* species - *F. arundinacea* and *F. glaucescens* - differ in the molecular response to drought, while their physiological response is similar. *International Journal of Molecular Sciences* 21(9): 3174. DOI: 10.3390/ijms21093174. **IF=4,556 MNiSW=140**

Jakubowicz M., Nowak W., Gałgański Ł., **Babula-Skowrońska D.,** Kubiak P. (2020). Expression profiling of the genes encoding ABA route components and the ACC oxidase isozymes in the senescing leaves of *Populus tremula*. *Journal of Plant Physiology* 248: 153143. DOI: 10.1016/j.jplph.2020.153143, **IF=3,013 MNiSW=100**

Sosnowska K., Majka M., **Majka J.,** Bocianowski J., Kasproicz M., **Książczyk T.,** Szala L., Cegielska-Taras T. (2020). Chromosome instabilities in resynthesized *Brassica napus* revealed by FISH. *Journal of Applied Genetics* 61: 323–335. DOI: 10.1007/s13353-020-00557-5, **IF=2,027 MNiSW=100**

**Perlikowski D., Kosmala A.** (2020). Mechanisms of drought resistance in introgression forms of *Lolium multiflorum*/*Festuca arundinacea*, *Biologia Plantarum* 64: 497-503. DOI: 10.32615/bp.2020.076. **IF=1,601 MNiSW=70**

**Majka J.,** Majka M., Kopecký D., Doležel J. (2020). Cytogenetic insights into *Festulolium*. *Biologia Plantarum* 64: 598-603. DOI: 10.32615/bp.2020.095. **IF=1,601; MNiSW=70**

Boller B., Harper J., Willner E., Fuchs J., Glombik M., **Majka J.,** Mahelka V., Zhao C., Kopecký D. (2020). Spontaneous natural formation of interspecific hybrids within the *Festuca-Lolium* complex. *Biologia Plantarum* 64: 679-691. DOI: 10.32615/bp.2020.111, **IF=1,601 MNiSW=70**

Humphreys M.W., **Zwierzykowski Z.** (2020). Spontaneous natural formation of interspecific hybrids within the *Festuca-Lolium* complex. *Biologia Plantarum* 64: 578-590. DOI: 10.32615/bp.2020.108, **IF=1,601 MNiSW=70**

**Kosmala A., Augustyniak A., Perlikowski D., Zwierzykowski W.,** Paszkowski E. (2020). Identyfikacja genów związanych z ekspresją zimotrwałości i tolerancji suszy u form introgressywnych *Lolium multiflorum*/*Festuca arundinacea*. *Biuletyn IHAR* 291 (1): 199-200. DOI: 10.37317/biul-2020-PB65. **MNiSW=20** (short communication)

## ZAKŁAD BIOMETRII I BIOINFORMATYKI

Kierownik: dr hab. Grzegorz Koczyk

### *Informatyczna i statystyczna analiza białek i DNA*

#### **Zespół Biometrii i Bioinformatyki**

Kierownik Zespołu      prof. dr hab. Paweł Krajewski

Skład Zespołu            prof. dr hab. Zygmunt Kaczmarek (profesor emerytowany)  
dr Hanna Ćwiek-Kupczyńska  
mgr inż. Monika Mokrzycka  
mgr Maria Nuc (doktorantka)

Liczba N                    3

#### **Współautorstwo publikacji**

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MNiSW	10
Poza listą	-
Monografie i rozdziały	-
Inne	-
Ogółem	10

#### **Projekty wykonywane w Zespole**

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zespole	Udział w projektach innych Zespołów IGR PAN i zewnętrznych
UE	1	
Inny międzynarodowy		
Rządowy		1
NCN/NCBiR/POIG	3	3
MRiRW		1
Inny		
Ogółem	4	5

#### **Projekty kierowane w Zespole**

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu; środki finansowe ogółem	Kierownik; wykonawcy
1	Horyzont 2020; H2020-INFRAIA-2016-1; European Plant Phenotyping Network 2020 (Akronim: EPPN2020); 731013; 2017-05-01; 2021-10-30;	P. Krajewski; H. Ćwiek-Kupczyńska

	Krajewski Paweł (IGR PAN), Tardieu Francois (INRA; Francja); 279 846 zł	
2	NCN; HARMONIA 8; Regulacja ekspresji genu półkarłowatości sdw1/denso u jęczmienia ( <i>Hordeum vulgare</i> L.) i jej związek z architekturą i fizjologią roślin; 2016/22/M/NZ9/00251; 2017-04-17; 2021-04-16; Krajewski Paweł; 923 780 zł	P. Krajewski; A. Kiełbowicz-Matuk, K. Mikołajczak, A. Daszkowska-Golec (UŚ Katowice), K. Kaufmann (HU Berlin)
3	NCN; PRELUDIUM 11; Semantyczne porównywanie zasobów danych ilościowych; 2016/21/N/ST6/02358; 2017-02-24; 2020-08-23; Ćwiek-Kupczyńska Hanna; 89 360 zł	H. Ćwiek-Kupczyńska; P. Krajewski, A. Ławrynowicz (PP Poznań)
4	NCBiR; BIOSTRATEG; Zintegrowana strategia dla reaktywacji polskiej hodowli pszenicy heterozyjnej (Akronim: HYBRE); BIOSTRATEG3/343665/6/NCBR/2017; 2017-08-21; 2021-08-20; Krajewski Paweł (IGR PAN), Malepszy Stefan (SGGW); 265 675 zł.	P. Krajewski; M. Mokrzycka

## 1. Opis prac badawczych Zespołu.

Realizowano badania przewidziane harmonogramem projektów badawczych. Dotyczyły one metodologii modelowania statystycznego i semantycznego cech ilościowych obserwowanych w doświadczeniach z roślinami. Badano także mechanizmy molekularne odpowiedzialne za regulację poziomu giberelin u jęczmienia w stadium krzewienia roślin poprzez testowanie wiązania czynników transkrypcyjnych do motywów regulatorowych genów oksydaz giberelinowych. Opracowywano wyniki doświadczeń prowadzonych w celu identyfikacji komponentów przydatnych dla hodowli mieszańcowej pszenicy. Badania były prowadzone w szerokiej współpracy z partnerami krajowymi, także wewnątrz IGR PAN, i zagranicznymi.

**EPPN2020:** Celem projektu jest rozwój technologii fenotypowania roślin w warunkach kontrolowanych, m.in. poprzez udostępnianie platform do fenotypowania wysokoprzepustowego, i metod zarządzania uzyskiwanymi danymi. W 2020 roku ukończono prace nad standardem opisu danych fenotypowych MIAPPE (Minimum Information About a Plant Phenotyping Experiment) w wersji 1.1. Zaktualizowano także implementację tego standardu w modelu ISA-Tab (Papoutsoglou i in., 2020). Opracowano metodologię wykorzystania interfejsu wymiany danych BrAPI dla udostępniania zbiorów publicznych danych fenotypowych z bazy danych PlantPhenoDB

(<http://cropnet.pl/plantphenodb/>). Implementacja została zrealizowana we współpracy z grupą studentów w ramach realizacji projektu inżynierskiego na Wydziale Matematyki i Informatyki UAM.

**NCN; HARMONIA 8:** Celem projektu jest poznanie mechanizmów molekularnych odpowiedzialnych za regulację poziomu giberelin u jęczmienia w stadium krzewienia roślin. W roku 2020 badania dotyczyły analizy wiązania czynników transkrypcyjnych należących do rodziny YABBY u odmiany Bowman jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.) do wybranych elementów cis-regulatorowych w rejonach promotorowych genów HvGA20ox1, HvGA20ox2 (*sdw1*) i HvGA20ox3 kodujących oksydazy giberelinowe. Analizę wiązania białko-DNA przeprowadzono w warunkach *in vitro* za pomocą techniki przesunięcia ruchliwości elektroforetycznej (ang. Electrophoresis Mobility Shift Assays, EMSA). W tym celu sekwencję kodującą dla ośmiu wyselekcjonowanych genów YABBY amplifikowano metodą PCR na matrycy cDNA, z wykorzystaniem specyficznych starterów komplementarnych do końca 5' i 3' regionu kodującego danego genu. Syntezę cDNA prowadzono na matrycy totalnego RNA wyizolowanego z 50 mg liści lub 100 mg węzłów krzewienia. Uzyskane produkty DNA poddawano trawieniu enzymami restrykcyjnymi i klonowano w wektorze pSPUTK wykorzystywanym do translacji białek w warunkach *in vitro*. Matrycę do translacji białek YABBY stanowiło DNA plazmidowe wektora pSPUTK niosące sekwencję kodującą badanego genu YABBY. Detekcję białek YABBY na membranie prowadzono metodą Western blot. Amplifikację ośmiu wyselekcjonowanych elementów cis-regulatorowych w rejonie promotorowym genów HvGA20ox1, HvGA20ox2 (*sdw1*) i HvGA20ox3 przeprowadzono na matrycy genomowego DNA, wyizolowanego z 50 mg liści jęczmienia (*Hordeum vulgare* L., odm. Bowman). Oczyszczone produkty reakcji PCR klonowano w wektorze pGEM-T Easy; poprawność klonowanego DNA weryfikowano za pomocą sekwencjonowania. Następnie przeprowadzono znakowanie wyselekcjonowanych fragmentów DNA rejonu promotorowego genów HvGA20ox1, HvGA20ox2 (*sdw1*) i HvGA20ox3. Matrycę w reakcji PCR stanowiło plazmidowe DNA niosące odpowiedni element cis-regulatorowy. Jako startery użyto sekwencje komplementarne do wektora pGEM-T Easy. Wiązanie białek YABBY do wyselekcjonowanych fragmentów DNA w rejonie promotorowym genów HvGA prowadzono w temp. pokojowej. Do reakcji użyto 10 µl białka po translacji *in vitro* i 10 ng znakowanego białka dsDNA. Elektroforezę białek prowadzono w 13% żelu PAA w warunkach natywnych w buforze 0,5x TBE V. Przeprowadzono detekcję kompleksu białko-dsDNA. Wyniki badań będą wykorzystane w badaniach wiązania czynników transkrypcyjnych metodą ChIP-seq.

**NCN; PRELUDIUM 11:** Celem projektu było opracowanie metody porównywania zbiorów danych ilościowych pochodzących z eksperymentów fenotypowania roślin w oparciu o ich anotacje semantyczne. Na podstawie anotacji metadanych eksperymentalnych i wyników analizy statystycznej za pomocą mieszanego modelu liniowego opracowano metody wyszukiwania i miary podobieństwa zbiorów danych wykorzystujące semantyczne odległości terminów ontologicznych (Ćwiek-Kupczyńska i in., 2020). Zaimplementowano (w języku R) metody do przetwarzania anotacji i porównywania zbiorów danych. Wyniki przedstawiono w raporcie końcowym projektu.

**NCBiR; BIOSTRATEG HYBRE:** Celem projektu jest opracowanie strategii dla realizacji programu polskiej hodowli pszenicy heterozyjnej. Na podstawie doświadczeń prowadzonych przez 2 lata w czterech lokalizacjach, obejmujących 509 odmian i rodów hodowlanych pszenicy, wykonano mapowanie asocjacyjne (GWAS) dla sześciu cech: daty kwitnienia, daty kłoszenia, wysokości roślin, liczby ziaren w kłosie, wagi ziaren w kłosie i masy tysiąca ziaren. W mapowaniu użyto dane genotypowe typu SNP dla 13499 markerów



DARtseq. Analiza GWAS pozwoliła na wykrycie 8553 SNP o polimorfizmie istotnie związanym z co najmniej jedną cechą fenotypową (skorygowana p-wartość < 0.05), z czego 4715, 4575, 2261, 2124, 836, 2141 SNPów dotyczyło poszczególnych badanych cech. Efekty alleliczne dla markerów istotnie związanych z cechami fenotypowymi były ujemne lub dodatnie i, przykładowo dla MTZ, minimalny i maksymalny efekt wynosił -1,83 i 1,49 g. Ponieważ w warunkach hodowlanych ważny jest wynik fenotypowy, dlatego do wyboru znaczących asocjacji zostało dodane kryterium istotności praktycznej, czyli przynależności wartości efektu do skrajnych percentyli rozkładu. Przy takich założeniach liczba istotnych asocjacji wyniosła 741, z czego 264, 262, 238, 88, 17, 126 dotyczyło poszczególnych badanych cech. Frakcje asocjacji znalezionych w subgenomach A, B, D i Un wynosiły odpowiednio 30,9; 42,7; 25,1; 1,35%. Dla każdej z cech ponad 50% asocjacji dotyczyło SNP zlokalizowanych w obrębie genów. Za pomocą narzędzia VEP (Ensembl Plants) określono efekty translacyjne SNP o istotnych asocjacjach; jeden marker (dla cechy masa tysiąca ziaren) miał efekt translacji typu HIGH polegający na dodaniu kodonu STOP w jednym z genów związanych z aktywnością poligalakturonazy. Wyniki są przygotowywane do publikacji wspólnie z partnerami projektu.

## 2. Lista publikacji Zespołu wydanych w 2020 r.

Papoutsoglou E. A., Faria D., Arend D., Arnaud Ioannis E. N., Chaves A. I., Coppens F., Cornut G., Costa B. V., **Ćwiek-Kupczyńska H.**, Dreesbeke B., Finkers R., Gruden K., Junker A., King G. J., **Krajewski P.**, Lange M., Laporte M. A., Michotey C., Oppermann M., Ostler R., Poorter H., Ramírez-Gonzalez R., Ramšak Ž., Reif J. C., Rocca-Serra Ph., Sansone S. A., Scholz U., Tardieu F., Uauy C., Usadel B., Visser R. G. F., Weise S., Kersey P. J., Miguel C. M., Adam-Blondon A. F., Pommier C. (2020) Enabling reusability of plant phenomic datasets with MIAPPE 1.1. *New Phytologist* 227: 260-273. DOI: 10.1111/nph.16544.

**IF=8,512 MNiSW=140**

Plewiński, P., **Ćwiek-Kupczyńska H.**, Rudy E., Bielski W., Rychel-Bielska S., Stawiński S., Barzyk P., **Krajewski P.**, Naganowska B., Wolko B., Książkiewicz M. (2020) Innovative transcriptome-based genotyping highlights environmentally responsive genes for phenology, growth and yield in a non-model grain legume. *Plant, Cell & Environment* 43 (11): 2680-2698. DOI: 10.1111/pce.13880.

**IF=6,362 MNiSW=140**

**Ćwiek-Kupczyńska H.**, Filipiak K., Markiewicz A., Rocca-Serra Ph., Gonzalez-Beltran A. N., Sansone S. A., Millet E. J., Fred van Eeuwijk, Ławrynowicz A., **Krajewski P.** (2020) Semantic concept schema of the linear mixed model of experimental observations. *Scientific Data* 7: 70. DOI: 10.1038/s41597-020-0409-7.

**IF=5,541 MNiSW=140**

Piasecka A., Sawikowska A., Kuczyńska A., Ogrodowicz P., Mikołajczak K., **Krajewski P.**, Kachlicki P. (2020). Phenolic metabolites from barley in contribution to phenome in soil moisture deficit. *International Journal of Molecular Sciences* 21: 6032. DOI: 10.3390/ijms21176032.

**IF=4,556 MNiSW=140**

Mikołajczak K., Ogrodowicz P., **Ćwiek-Kupczyńska H.**, Weigelt-Fischer K., Mothukuri S.R., Junker A., Altmann J., Krystkowiak K., Adamski T., Surma M., Kuczyńska A., **Krajewski P.** (2020) Image phenotyping of spring barley (*Hordeum vulgare* L.)

RIL population under drought: selection of traits and biological interpretation. *Frontiers in Plant Science* 11: 743. DOI: 10.3389/fpls.2020.00743.

**IF=4,402 MNiSW=100**

Ogrodowicz P., Kuczyńska A., Mikołajczak K., Adamski T., Surma M., **Krajewski P., Ćwiek-Kupczyńska H.**, Kempa M., Rokicki M., Jasińska D. (2020) Mapping of quantitative trait loci for traits linked to fusarium head blight in barley. *PLOS ONE* 15(2): e0222375. DOI: 10.1371/journal.pone.0222375.

**IF=2,776 MNiSW=100**

Krótką K., Piętka T., Mikołajczyk K., Spasibionek S., Bartkowiak-Broda I., Michalski K., **Ćwiek-Kupczyńska H.**, Nowakowska J., Matuszczak M. (2020) Marker assisted selection of new high oleic and low linolenic winter oilseed rape (*Brassica napus* L.) inbred lines revealing good agricultural value, *PLOS ONE* 15 (6): e0233959. DOI: 10.1371/journal.pone.0233959.

**IF=2,740 MNiSW=100**

Filipiak K., Klein D., Markiewicz A., **Mokrzycka M.** (2020) Approximation with a Kronecker product structure with one component as compound symmetry or autoregression via entropy loss function. *Linear Algebra and its Applications* 610: 625-646. DOI: 10.1016/j.laa.2020.10.013.

**IF=0,988 MNiSW=100**

**Zisis D., Krajewski P.**, Stam M., Weber B., Hövel I. (2020) Analysis of 4C-seq data: A comparison of methods. *Journal of Bioinformatics and Computational Biology* 18 (01): 2050001. DOI: 10.1142/S0219720020500018

**IF=1,055 MNiSW=40**

Janiszewska M., Markiewicz A., **Mokrzycka M.** (2020) Block matrix approximation via entropy loss function. *Applications of Mathematics* 65 (6): 829-844. DOI: 10.21136/AM.2020.0023-20.

**IF=0,544 MNiSW=40**

### **Zespół Ewolucji Funkcji Systemów Biologicznych**

Kierownik Zespołu dr hab. Grzegorz Koczyk

Skład Zespołu dr Katarzyna Czyż  
mgr Michał Kawaliło (doktorant)

Liczba N 2

#### **Współautorstwo publikacji**

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MNiSW	5
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	5

#### **Projekty wykonywane w Zespole**

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zespole	Udział w projektach innych Zespołów IGR PAN i zewnętrznych
UE		
Inny międzynarodowy		
Rządowy		
NCN/NCBiR/POIG	2	
MRiRW		
Inny		1
Ogółem	2	1

#### **Projekty kierowane w Zespole**

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu; środki finansowe ogółem	Kierownik; wykonawcy
1	NCN; OPUS 11; Geneza i rozpowszechnienie zdolności do biosyntezy oraz metabolizmu makrolaktonów wśród grzybów wyższych; 2016/21/B/NZ9/01875; 07.03.2017-06.03.2022; 762 880 zł	G. Koczyk; Ł. Stępień, J. Lalak-Kańczugowska, M. Urbaniak, M. Kawaliło, N. Witaszak, Ł. Marczak (IChB, Poznań)
2	NCN; SONATA 11; Dynamika zmian genomu w ewolucji i utrzymaniu zdolności symbiotycznego wiązania azotu; w świetle starych ewolucyjnie linii roślin strączkowych;	K. Czyż; G. Koczyk

	2016/21/D/NZ8/01300; 03.03.2017-02.03.2022 ; 493 800 zł.	
--	--	--

## 1. Opis prac badawczych Zespołu.

Kontynuując tematykę badań z poprzednich lat, jako cel prowadzonych przez Zespół prac obrano tworzenie i zastosowanie nowych narzędzi analizy danych genomicznych i transkryptomicznych, w szczególności pod kątem opartej na rekoncepcji filogenetycznej adnotacji funkcjonalnej (Koczyk i in. 2015). Badania własne koncentrowały się wokół produkujących toksyny makrolaktonowe grzybów saprofitycznych i fitopatogenicznych oraz dywergentnych gatunków roślin strączkowych o zróżnicowanej zdolności do nodulacji.

W ramach projektu **NCN/SONATA (2016/21/D/NZ8/01300)** "Dynamika zmian genomu w ewolucji i utrzymaniu zdolności symbiotycznego wiązania azotu" poszukiwano wzorców w reprezentacji kluczowych rodzin genowych istotnie związanych ze stabilną nodulacją. Przeprowadzono składowanie i adnotację funkcjonalną transkryptomów kolejnych 7 gatunków zróżnicowanych ewolucyjnie bobowatych (*Adenolobus pechuelii*, *Ceratonia siliqua*, *Desmanthus velutinus*, *Dichrostachys cinerea*, *Faidherbia albida*, *Gymnocladus dioica*, *Piptadenia stipulacea*). Szkice transkryptomów uzyskane w roku poprzednim (*Cassia sturtii*, *Chamaecrista mimosoides*, *Senna obtusifolia*) uaktualniono o dane pochodzące z dodatkowego powtórzenia biologicznego. Następnie, w wyniku analiz porównawczych genomów i transkryptomów (zbiór 75 gatunków roślin o zróżnicowanej przynależności taksonomicznej oraz zdolności do brodawkowania), scharakteryzowano ponad 64000 kandydackich rodzin genowych. Na podstawie wzorców obecności (presence/absence) do dalszych prac wyodrębniono 40 rodzin genowych hipotetycznie determinujących zdolność do wiązania azotu atmosferycznego w wyniku symbiozy z bakteriami *Rhizobium*. Dodatkowo, analiza znormalizowanej liczności reprezentacji rodzin genowych pozwoliła na opisanie 29 grup genów. Prace eksperymentalne obejmowały wstępne określenie ilości transkryptów metodyką qRT-PCR oraz oznaczanie liczby kopii wybranych genów metodyką ddPCR. Uzyskane do tej pory dane świadczą o istotnej roli selektywnej utraty genów w pojawieniu się i utrzymaniu stabilnej ewolucyjnie zdolności do tworzenia brodawek korzeniowych. Prowadzone dodatkowo analizy filogenomiczne dywersyfikacji homologów karboksylazy fosfoenolopirogronianowej oraz syntetaz glutaminianowych wskazały na rolę duplikacji całogenomowych oraz selekcji puryfikującej w kształtowaniu się garnituru przedstawicieli obydwu wzmiankowanych rodzin genowych. Wspólnie z członkami Zespołu Struktury i Funkcji Genu opublikowano pracę wynikową "A Tale of Two Families: Whole Genome and Segmental Duplications Underlie Glutamine Synthetase and Phosphoenolpyruvate Carboxylase Diversity in Narrow-Leafed Lupin (*Lupinus angustifolius* L.)" (Czyż i in. 2020).

W ramach trwającego projektu **NCN/OPUS 11 (2016/21/B/NZ9/01875)** "Geneza i rozpowszechnienie zdolności do biosyntezy oraz metabolizmu makrolaktonów wśród grzybów wyższych" poszukiwano i charakteryzowano zróżnicowane pod względem filogenetycznym izolaty reprezentujące potencjalnych producentów laktonów wśród różnorodnych grzybów nitkowatych. W roku 2020 koncentrowano się na (1) składowaniu, adnotacji funkcjonalnej i analizie porównawczej genomów (potencjalnych) producentów laktonów (2) analizie ekspresji genów biosyntezy w warunkach stresu chemicznego (3) weryfikacji obecności toksyn. Ponadto w ramach współpracy naukowej (Politechnika Poznańska) scharakteryzowano wstępnie zbiór ponad 40 dodatkowych izolatów grzybowych

pochodzących ze środowisk antropogenicznych (budynki/otoczenia budynków), pod kątem przynależności gatunkowej oraz (po weryfikacji tejże) potencjalnej zdolności do produkcji makrolaktonów. W trakcie prac eksperymentalnych pozyskano nowe dane na drodze sekwencjonowania nowej generacji na platformie Illumina/NovaSeq; wyniki złożono i zanalizowano (adnotacja funkcjonalna, rekonstrukcje filogenomiczne oraz przewidywania klastrów biosyntezy metabolitów wtórnych) uzyskując pełne sekwencje genomowe kolejnych producentów makrolaktonów. W roku 2020 scharakteryzowano dalsze 14 izolatów grzybowych reprezentujących następujące taksony: *Acephala* sp., *Coniella fragariae*, *Curvularia affinis*, *Diaporthe corylina*, *Fusarium* sp (2 izolaty), *Ilyonectria* sp. (2 izolaty), *Leucostoma cinctum*, *Penicillium sanguifluum*, *Phoma* sp., *Talaromyces acaricola*, *Thozetella toclaiensis*, *Valsa ceratophora*. Zaprojektowano markery do oznaczania ilościowego transkryptów metodą qRT-PCR i przeprowadzono prace z zakresu określenia poziomu ekspresji genów biosyntezy makrolaktonów z użyciem 1 etapowej metodyki wykorzystującej barwnik SYBR Green. Analizowano ekspresję genów głównych kodujących kluczowe dla biosyntezy syntazy poliketydowe, jako geny referencyjne wykorzystując TEF-1A i UBH. Przeprowadzono również oznaczenia półilościowe obecności laktonów w hodowlach pojedynczych izolatów reprezentujących taksony: *Curvularia inaequalis*, *Diaporthe toxica*, *Fusarium cerealis*, *Fusarium* sp. (kompleks *incarnatum-equiseti*), *Ilyonectria leucospermi*, *Pochonia* sp., *Talaromyces acaricola*. Badania eksperymentalne prowadzono we współpracy z Zespołem Interakcji Roślina-Patogen. Składanie oraz charakterystyka rodzin genowych pozwoliła opisać potencjał biosyntetyczny poszczególnych izolatów, pod względem wszystkich najistotniejszych klas metabolitów wtórnych, oraz zgromadzić dowody wspierające hipotezę o rekombinacjach wewnątrz klastra biosyntezy laktonów. W ramach prowadzonych we współpracy z IBB PAN analiz grzybów niższych (ponad 100 dostępnych obecnie sekwencji genomów *Mucoromycota*, *Glomeromycota* i *Mortierellomycota*) odrzucono hipotezę o możliwej obecności prekursorowych klastrów biosyntetycznych w obrębie tych grup taksonomicznych. Tym samym, istotnie wzmocniono postulat dotyczący pochodzenia zdolności do biosyntezy wskutek transferu horyzontalnego od donora bakteryjnego do wspólnego przodka bądź workowców, bądź podstawczaków i workowców.

W ramach współpracy naukowej prowadzono adnotacje kluczowych genów pod kątem, pozyskanych w drodze sekwencjonowania półprzewodnikowego na platformie IonTorrent S5, wariantów istotnych klinicznie w kraniosynostozach oraz dysostozach twarzowych (zakończone wspólnymi publikacjami - Bukowska-Olech i in. 2020a,b). Ponadto, we współpracy z Zespołem Interakcji Roślina-Patogen przeprowadzono analizy filogenetyczne, projektowanie markerów PCR i analizy z zakresu genomiki porównawczej przedstawicieli rzędu *Hypocreales* produkujących cykliczne depsipeptydy nierybosomalne (zakończone publikacjami - Urbaniak i in. 2020a,b).

## 2. Lista publikacji Zespołu wydanych w 2020 r.

**Czyż K.**, Książkiewicz M., **Koczyk G.**, Szczepaniak A., Podkowiński J., Naganowska B. (2020) A tale of two families: whole genome and segmental duplications underlie glutamine synthetase and phosphoenolpyruvate carboxylase diversity in narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.). International Journal of Molecular Sciences 21 (7): 2580. DOI: 10.3390/ijms21072580.

**IF=4,556 MNiSW=140**

Bukowska-Olech E., Popiel D., **Koczyk G.**, Sowińska-Seidler A., Socha M., Wojciechowicz B., Dawidziuk A., Larysz D., Jamsheer A. (2020) Adapting SureSelect enrichment protocol to the Ion Torrent S5 platform in molecular diagnostics of craniosynostosis. *Scientific Reports* 10 (1): 4159. DOI: 10.1038/s41598-020-61048-5.

**IF=3,998 MNiSW=140**

Bukowska-Olech E., Materna-Kiryłuk A., Walczak-Sztulpa J., Popiel D., Badura-Stronka M., **Koczyk G.**, Dawidziuk A., Jamsheer A. (2020) Targeted next-generation sequencing in the diagnosis of facial dysostoses. *Frontiers in Genetics* 11: 580477. DOI: 10.3389/fgene.2020.580477.

**IF=3,260 MNiSW=100**

Urbaniak M., Waśkiewicz A., Trzebny A., **Koczyk G.**, Stępień Ł. (2020) Cyclodepsipeptide biosynthesis in *Hypocreales* fungi and sequence divergence of the non-ribosomal peptide synthase genes. *Pathogens* 9 (7): 552. DOI: 10.3390/pathogens9070552.

**IF=3,018 MNiSW=100**

Urbaniak M., Waśkiewicz A., **Koczyk G.**, Błaszczyk L., Stępień Ł. (2020) Divergence of beauvericin synthase gene among *Fusarium* and *Trichoderma* species. *Journal of Fungi* 6(4): 288. DOI: 10.3390/jof6040288.

**IF=4,621 MNiSW=20**

## ZAKŁAD BIOTECHNOLOGII

Kierownik: prof. dr hab. Tomasz Pniewski

### *Biotechnologiczne narzędzia w zwiększaniu potencjału użytkowego roślin uprawnych*

#### **Zespół Fenotypowania i Genotypowania Zbóż**

Kierownik Zespołu dr hab. Anetta Kuczyńska, prof. IGR PAN

Skład Zespołu prof. dr hab. Maria Surma (profesor emerytowany)  
prof. dr hab. Tadeusz Adamski (1/8 etatu)  
dr Krzysztof Mikołajczak  
dr Piotr Ogrodowicz  
dr Sławomir Franaszek (1/2 etatu)  
mgr Renata Trzeciak  
Alina Anioła  
Renata Holewińska  
mgr Michał Kempa (doktorant)

Liczba N 3,626

#### **Współautorstwo publikacji**

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MNiSW	5
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	1
Ogółem	6

#### **Projekty wykonywane w Zespole**

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zespole	Udział w projektach innych Zespołów IGR PAN i zewnętrznych
UE		
Inny międzynarodowy	3	
Rządowy	2 zadania	
NCN/NCBiR/POIG	6	2
MRiRW	2	
Inny		
Ogółem	13	2

#### **Projekty kierowane w Zespole**

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu; środki finansowe ogółem	Kierownik; wykonawcy
------	--	----------------------

1.	European Plant Phenotyping Network 2020, 2 <sup>nd</sup> Call; Horizon 2020 research and innovation programme under grant agreement No 731013; Drought effects on roots developmental aspects in spring barley population differentiated in the <i>sdw1/denso</i> locus; ID 154; 2018.09.06; 2020.01.21; (koszty rozliczane przez partnera zagranicznego)	K. Mikołajczak; A. Kuczyńska, P. Ogrodowicz (IGR PAN), F. Cellini (ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto, Włochy), A. Petrozza (ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto, Włochy)
2.	European Plant Phenotyping Network 2020, 3 <sup>rd</sup> Call; Horizon 2020 research and innovation programme under grant agreement No 731013; The architecture and development of the roots system in barley plants grown under drought conditions in relation to flowering acceleration; ID 206; 2018.09.06; 2021.04.30; (koszty rozliczane przez partnera zagranicznego)	P. Ogrodowicz; A. Kuczyńska, K. Mikołajczak (IGR PAN), J. Doonan (The National Plant Phenomics Center, Institute of Biological, Environmental and Rural Sciences at Aberystwyth University, UK), F. Corke (The National Plant Phenomics Center, Institute of Biological, Environmental and Rural Sciences at Aberystwyth University, UK), Kevin Williams (The National Plant Phenomics Center, Institute of Biological, Environmental and Rural Sciences at Aberystwyth University, UK)
3.	European Plant Phenotyping Network 2020, 5 <sup>th</sup> Call; Horizon 2020 research and innovation programme under grant agreement No 731013; High-throughput phenotyping of barley varieties response to drought for understanding crops adaptation to arid climate; ID 426; 2020.03.12; 2021.10.31; (koszty rozliczane przez partnera zagranicznego)	K. Mikołajczak; A. Kuczyńska, P. Ogrodowicz (IGR PAN), F. Cellini (ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto, Włochy), A. Petrozza (ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto, Włochy)
4.	Projekt Rządowy; 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., obszar badawczy 2 „Nowe metody i techniki dla ulepszenia wartości odmian	M. Surma; T. Adamski, H. Ćwiek-Kupczyńska, Z. Kaczmarek, A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak (IGR PAN)



	roślin strączkowych”, Zadanie nr 2.3 „Zastosowanie metod biotechnologicznych dla zwiększenia i przyspieszenia postępu biologicznego w hodowli roślin strączkowych”; 2016.01.01; 2020.12.31; 331 000 zł	
5.	Projekt Rządowy; 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., obszar badawczy 2 „Nowe metody i techniki dla ulepszenia wartości odmian roślin strączkowych”, Zadanie nr 2.4 „Krzyżowania oddalone w obrębie rodzajów <i>Lupinus</i> , <i>Pisum</i> i <i>Vicia</i> – poszukiwanie nowej zmienności genetycznej i sposobu skrócenia cyklu hodowlanego z wykorzystaniem kultur <i>in vitro</i> ”; 2016.01.01; 2020.12.31 102 000 zł	A. Kuczyńska; M. Surma, T. Adamski, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak, H. Pudelska (IGR PAN), K. Wojciechowicz (UAM, Poznań)
6.	NCN; MINIATURA 4; Identyfikacja wysokocząsteczkowych (HMW-GS) i niskocząsteczkowych podjednostek gluteninowych (LMW-GS) oraz wstępna ocena jakościowa ziarna pszenjęczmienia ( <i>Tritordeum</i> ); 2020/04/X/NZ9/02217; 2020-12-11; 2021-12-10; 44 105 zł	S. Franaszek
7.	NCN; OPUS 9; Wpływ stresów abiotycznych na poziom ekspresji genu <i>LTP2</i> w odniesieniu do lipidomu i fenomu u jęczmienia ( <i>Hordeum vulgare</i> L.); 2015/17/B/NZ9/01481; 2016-01-20; 2020-01-19; 773 588 zł	A. Kuczyńska; P. Krajewski, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, H. Ćwiek-Kupczyńska, M. Kempa, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak (IGR PAN), M. T. Rodriguez-Estrada (University of Bologna, Włochy), V. Cardenia (University of Turin, Włochy)

8.	NCN; OPUS 12; Wyjaśnienie współdziałania hormonów i jego roli w kształtowaniu architektury roślin jęczmienia ( <i>Hordeum vulgare</i> L.); 2016/23/B/NZ9/03548; 2017-09-06; 2021-09-05; 1 418 618 zł	A. Kuczyńska; P. Krajewski, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, H. Ćwiek-Kupczyńska, M. Kempa, N. Witaszak, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak (IGR PAN), I. Szarejko (Uniwersytet Śląski, Katowice), A. Daszkowska-Golec (Uniwersytet Śląski, Katowice). D. Gruszka (Uniwersytet Śląski, Katowice), M. Pérez-Llorca (University of Barcelona, Hiszpania), S. Munné-Bosch (University of Barcelona, Hiszpania)
9.	NCN; OPUS 18; Melatonina jako nadrzędny czynnik w kształtowaniu architektury korzenia i adaptacji do suszy przez regulację współdziałania fitohormonów u jęczmienia ( <i>Hordeum vulgare</i> L.); 2019/35/B/NZ9/00208; 2020-07-27; 2023-07-26; 1 848 480 zł	A. Kuczyńska; P. Krajewski, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, H. Ćwiek-Kupczyńska, M. Kempa, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak (IGR PAN), E. C. Bergua (Institute For Plant Molecular and Cell Biology, Polytechnic University of Valencia, Hiszpania)
10.	NCN; SONATA 12; Czynnik transkrypcyjny HvGAMYB w regulacji kwitnienia i jego związek z odpowiedzią fotoperiodyczną w warunkach stresu suszy u jęczmienia jarego ( <i>Hordeum vulgare</i> L.); 2016/23/D/NZ9/00042; 2017-08-10; 2021-08-09; 435 150 zł	P. Ogrodowicz; A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, M. Kempa, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak (IGR PAN), K. Wojciechowicz (UAM, Poznań)
11.	NCN; SONATA 12; Zmiany ekspresji genów na poziomie całego genomu liścia flagowego jęczmienia pod wpływem stresów abiotycznych działających symultanicznie; 2016/23/D/NZ9/00043; 2017-08-10; 2021-08-09; 621 140 zł	K. Mikołajczak; P. Krajewski, A. Kuczyńska, P. Ogrodowicz, M. Kempa, N. Witaszak, M. Nuc, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak (IGR PAN)
12.	MRiRW; Badania nad wpływem translokacji 1B/1R na efektywność uzyskiwania linii DH pszenicy oraz ich wartość technologiczną; HOR hn-801-8/14 zad. 3; 2014-01-01; 2020-12-31; 179 100 zł na rok 2020	T. Adamski; M. Surma, Z. Kaczmarek, A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, S. Franaszek, M. Kempa, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak (IGR PAN)
13.	MRiRW; Wpływ stresu niedoboru wody na rozwój i	A. Kuczyńska; M. Surma, T. Adamski, P. Krajewski, K. Mikołajczak,

<p>architekturę systemu korzeniowego u jęczmienia (<i>Hordeum vulgare</i> L.); HOR hn-801-8/14 zad. 106; 2018-01-01; 2020-12-31; 114 480 zł na rok 2020</p>	<p>P. Ogradowicz, S. Franaszek, M. Kempa, M. Mokrzycka, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak (IGR PAN), J. Doonan (The National Plant Phenomics Center (NPPC), Institute of Biological, Environmental and Rural Sciences at Aberystwyth University, UK), F. Corke (The National Plant Phenomics Center (NPPC), Institute of Biological, Environmental and Rural Sciences at Aberystwyth University, UK), Kevin Williams (The National Plant Phenomics Center (NPPC), Institute of Biological, Environmental and Rural Sciences at Aberystwyth University, UK)</p>
---	--

## 1. Opis prac badawczych Zespołu.

### Streszczenie

Badania koncentrują się na wyjaśnianiu genetycznych podstaw zmienności fenotypowej zbóż oraz mechanizmów determinujących odpowiedź roślin na stropy biotyczne i abiotyczne. Wykorzystywane są metody z zakresu: fenotypowania konwencjonalnego oraz automatycznego obrazowania roślin, mapowania genetycznego, badania funkcji genów, analiz omicznych (genomiki, transkryptomiki, proteomiki i metabolomiki) oraz szybkiej homozygotyzacji mieszańców zbóż i roślin strączkowych dla badań genetycznych i hodowli.

### Pelen opis prac badawczych

W ramach projektów wyłonionych w konkursie międzynarodowym przez European Plant Phenotyping Network 2020 realizowane badania obejmują analizy architektury systemu korzeniowego jęczmienia jarego w warunkach zróżnicowanej wilgotności podłoża z zastosowaniem najnowszych technik nieinwazyjnego obrazowania korzeni w czasie rzeczywistym, tzn. przy użyciu systemu kamer o różnej długości fali. Wykorzystanie najnowszych technologii do precyzyjnej analizy rozwoju systemu korzeniowego w czasie wzrostu pozwoliło na uzyskanie unikalnych, jak dotąd, informacji w tym obszarze. Monitorowanie zmian zachodzących w architekturze systemu korzeniowego dla populacji 100 genotypów jęczmienia jarego w trakcie ich wegetacji pozwoliło wyodrębnić linie o genetycznie uwarunkowanych pożądanym cechach korzeniowych. Wyróżniono genotypy o intensywnym wzroście korzeni w warstwach powierzchniowych podłoża, jak i genotypy o zwiększonym przyroście korzeni na długość w warunkach deficytu wody. Będą one mogły służyć jako źródło genów w programach hodowlanych ukierunkowanych na opracowanie odmian o wydajnym systemie korzeniowym i tym samym zwiększonej odporności na suszę.

Zakończono badania w ramach zadań programu wieloletniego pn. „Zwiększenie wykorzystania krajowego białka paszowego dla produkcji wysokiej jakości produktów zwierzęcych w warunkach zrównoważonego rozwoju”. Skrócenie czasu trwania poszczególnych generacji jest możliwe przy zastosowaniu techniki SSD w warunkach szklarniowych w powiązaniu z kulturą *in vitro* zarodków. Takie podejście zastosowane we wcześniejszych badaniach dla grochu siewnego, łubinu żółtego i wąskolistnego umożliwiło uzyskanie 2-3 pokoleń rocznie. W projekcie prowadzono badania nad możliwością zastosowania podobnego podejścia dla łubinu białego oraz bobiku (zadanie 2.3). Dodatkowo (zadanie 2.4) podjęto badania związane z uzyskiwaniem linii homozygotycznych grochu metodą androgenezy, a także próby otrzymywania mieszańców międzygatunkowych w obrębie roślin strączkowych. Na podstawie uzyskanych wyników

powstała instrukcja wdrożeniowa dla Firm Hodowli Roślin zawierająca szczegółowy opis metod biotechnologicznych pozwalających otrzymać nową zmienność genetyczną roślin strączkowych oraz skrócić cykl hodowlany poprzez haploidyzację cennych materiałów.

W badaniach w ramach projektu **NCN OPUS 12** „Wyjaśnianie współdziałania hormonów i jego roli w kształtowaniu architektury roślin jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.)” podjęto analizy związane z półkarłowymi mutantami jęczmienia wykazującymi defekty w sygnalizacji lub biosyntezie brassinosteroidów (BR) mogące służyć jako alternatywa w programach hodowlanych, a także stanowić cenne narzędzie do badania mechanizmu działania tych hormonów w reakcji na warunki stresowe, m.in. stres suszy. Celem badań była wielopoziomowa charakterystyka dwóch genotypów jęczmienia różniących się procesem transdukcji sygnału BR w odpowiedzi na stres niedoboru wody. Obserwacje prowadzone były wielokierunkowo, tj. poprzez (i) fenotypowanie konwencjonalne, (ii) wysokoprzepustowe genotypowanie, (iii) oznaczanie zawartości brassinosteroidów oraz steroli jako substratów do ich syntezy, a także (iv) cało-genomową analizę ekspresji na poziomie transkryptów. Badania wykonano na roślinach uprawianych w warunkach optymalnych oraz po zastosowaniu niedoboru wody w stadium krzewienia. Uzyskane wyniki pozwoliły wyodrębnić cechy fenotypowe, które w największym stopniu różnicowały badane formy jęczmienia oraz ustalić profile akumulacji brassinosteroidów (brassinolide, castasterone, cathasterone) oraz steroli (stigmasterol, sitostanol, campesterol, fucosterol, sitosterol, cholesterol, avenasterol) w zmiennych warunkach środowiska. Zidentyfikowano loci polimorficzne pomiędzy badanymi genotypami jęczmienia wykorzystując genotypowanie SNP 50k Illumina Infinium oraz RNA-Seq. Ponadto, sekwencjonowanie nowej generacji umożliwiło analizę różnic w ekspresji genów pomiędzy genotypami oraz indukowanych deficytem wody. Uzyskane wyniki stanowią część badań w projekcie, którego celem jest wyjaśnienie roli współdziałania brassinosteroidów, giberelin i strigolaktonów w kształtowaniu architektury roślin jęczmienia w warunkach niedoboru wody. Uzyskane wyniki pozwolą na lepsze zrozumienie skoordynowanej hormonalnej regulacji wzrostu i rozwoju roślin jęczmienia w warunkach optymalnych oraz stresu suszy.

Celem projektu **NCN SONATA 12** „Czynnik transkrypcyjny HvGAMYB w regulacji kwitnienia i jego związek z odpowiedzią fotoperiodyczną w warunkach stresu suszy u jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.)” było zbadanie roli czynnika transkrypcyjnego *HvGAMYB* w regulacji mechanizmów kwitnienia w aspekcie strategii tzw. ucieczki przed suszą. Dodatkowo, badania dotyczyły również związku pomiędzy szlakami kwitnienia (fotoperiodycznym oraz giberelino-zależnym) obserwowanym u roślin poddanych stresowi niedoboru wody. Na podstawie wyników doświadczeń pilotażowych opracowano metodykę aplikowania wybranych stresów abiotycznych, a także metodę stosowania stresów łączonych. Podczas eksperymentów właściwych przeprowadzono obserwację morfologii pręcików oraz pyłku oraz prowadzono pomiary wybranych cech fenotypowych badanych genotypów jęczmienia. Oceniono również reakcję roślin na zastosowane stresse abiotyczne za pomocą pomiaru fluorescencji chlorofilu, a także wyznaczono względną zawartość wody (RWC - ang. relative water content). Wykonano również analizy molekularne celem oznaczenia poziomu transkryptu *HvGAMYB* w badanym materiale roślinnym. Ponadto materiał badawczy został poddany analizie histologicznej w jednostce współpracującej w ramach projektu (Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu). Obecnie trwają dodatkowe analizy z zastosowaniem transmisyjnej mikroskopii elektronowej oraz analiza i integracja danych.

Projekt **NCN SONATA 12** „Zmiany ekspresji genów na poziomie całego genomu liścia flagowego jęczmienia pod wpływem stresów abiotycznych działających symultanicznie” dotyczy charakterystyki zmian w obrębie transkryptomu i proteomu liści flagowych form

jęczmienia o zróżnicowanym fenotypie, powstałych w wyniku jednoczesnego działania suszy i wysokiej temperatury, w porównaniu do zmian indukowanych, gdy stresy te działają niezależnie od siebie. W 2020 roku badania koncentrowały się na określeniu zróżnicowania fenotypowego siedmiu genotypów jęczmienia jarego uprawianych w warunkach stresów abiotycznych aplikowanych w fazie wzrostu generatywnego. Obserwacje obejmowały architekturę rośliny, cechy struktury plony i fazy fenologiczne. Oceniono zróżnicowanie morfologii liści flagowych badanych genotypów. Ponadto kontynuowano analizę danych transkryptomicznych oraz identyfikację profili proteomicznych uzyskanych przy użyciu ultrasprawniej chromatografii cieczerwowej i wysokorozdzielczej spektrometrii mas (UPLC-MS/MS, QExactive Orbitrap).

Zakończono realizację dwóch zadań na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej finansowanych przez **Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi**. W zadaniu 3 „Badania nad wpływem translokacji 1B/1R na efektywność uzyskiwania linii DH pszenicy oraz ich wartość technologiczną” stwierdzono, że translokacja 1B/1R może wpływać na obniżenie plonu w wybranych populacjach linii DH i SSD pszenicy. Jednocześnie wykazano, że stabilność badanych linii DH u form translokowanych i nietranslokowanych była zbliżona. Uzyskane wyniki mające na celu określenie związku między występowaniem translokacji pszenno-żytnich a kształtowaniem się parametrów technologicznych ziarna linii DH i SSD pszenicy wykazały, że nie zawsze translokacja żytnia wpływa negatywnie na właściwości wypiekowe pszenicy. Ponadto obecność translokacji żytniej w wybranych genotypach pszenicy może wpływać korzystnie na wytworzenie wystarczająco silnej struktury ciasta do zapewnienia korzystnego miesienia równomiernego i stabilnego rozkładu pęcherzy powietrza podczas fermentacji i relaksacji ciasta. Z kolei w zadaniu 106 „Wpływ stresu niedoboru wody na rozwój i architekturę systemu korzeniowego u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.)” zintegrowane badania dostarczyły nowej wiedzy o adaptacji roślin do warunków stresowych. Materiał do badań stanowiło 150 różnych form jęczmienia jarego, to jest odmian, rodów lub linii o zróżnicowanym pochodzeniu. Badany materiał został poddany fenotypowaniu w warunkach kontrolnych oraz w warunkach deficytu wody na platformie do fenotypowania roślin wyposażonej w najnowsze urządzenia służące do ciągłego, nieinwazyjnego mierzenia parametrów korzeni. Dodatkowo przeprowadzono doświadczenie w warunkach polowych w celu określenia potencjału plonowania, zbadania rozwoju i architektury systemu korzeniowego badanych genotypów, a także ustalenia stosunku biomasy części nadziemnej do części podziemnej rośliny. Wytypowano genotypy wykazujące największy potencjał wzrostu korzeni na długość w warunkach deficytu wody, a jednocześnie dobrze plonujące w warunkach polowych, tym samym mogące utrzymywać stabilną wydajność plonowania również w niekorzystnych warunkach środowiska przy ograniczonym dostępie wody. Formy jęczmienia wykorzystane w projekcie mogą w przyszłości stanowić źródło korzystnych alleli w selekcji odmian lepiej przystosowanych do stresowych warunków środowiska.

Rozpoczęto realizację dwóch nowych projektów: **NCN OPUS 18** dotyczącego melatoniny jako nadrzędnego czynnika w kształtowaniu architektury korzenia i adaptacji do suszy poprzez regulację współdziałania fitohormonów u jęczmienia oraz **MINIATURA 4**, w którym przeprowadzona zostanie identyfikacja wysokocząsteczkowych (HMW-GS) i niskocząsteczkowych podjednostek gluteninowych (LMW-GS) oraz wstępna ocena jakościowa ziarna pszenjęczmienia (*Triticordeum*).

## 2. Lista publikacji Zespołu wydanych w 2020 r.

Piasecka A., Sawikowska A., **Kuczyńska A., Ogrodowicz P., Mikołajczak K.**, Krajewski P., Kachlicki P. (2020). Phenolic metabolites from barley in contribution to phenome in soil moisture deficit. *International Journal of Molecular Sciences* 21: 6032. DOI: 10.3390/ijms21176032.

**IF=4,556 MNiSW=140**

**Mikołajczak K., Ogrodowicz P.,** Ćwiek-Kupczyńska H., Weigelt-Fischer K., Mothukuri S.R., Junker A., Altmann J., Krystkowiak K., **Adamski T., Surma M., Kuczyńska A.**, Krajewski P. (2020) Image phenotyping of spring barley (*Hordeum vulgare* L.) RIL population under drought: selection of traits and biological interpretation. *Frontiers in Plant Science* 11: 743. DOI: 10.3389/fpls.2020.00743.

**IF=4,402 MNiSW=100**

**Ogrodowicz P., Kuczyńska A., Mikołajczak K., Adamski T., Surma M.**, Krajewski P., Ćwiek-Kupczyńska H., **Kempa M.**, Rokicki M., Jasińska D. (2020) Mapping of quantitative trait loci for traits linked to fusarium head blight in barley. *PLOS ONE* 15(2): e0222375. DOI: 10.1371/journal.pone.0222375.

**IF=2,776 MNiSW=100**

**Adamski T., Surma M.,** Kaczmarek Z., **Kuczyńska A., Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Trzeciak R., Anioła A., Holewińska R.** (2020) Badania nad wpływem translokacji 1B/1R na efektywność uzyskiwania linii DH pszenicy oraz ich wartość technologiczną. *Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin* Nr 291(1): 5–6. E-ISSN: 2657–8913. DOI: 10.37317/biul-2020-PB02.

**Kuczyńska A., Adamski T., Surma M., Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Kempa M., Mokrzycka M., Trzeciak R., Holewińska R., Anioła A.** (2020) Wpływ stresu niedoboru wody na rozwój i architekturę systemu korzeniowego u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.). *Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin* Nr 291(1): 63–65. E-ISSN: 2657–8913. DOI: 10.37317/biul-2020-PB21.

**Surma M., Adamski T., Kuczyńska A., Mikołajczak K., Ogrodowicz P.,** Pudelska H., Wojciechowicz K., **Trzeciak R., Anioła A., Holewińska R.** (2020) Metody biotechnologiczne otrzymywania form homozygotycznych i mieszańcowych roślin strączkowych. Instrukcja wdrożeniowa - Opracowanie wykonane na podstawie wyników doświadczeń przeprowadzonych w ramach realizacji zadania 2.3 Programu Wieloletniego na lata 2016-2020: „Zwiększenie wykorzystania krajowego białka paszowego dla produkcji wysokiej jakości produktów zwierzęcych w warunkach zrównoważonego rozwoju” obowiązujący w latach 2016-2020 ustanowiony na podstawie uchwały nr 222/2015 Rady Ministrów z dnia 15 grudnia 2015 r. Poznań 2020.

### **Zespół Bioinżynierii**

Kierownik Zespołu prof. dr hab. Tomasz Pniewski

Skład Zespołu dr hab. Katarzyna Głowacka (1/8 etatu)  
dr Joanna Ceraży-Waliszewska  
dr Karolina Sobańska  
mgr inż. Hanna Pudelska

Liczba N 3,125

### **Współautorstwo publikacji**

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MNiSW	4
Poza listą	
Monografie i rozdziały	1
Inne	1
Ogółem	6

### **Projekty wykonywane w Zespole**

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zespole	Udział w projektach innych Zespołów IGR PAN i zewnętrznych
UE		
Inny międzynarodowy		
Rządowy		1
NCN/NCBiR/POIG	4	
MRiRW		
Inny		
Ogółem	4	1

### **Projekty kierowane w Zespole**

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu; środki finansowe ogółem	Kierownik; wykonawcy
1.	NCN, OPUS 19 „Odpowiedź immunologiczna po iniekcji doustnej ko-immunizacji antygenami HBV pochodzenia roślinnego polaryzującymi odpowiedź w kierunku Th1 lub Th2, w kontekście potencjalnej terapii chronicznego wzwb”, UMO-2020/37/B/NZ6/02334. Realizacja: 2021-25; 793 800 zł (konsorcjum 1 738 800 zł)	T. Pniewski; Wykonawcy z IGR PAN: H. Pudelska, doktorant (nabór), Wykonawcy spoza IGR PAN (konsorcjum): A. Wesołowska (IP PAN, Warszawa), M. Kęsik-Brodacka (Ł-ICHp)
2.	NCN, OPUS 18, „Wpływ płci	Kierownik (konsorcjum): M. Kęsik-Brodacka

	<p>żywniciela na odpowiedź immunologiczną i protekcję po doustnej immunizacji proteazą cysteinową <i>Fasciola hepatica</i> i zarażeniu tym pasożytem” UMO-2019/35/B/NZ6/04002; Realizacja: 10.09.2020 – 9.09.2024; 613 200 zł</p>	<p>(Ł-IChP, Warszawa)</p> <p>Kierownik pakietu w IGR PAN: T. Pniewski</p> <p>Wykonawcy z IGR PAN: H. Pudelska, M. Przewoźnik (doktorantka – rekrutacja zakończona 12.2020)</p> <p>Wykonawcy spoza IGR PAN: A. Wesołowska (IP PAN, Warszawa)</p>
3.	<p>NCN, PRELUDIUM 15, „Wpływ zmian w profilu ekspresji genów kodujących białka CesA, PAL i WAK podczas stresu chłodu na skład i strukturę ściany komórkowej <i>Miscanthus sinensis</i>”, UMO-2018/29/N/NZ9/00854; Realizacja: 02.01.2019 – 01.01.2022; 140 000 zł</p>	<p>K. Sobańska; J. Cerazy-Waliszewska, T. Pniewski (IGR PAN)</p>
4.	<p>NCN, MINIATURA 3, „Ocena wzrostu i fotosyntezy dwóch rodzajów sadzonek wybranych ekotypów <i>Miscanthus x giganteus</i> w warunkach stresu zanieczyszczenia gleby arsenem”, 2019/03/X/NZ9/00064; Realizacja: 07.11.2019 – 28.02.2021; 50 000 zł</p>	<p>J. Cerazy-Waliszewska</p>

## 1. Opis prac badawczych Zespołu.

### Streszczenie

Badania Zespołu Bioinżynierii dotyczą biotechnologii roślin: bioenergetyki wraz z fitoremediacją oraz biopharmingu. W 2020 przedmiotem badań była tolerancja miskanta na stres chłodu oraz skażenia gleb arsenem. Kontynuowano badania polowe nad plonowaniem i właściwościami użytkowymi roślin miskanta uzyskanych z różnych typów sadzonek, a także rozpoczęto prace nad opracowaniem alternatywnej metody regeneracji miskanta z tkanek wegetatywnych.

### Opis badań

Badania nad tolerancją miskanta na stres niskich temperatur (chłód) prowadzono w ramach projektu **PRELUDIUM 15**. W I doświadczeniu działaniu chłodu poddano młode rośliny 19 genotypów miskanta chińskiego. W 3-dniowych odstępach wykonywano pomiary: cech morfologicznych roślin, fluorescencji i względnej zawartości chlorofilu oraz integralności błon metodą wycieku elektrolitów. Zebrane dane poddano analizie statystycznej. Ostatecznie wyselekcjonowano dwa genotypy *M. sinensis*, wykazujących maksymalną (HCT, High Cold Tolerant) – Ms16 i minimalną (LCT, Low Cold Tolerant) – Ms12 tolerancję na chłód, które stanowiły przedmiot badań w doświadczeniu II.



Doświadczenie nr II stanowiło zasadniczy etap projektu i oprócz wyżej wymienionych cech morfologicznych i wskaźników fizjologicznych obejmowało pomiary wymiany gazowej fotosyntezy oraz kolekcje materiału biologicznego do obserwacji mikroskopowych (mikroskop świetlny, histoilościowanie, TEM), biochemicznych (FTIR, GC-MS, określenie profilu sacharydów ściany komórkowej) oraz transkryptomicznych (RNA-seq, qPCR). Do chwili obecnej uzyskano wyniki dotyczące fizjologii - wymagają one jednak obróbki statystycznej oraz odpowiedniej interpretacji. Zostały rozpoczęte ww. analizy biochemiczne. Równolegle trwają prace nad preparatyką mikroskopową oraz przygotowaniem materiału do analiz RNA-seq, obejmujące izolację całkowitego RNA i ocenę jego jakości i integralności. W drugim etapie badań biorą udział Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności UPP (dr A. Drożdżyńska) oraz Katedra Chemicznej Technologii Drewna (prof. dr hab. M. Zborowska) gdzie wykonywane są analizy biochemiczne. W ramach wewnętrznej współpracy w IGR PAN, w realizacji zadania nr II biorą udział mgr Dariusz Kruszka, wykonujący analizy metabolitów wtórnych (GC-MS) oraz mgr Aneta Basińska-Barczak wykonująca obserwacje mikroskopowe ściany komórkowej i anatomii roślin w odpowiedzi na stres chłodu. Wszystkie uzyskane wyniki będą wsparte analizą bioinformatyczną transkryptomu i zintegrowane analizami statystycznymi. Multidyscyplinarne podejście badawcze obejmujące fizjologię, biochemię, histologię i genetykę molekularną zapewni kompleksowe wyniki w celu wyjaśnienia złożoności mechanizmu modyfikacji ściany komórkowej w odpowiedzi na stres niskiej temperatury. Jednocześnie uzyskane dane będą w znacznej mierze reprezentatywne dla pozostałych gatunków rodzaju *Miscanthus*, a pośrednio innych traw energetycznych. Wyniki badań podstawowych pozwolą na uzyskanie znacznej bazy danych, w tym transkryptomu miskanta, a także zdefiniowanie zasadniczych elementów jego odpowiedzi na stres chłodu.

Badania nad tolerancją miskanta na stres zanieczyszczenia gleby arsenem prowadzono w ramach działania naukowego **NCN MINIATURA 3**, będącego kontynuacją badań rozpoczętych w 2019 roku. W ramach ww. projektu przeprowadzono doświadczenia wazonowe, w których badano wpływ trzech form arsenu: As (III), As (V) oraz dimetyloarsenu (DMA) na wzrost i fizjologię sadzonek ekotypów 'Illinois' oraz 'Nagara' *Miscanthus* × *giganteus*. Porównany został także stopień tolerancji na arsen roślin otrzymanych z dwóch typów sadzonek (dalej w skrócie – sadzonek): rizomowych i otrzymanych w kulturach *in vitro*, jako alternatywnego materiału do zakładania plantacji. Pierwsze pomiary morfologiczno-fizjologiczne zostały wykonane po osiągnięciu przez sadzonki odpowiedniej wielkości, w tym rozwiniętych 2-3 liści. Następnie sadzonki (20 na wariant doświadczenia) poddano jednorazowemu traktowaniu (przez podlanie gleby) roztworami zawierającymi ww. formy arsenu w stężeniach: 10, 50 i 100 mg As kg<sup>-1</sup> gleby. Kolejne pomiary miały miejsce po 30-tu i 45-tu dniach od podlania roślin arsenem.

W wymienionych punktach czasowych wykonywano pomiary:

- Wymiany gazowej fotosyntezy, zawartości i fluorescencji chlorofilu;
- Stopnia integralności błon komórkowych metodą wycieku elektrolitów;
- Cech plonotwórczych, takich jak: wysokość rośliny (e-hgt), wysokość łodygi (s-hgt), średnica pędu, liczba pędów w kępie, powierzchnia liści oraz – w końcu doświadczenia, plon biomasy;
- Ponadto w każdym punkcie czasowym pobrano fragmenty liści do oznaczenia aktywności enzymatycznej karboksylazy rybulozo-1,5-bisfosforanu (RuBisCo), które wykonano metodą spektrofotometryczną w końcu 2020 roku.

W ostatnim punkcie czasowym pobrano także próbki do oznaczenia zawartości As całkowitego i jego form, tj. As(III), As(V) i DMA, a także innych wybranych pierwiastków za pomocą HPLC (High Pressure Liquid Chromatography) i ICP/OES (Inductively Coupled Plasma Optical Emission Spectrometry). Analizy te zostały wykonane we współpracy z Zespołem Chemii Analitycznej Środowiska UP Poznań (prof. M. Mleczek). Na podstawie uzyskanych wyników wytypowano rośliny do analiz mikroskopowych w wysokorozdzielczym środowiskowym mikroskopie skaningowym (SEM) z analizatorem EDS do analizy ilościowej i mapowania składu chemicznego próbek. Planowany termin wykonania tych analiz to luty 2021 roku.

Uzupełnieniem wyżej opisanych badań nad tolerancją stresu chłodu oraz zanieczyszczenia arsenem były doświadczenia nad fermentacją biomasy (we współpracy z Dr. W. Białasem z Katedry Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności UP Poznań), traktowane jako jeden ze sposobów określenia efektów ww. stresów na wartość użytkową biomasy miskanta. W obu przypadkach materiał doświadczalny stanowiła biomasa z prac wstępnych – tj. I doświadczenia PRELUDIUM 15 oraz wstępnego doświadczenia nad zanieczyszczeniem arsenem, przeprowadzonego przed złożeniem projektu MINIATURA 3.

Wykazano, że stres chłodu może wywierać istotny statystycznie wpływ, w zależności od genotypu, na wydajność produkcji bioetanolu z biomasy roślin poddanych działaniu chłodu na wczesnym etapie rozwoju. W obrębie genotypu efekt działania chłodu był nieistotny statystycznie, jakkolwiek zaobserwowano, że był odmienny dla poszczególnych genotypów miskanta chińskiego. W przypadku genotypu Ms16 – HCT, okres wzrostu w niskich temperaturach powodował zmiany zmniejszające w rezultacie wydajność produkcji bioetanolu, natomiast odwrotny efekt wystąpił w przypadku genotypu Ms12 – tj. LCT. Wyniki te, wraz z istotnymi różnicami zawartości nie ulegających fermentacji pentoz – ksylozy i arabinozy, wskazują na zmiany w składzie i/lub strukturze ściany komórkowej zachodzące pod wpływem niskich temperatur. Ta wstępna hipoteza będzie weryfikowana w kolejnych badaniach, poprzez analizy profilu ekspresji genów, składu chemicznego biomasy, obserwacje mikroskopowe i in.

W odniesieniu do wpływu arsenu w glebie na produkcję bioetanolu z biomasy, istotnym czynnikiem był genotyp miskanta oraz jego interakcja ze stężeniem danej formy arsenu. Natomiast dla danego genotypu nie stwierdzono istotnego obniżenia wydajności produkcji bioetanolu z biomasy roślin rosnących na skażonej glebie w porównaniu z kontrolą. Na tej podstawie można by wstępnie stwierdzić, że biomasa miskanta wykorzystywanego do fitoremediacji mogłaby znaleźć także gospodarcze zastosowanie. Hipoteza ta musiałaby być jednak poparta wieloletnimi badaniami środowiskowymi.

Doświadczenia nad fermentacją biomasy wykonano także w odniesieniu do trzyletnich roślin miskanta pochodzących z sadzonek rizomowych i kultur *in vitro* i uprawianych w warunkach polowych. Doświadczenie to stanowi element badań nad określeniem struktury i jakości plonu, fizjologii oraz składu chemicznego (we współpracy z dr hab. B. Doczekalską z Katedry Chemicznej Technologii Drewna UPP) roślin miskanta uzyskanych z sadzonek *in vitro* w porównaniu do tradycyjnych sadzonek rizomowych pod kątem właściwości użytkowych. Efektywność produkcji bioetanolu zależała od genotypu, ale nie od typu sadzonki. Również wstępna analiza wybranych cech biometrycznych i fizjologicznych nie wykazała większych różnic pomiędzy roślinami z różnych sadzonek. Oznaczałoby to, że sadzonki *in vitro* różnych gatunków i genotypów miskanta, otrzymywane wg uprzednio opracowanej wysokowydajnej metody (Biomass Bioenerg 2017, 107:219-226), stanowią pełnowartościowy materiał pod względem użytkowym.

W 2020 roku rozpoczęto również prace będące kontynuacją badań nad oceną czynników wpływających na wzrost potencjału embriogenezy somatycznej z tkanek organów wegetatywnych miskanta, prowadzonych w ramach stażu podoktorskiego w Institute for Genomic Biology, University of Illinois. Somatyczna embriogeneza jest typem kultur tkankowych o dużym potencjale do zastosowania w biotechnologii, mikropropagacji i hodowli miskanta. Badania mają na celu poprawę efektywności embriogenezy somatycznej poprzez ocenę działania induktorów embriogenezy, np. poliamin lub trichostatyny A lub wzbogacanie pożywek w związki mające na celu utrzymanie długoterminowego potencjału embriogenicznego kalusa. Wyniki tych badań przyczynią się do opracowania niezależnych od cyklu wegetacyjnego metod regeneracji miskanta oraz uproszczenia hodowli tej rośliny. Opisane badania obejmują obserwacje makroskopowe, ocenę wydajności regeneracji oraz analizę zmienności regenerantów na poziomie fizjologicznym oraz molekularnym. Prace te są traktowane jako badania wstępne do przygotowania w przyszłości projektu badawczego.

Wieloletnie badania w zakresie biopharmingu prowadzone były w niewielkim stopniu w roku 2020. Na podstawie wcześniejszych wyników i publikacji dotyczących otrzymywania w roślinach cząstek wirusopodobnych HBV oraz szczepionek doustnych przygotowano natomiast projekty NCN zakwalifikowane do finansowania – OPUS 18 i 19 oraz projekt POLS, zakwalifikowany warunkowo. Projekty te dotyczą odpowiednio: określeniu wpływu płci na efektywność iniekcyjno-doustnego szczepienia zwierząt przeciwko motylicy wątrobowej, odpowiedzi immunologicznej po iniekcyjno-doustnej ko-immunizacji antygenami HBsAg i HBcAg pochodzenia roślinnego w kontekście terapii chronicznej postaci wzv B oraz otrzymaniu alternatywnej szczepionki przeciwko chronicznemu wzvB w postaci chimerycznych i mozaikowych cząstek typu HBcAg-epitopy HBsAg.

## 2. Lista publikacji Zespołu wydanych w 2020 r.

Mitros T., Session A.M., James B.T., Wu G.A., Belaffif M.B., Clark L.V., Shu S., Dong H., Barling A., Holmes J.R., Mattick J.E., Bredeson J.V., Liu S., Farrar K., **Głowacka K.**, **Jeżowski S.**, Barry K., Chae W.B., Juvik J.A., Gifford J., Oladeinde A., Yamada T., Grimwood J., Putnam N.H., De Vega J., Barth S., Klaas M., Hodkinson T., Li L.R., Jin X. (2020) Genome biology of the paleotetraploid perennial biomass crop *Miscanthus*. Nature Communications 11 (1): 5442. DOI: 10.1038/s41467-020-18923-6.

**IF=12,121 MNiSW=200**

Kromdijk J., **Głowacka K.**, Long S. P. (2020) Unaffected photosynthetic efficiency and mesophyll conductance in *Arabidopsis thaliana* aquaporin knock-out lines. Journal of Experimental Botany 71 (1): 318–329. DOI: 10.1093/jxb/erz442.

**IF=5,908 MNiSW=140**

Doczekalska B., Bartkowiak M., Waliszewska B., Orszulak G., **Cerazy-Waliszewska J.**, **Pniewski T.** (2020) Characterization of chemically activated carbons prepared from miscanthus and switchgrass biomass. Materials 13 (7): 1654. DOI: 10.3390/ma13071654.

**IF=2,972 MNiSW=140**

Pawełkowicz M.E., Skarzyńska A., Sroka M., Szwacka M., **Pniewski T.**, Płader W. (2020) Effect of transgenesis on mRNA and miRNA profiles in cucumber fruits expressing thaumatin II. Genes 11 (3): 334. DOI: 10.3390/genes11030334.

**IF=3,759 MNiSW=100**

**Sobańska K., Pniewski T.** (2020) Bioinżynieria ściany komórkowej szansą na zwiększenie wydajności produkcji bioetanolu z biomasy lignocelulozowej. W: Badania z zakresu nauk przyrodniczych – nowe trendy. Danielewska A., Maciąg M. (Red.) Wydawnictwo Naukowe Tygiel, ISBN 978-83-66489-08-0, str. 113-140.

**MNiSW=5**

**Sobańska K.,** Chan K.X., Burgess S.J., Haas B., **Cerazy-Waliszewska J.,** Kern C., Jedryszek P., **Pniewski T.,** Altpeter F., Long S.P. (2020) Toward transgenic sustainable productivity increases in *Miscanthus × giganteus*. Genomic Sciences Program Annual Principal Investigator (PI) Meeting, February 24-26.2020, Washington, USA. [https://doegenomestolife.org/pubs/2020abstracts/2020\\_GSP\\_Abstract\\_Book.pdf](https://doegenomestolife.org/pubs/2020abstracts/2020_GSP_Abstract_Book.pdf)

## ZAKŁAD GENETYKI PATOGENÓW I ODPORNOŚCI ROŚLIN

Kierownik: prof. dr hab. Łukasz Stępień

### *Genetyka patogenów oraz ich interakcja z mikroorganizmami antagonistycznymi i roślinami użytkowymi*

#### **Zespół Fitopatologii Molekularnej**

Kierownik Zespołu prof. dr hab. Małgorzata Jedryczka

Skład Zespołu dr Joanna Kaczmarek (od 1.04.2020)  
mgr inż. Witold Irzykowski  
Fatema Bakro (doktorantka, do 30.09.2020)  
Noor Ramzi (doktorantka)  
Magdalena Właszczyk

Liczba N: 3

#### **Współautorstwo publikacji**

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MNiSW	8
Poza listą	-
Monografie i rozdziały	-
Inne	2 (art. w czasopiśmie branżowym)
Ogółem	10

#### **Projekty wykonywane w Zespole**

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zespole	Udział w projektach innych Zespołów IGR PAN i zewnętrznych
UE	-	-
Inny międzynarodowy	-	-
Rządowy	-	-
NCN/NCBiR/POIG	-	-
MRiRW	1	1 (PB54, UPP)
Inny	2 (IWNiRZ)	-
Ogółem	3	1

#### **Projekty kierowane w Zespole**

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu; środki finansowe ogółem	Kierownik; wykonawcy
1	MRiRW; Zastosowanie konwencjonalnych i molekularnych narzędzi fitopatologicznych w poszukiwaniu źródeł odporności na kiłę kapusty oraz charakterystyka aktualnej populacji patogenu w Polsce; HOR hn-801-	M. Jedryczka; J. Kaczmarek, W. Irzykowski, N. Ramzi, J. Majka (IGR PAN); J. Niemann (UP Poznań), A. Wolna-Maruwka (UP Poznań), L. Irzykowska

	8/14 zad. 50; 2014-01-01; 2020-12-31; 193 500 zł na rok 2020	(UP Poznań), I. Siatkowski (UP Poznań), M. Korbas (IOR-PIB Poznań), E. Jajor (IOR-PIB Poznań), J. Danielewicz (IOR-PIB Poznań), A. Nieróbca (IUNG Puławy).
2	Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich; Uszlachtowanie genetyczne metodą selekcji negatywnej i badania naukowe nad możliwościami uprawy konopi oleistych i włóknistych na glebach lekkich, ubogich w składniki mineralne i o niskim pH; umowa nr IWNiRZ-IGR PAN 2019/2020; 15.03.2019 – 30.06.2020; 61 500 zł	M. Jędrzycka; F. Bakro; K. Wielgus (IWNiRZ)
3	Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich: Badania naukowe nad możliwościami uprawy konopi oleistych i włóknistych na glebach lekkich, ubogich w składniki mineralne i o niskim pH; umowa nr IWNiRZ-IGR PAN 2020/2021; 15.03.2020 – 30.06.2021; 18 450 zł	M. Jędrzycka; K. Wielgus (IWNiRZ)

## 1. Opis prac badawczych Zespołu

### Streszczenie

Realizowano projekt dotyczący zastosowania konwencjonalnych i molekularnych narzędzi fitopatologicznych w poszukiwaniu źródeł odporności na kiłę kapusty powodowaną przez *Plasmodiophora brassicae* oraz opisano aktualną populację tego patogenu w Polsce. Prowadzono badania nad możliwością uprawy konopi oleistych i włóknistych na glebach lekkich, ubogich w składniki mineralne i o niskim pH. Badano skuteczność preparatów stosowanych w ochronie roślin oraz prowadzono badania melisopalinologiczne.

### Opis prac badawczych

Koordinowano i prowadzono badania w ramach projektu finansowanego przez MRiRW „Postęp biologiczny” **zadanie 50**: Zastosowanie konwencjonalnych i molekularnych narzędzi fitopatologicznych w poszukiwaniu źródeł odporności na kiłę kapusty oraz charakterystyka aktualnej populacji patogenu w Polsce.

W ramach zadania realizowano cztery tematy badawcze:

#### 1. Identyfikacja źródeł odporności na kiłę kapusty w polskich i światowych zasobach genowych

Celem badań było oznaczenie podatności roślin kapustowatych na wybrane patotypy *P. brassicae*. Oceniono 300 linii, w tym głównie formy mieszańcowe *Brassica* sp. uzyskane w niniejszym projekcie (temat 3) oraz w IHAR, linie z banków genów oraz materiały z Kurdystanu (Irak). Badania wykonano w warunkach kontrolowanych. Oznaczenia prowadzono w formie testów w doniczkopalecie. Do podłoża z siewkami dodawano inokulum o stężeniu  $1 \times 10^7$  zarodników *P. brassicae* mL<sup>-1</sup>. Zastosowano 6 genotypów

roślin o zróżnicowanej odporności na kiłę kapusty oraz 6 patotypów patogenu oznaczonych metodą Somé; ich namnażanie prowadzono przez 8 tygodni na roślinach *B. rapa* odmian Bristol i Granaat. Ocenę odporności wykonano w skali Diederichsen (FU, Berlin-Dahlem).

Uzyskano formy z odpornością rasowo-specyficzną, jednak były one nieliczne. Otrzymany materiał roślinny znajduje się na wczesnych etapach hodowli i cecha odporności wymaga stabilizacji. Uzyskany materiał można wykorzystać do piramidyzacji genów odporności, uwzględniając nowo pojawiające się patotypy, np. P9.

## **2. Identyfikacja i charakterystyka patotypów *Plasmodiophora brassicae* w Polsce**

Celem badań była identyfikacja patotypów 50 izolatów *P. brassicae*, zebranych z terenu Polski oraz ich charakterystyka molekularna. Próby roślin i gleby pobrano z terenu 10 województw. Na 35 polach zaobserwowano objawy kiły kapusty na roślinach rzepaku, natomiast na ośmiu polach obecność kiły stwierdzono na podstawie biotestów glebowych; w tym przypadku objawy zaobserwowano na roślinach wskaźnikowych (*B. rapa* odm. Granaat). Jedynie na siedmiu polach nie stwierdzono występowania objawów ani na roślinach rosnących na polu, ani też na roślinach wskaźnikowych w bioteście glebowym.

Oznaczenie patotypów wykonano na zestawie testowym wg. Somé. Ocenę stopnia porażenia przeprowadzono także metodą Real Time qPCR. W celu scharakteryzowania izolatów pod względem molekularnym ze świeżych wyrosli przygotowano zawiesiny zarodników, z których wyizolowano DNA. Fragmenty DNA powielone metodą PCR wyznakowano fluorescencyjnie, oczyszczono z niewłączonych fluorochromów a następnie zsekwencjonowano w serwisie zewnętrznym. Uzyskane sekwencje zestawiono przy pomocy programów MEGA i Clustal X. Kontynuowano też badania mikrobiomu glebowego w celu poznania składu zbiorowisk mikroorganizmów występujących w ryzosferze roślin rzepaku z objawami kiły kapusty. W badaniach porównano 7 prób gleby ze stanowisk z naturalnym silnym porażeniem roślin rzepaku. Zastosowano metodę Shotgun w systemie MiSeq Illumina.

Nie stwierdzono polimorfizmu sekwencji w regionach rybosomalnych kodujących podjednostki 5,8S, 18S i 28S. Stwierdzono polimorfizm sekwencji ITS1 i ITS2 pomiędzy izolatami. Wykazano obecność dziewięciu patotypów, przeważał patotyp P1A (34%) oraz P3A (24%). Patotypy występujące w kolejności to P1B (12%) a następnie P2A (10%) i P5A (8%). Najrzadziej występowały patotypy P2B i P9 (po 2% każdy). W 2020 r. po raz pierwszy w ramach niniejszego projektu wyodrębniono patotyp P9. Na roślinach rzepaku z silnymi objawami kiły kapusty najczęściej występował patotyp P1, przy czym 18% stanowiły izolaty zdolne do wywołania objawów chorobowych na kiłoodpornych odmianach rzepaku. W mykobiomie glebowym towarzyszącym stanowiskom z rzepakiem porażonym kiłą kapusty najczęściej występowały gatunki grzybów rodzaju *Fusarium*, w tym głównie *F. oxysporum* i *F. graminearum*. Do rodzaju *Trichoderma* w badanych próbach należały gatunki *T. reesei*, *T. virens* i *T. viride*, przy czym połowę sekwencji rozpoznano wyłącznie do rodzaju. Stwierdzono także obecność materiału genetycznego grzyba *Cercospora beticola* – groźnego patogenu buraka.

## **3. Przeniesienie odporności na kiłę kapusty z odpornych form *Brassica* do rzepaku i charakterystyka jakości nasion wybranych form mieszańcowych**

Celem badań było wyprowadzenie potomstwa F<sub>1</sub>BC<sub>1</sub> z otrzymanych mieszańców międzygatunkowych o potencjalnej odporności na kiłę kapusty. Materiał roślinny stanowiły cztery wybrane kombinacje mieszańców, zregenerowane w kulturach *in vitro* w 2019 roku. Hodowlę *in vitro* izolowanych zarodków prowadzono przy użyciu pożywek White'a, Murashige i Skoog'a bez oraz z modyfikacją Kellera oraz Nisha i Nitsha (H<sub>3</sub>).

Zregenerowane rośliny, po uprzednim ukorzenieniu na pożywce H<sub>3</sub>, sadzono do gleby, aklimatyzowano, wernalizowano, doprowadzano do kwitnienia, a następnie zbierano nasiona i wykonywano testy odpornościowe. Krzyżowanie roślin i uzyskiwanie form mieszańcowych wykonano na UP w Poznaniu, a testy odpornościowe prowadzono w IGR PAN, zgodnie z wyżej opisaną metodyką.

Analizę jakości nasion wybranych linii mieszańcowych otrzymanych z krzyżowań oddalonych wykonano metodą NIRS, w serwisie zewnętrznym (HR Strzelce, Oddz. Małyszyn). Z czterech kombinacji otrzymanych z krzyżowań pomiędzy *B. napus* i *B. rapa* analizie jakości poddano średnio po 15 linii, dla których analizowano nasiona z trzech pojedynków odnośnie zawartości tłuszczu, białka, glukozyolanów oraz włókna (ADF i NDF). Na podstawie otrzymanych wyników dotyczących jakości nasion stwierdzono, że badane mieszańce wykazywały duże zróżnicowanie pod względem analizowanych cech. Stwarza to szansę na wyselekcjonowanie nowych, cennych linii, które w przyszłości przyczynić się mogą do powstania dobrych jakościowo odmian o podwyższonej odporności na kiłę kapusty.

#### **4. Cytogenetyczna analiza mieszańców *Brassica* odpornych na kiłę kapusty (*P. brassicae*).**

Celem badań była identyfikacja chromosomów u gatunków i form mieszańcowych *Brassicaceae*, z wykorzystaniem techniki fluorescencyjnej hybrydyzacji *in situ* (FISH) z sekwencjami chromosomowo i genomowo specyficznymi. Przeprowadzono mapowanie fizyczne sekwencji 5S i 35S rDNA w chromosomach *B. napus*, *B. oleracea* i *B. rapa*. Zastosowane sondy w metodzie fluorescencyjnej hybrydyzacji *in situ* pozwoliły na określenie całkowitej liczby loci 5S i 35S rDNA. U *B. napus* zaobserwowano od 8 do 12 loci 5S rDNA oraz od 10 do 15 loci 35S rDNA. Najczęściej występującym wzorem było 10 loci 5S rDNA oraz 35S rDNA. Ponadto, na podstawie rozmieszczenia loci rDNA określono liczbę poszczególnych par chromosomów niosących geny rybosomalnego RNA, tj.: A1, A10, A3, A5/A6/A9 (pochodzące z genomu *B. rapa*) oraz C4, C7 i C8 (pochodzące z genomu *B. oleracea*). Największe zróżnicowanie (0-6) obserwowano dla chromosomów typu A1. Całkowity brak zróżnicowania w liczbie chromosomów obserwowano dla chromosomów typu C8. Zmiany w liczbie loci rDNA oraz różnice w liczbie poszczególnych par chromosomowych prawdopodobnie wynikają z różnego pochodzenia otrzymanych linii (zróżnicowanie form rodzicielskich) lub z rearanzacji oddziałujących na siebie genomów.

Realizowano część zadań badawczych w projekcie finansowanym przez MRiRW, „Postęp biologiczny”, zadanie 54: Identyfikacja źródeł odporności genetycznej na mączniaka prawdziwego i suchą zgniliznę kapustnych u mieszańców międzygatunkowych w obrębie rodzaju *Brassica*; był to projekt koordynowany przez UP w Poznaniu. W celu znalezienia źródeł odporności genetycznej na w/w choroby oceniono porażenie odmian rzepaku ozimego i potomstw mieszańcowych pokoleń F<sub>6</sub> i F<sub>7</sub>, przez grzyby rodzaju *Leptosphaeria* oraz *Hyaloperonospora parasitica*. Badania prowadzono w RGD w Dłoni koło Rawicza. Doświadczenia wykonano na poletkach o powierzchni 10 m<sup>2</sup> w trzech powtórzeniach w układzie bloków zrandomizowanych kompletnych. Oceny porażenia przeprowadzono 2 tygodnie przed zniwami i jesienią 2020 roku. Z roślin rzepaku z objawami suchej zgnilizny kapustnych izolowano mikroorganizmy chorobotwórcze w celu ustalenia przynależności gatunkowej. Przeprowadzono doświadczenie w kontrolowanych warunkach, w celu oceny odporności form mieszańcowych na *H. parasitica*. Na wszystkich mieszańcach odnotowano objawy mączniaka rzekomego. Najsilniejsze objawy zaobserwowano na roślinach formy mieszańcowej *B. napus* odm. *Californium* × *B. fruticulosa* PI649097, a najslabsze – na roślinach *B. napus* × *B. rapa* ssp. *pekinensis*. Z zebranych na wiosnę i jesień roślin z objawami suchej zgnilizny kapustnych



izolowano głównie gatunek *L. maculans*, natomiast na porażonej słomie rzepakowej przeważały owocniki *L. biglobosa*.

Na zlecenie Instytutu Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich prowadzono badania nad możliwością uprawy konopi oleistych i włóknistych na glebach lekkich, ubogich w składniki mineralne i o niskim pH. Badania zmierzają do poszukiwania sposobów wykorzystania dużego potencjału roślin konopi odmiany Henola, wyhodowanej w IWNiRZ, by móc ją uprawiać w warunkach uznawanych do tej pory za niekorzystne dla konopi. Badania wykonano na polu doświadczalnym IGR PAN w Cerekwicy w 48 wariantach nawozowych, na poletkach o powierzchni 108 m<sup>2</sup>. Doświadczenie wykonano w dwóch blokach po 2 powtórzenia w każdym bloku. Przed przystąpieniem do doświadczenia oceniono pH gleby i jej zasobność w azot, fosfor, potas i magnez. W większości przypadków była ona niska. Zastosowano 3 warianty nawożenia dogłębowego NPK i 8 wariantów nawożenia dolistnego. Poza nawożeniem warianty różniły się regulacją pH gleby prowadzoną przy zastosowaniu hydratu wapnia. Obecnie wykonywane są analizy zawartości oleju i składu kwasów tłuszczowych, jakości włókna oraz składu i stężenia terpenów i kannabidiolu w liściach i kwiatostanach roślin pobranych ze wszystkich wariantów nawozowych, a także badania jakości gleby przed i po uprawie roślin. Badania terpenów i kannabidiolu prowadzone będą z zastosowaniem metody chromatografii gazowej z detekcją płomieniowo-jonizacyjną (GC FID) oraz chromatografii gazowej sprzężonej ze spektrometrią mas (GC-MS), we współpracy z UP w Poznaniu.

## 2. Lista publikacji Zespołu wydanych w 2020 r.

Cantele C., Bertolino M., **Bakro F.**, Giordano M., **Jędrzycka M.**, Cardenia V. (2020) Antioxidant effects of hemp (*Cannabis sativa* L.) inflorescence extract in stripped linseed oil. *Antioxidants* 9 (11): 1131. DOI: 10.3390/antiox9111131  
**IF=5,014 MNiSW=100**

Czubatka-Bieńkowska A., **Kaczmarek J.**, Marzec-Schmidt K., Nieróbca A., Czajka A., **Jędrzycka M.** (2020) Country-wide qPCR based assessment of *Plasmodiophora brassicae* spread in agricultural soils in Poland and recommendations for the cultivation of *Brassicaceae* crops. *Pathogens*. 9: 1070. DOI: 10.3390/pathogens9121070  
**IF=3,018 MNiSW=100**

Książkiewicz M., Wójcik K., **Irzykowski W.**, Bielski W., Rychel S., **Kaczmarek J.**, Plewiński P., Rudy E., **Jędrzycka M.** (2020) Validation of *Diaporthe toxica* resistance markers in European *Lupinus angustifolius* germplasm and identification of novel resistance donors for marker-assisted selection. *Journal of Applied Genetics* 61 (1): 1-12. DOI: 10.1007/s13353-019-00521-y  
**IF=2,027 MNiSW=100**

**Bakro F.**, **Jędrzycka M.**, Wielgusz K., Sgorbini B., Inchingolo R., Cardenia, V. (2020) Simultaneous determination of terpenes and cannabidiol in hemp (*Cannabis sativa* L.) by fast gas chromatography with flame ionization detection. *Journal of Separation Science* 43 (14): 2817-2826. DOI: 10.1002/jssc.201900822  
**IF=2,878 MNiSW=70**

**Jędrzycka M.**, **Kaczmarek J.**, Majka J., Niemann J., Jajor E., **Irzykowski W.**, Korbas M. (2019). Zastosowanie konwencjonalnych i molekularnych narzędzi fitopatologicznych

w poszukiwaniu źródeł odporności na kiłę kapusty oraz charakterystyka aktualnej populacji patogenu w Polsce . Biuletyn IHAR 286: 219-222. <https://doi.org/10.37317/biul-2019-0049> (nie wykazano w sprawozdaniu 2019 r.)

**MNiSW=20**

Niemann J., **Jędrzycka M.**, Majka J., Mrówczyński M., **Kaczmarek J.**, Weigt D. (2019). Introdukcja genów odporności na choroby i owady oraz męskiej sterylności z pokrewnych gatunków rodzaju *Brassica* do rzepaku (*Brassica napus* L.). Biuletyn IHAR 286: 199-201. <https://doi.org/10.37317/biul-2019-0045> (nie wykazano w sprawozdaniu 2019 r.)

**MNiSW=20**

**Jędrzycka M.**, **Irzykowski W.**, Majka J., Niemann J., Korbas M. Jajor E. (2020). Zastosowanie konwencjonalnych i molekularnych narzędzi fitopatologicznych w poszukiwaniu źródeł odporności na kiłę kapusty oraz charakterystyka aktualnej populacji patogenu w Polsce . Biuletyn IHAR 291: 101-102. DOI: 10.37317/biul-2020-PB35

**MNiSW=20**

Niemann J., Weigt D., Szwarz J., Bocianowski J., **Jędrzycka M.**, **Kaczmarek J.**, Majka J., Mrówczyński M. (2020). Introdukcja genów odporności na choroby i owady oraz męskiej sterylności z pokrewnych gatunków rodzaju *Brassica* do rzepaku (*Brassica napus* L.). Biuletyn IHAR 291: 91-92. DOI: 10.37317/biul-2020-PB31

**MNiSW=20**

*Czasopisma branżowe*

**Kaczmarek J.**, **Jędrzycka M.** (2020). SPEC – walka o zdrowy rzepak. Przedsiębiorca Rolny 5 (67): 62-63.

**Jędrzycka M.**, **Bakro F.**, Bunalski M., Wielgusz K. (2020). Svarbiausios kanapių ligos ir kenkėjai. Mano ūkis. 2: 39-41. ISSN 1392-3595 [artykuł w j. litewskim, na zaproszenie czasopisma].

**Zespół Interakcji Roślina-Patogen**

Kierownik Zespołu prof. dr hab. Łukasz Stępień

Skład Zespołu dr Justyna Lalak-Kańczugowska  
 mgr inż. Monika Urbaniak  
 mgr Lakshmi Priya Perincherry (doktorant)  
 mgr Natalia Witaszak (doktorant)

Liczba N 3

**Współautorstwo publikacji**

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MNiSW	12
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	12

**Projekty wykonywane w Zespole**

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zespole	Udział w projektach innych Zespołów IGR PAN i zewnętrznych
UE		
Inny międzynarodowy		
Rządowy		
NCN/NCBiR/POIG	2	7
MRiRW		
Inny		
Ogółem	2	7

**Projekty kierowane w Zespole**

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu; środki finansowe ogółem	Kierownik; wykonawcy
1	NCN; OPUS 13; Role enzymów litycznych i mykotoksyn wytwarzanych przez grzyby <i>Fusarium</i> w procesie patogenezy; oraz metabolitów odpowiedzialnych za odpowiedź obronną roślin; 2017/25/B/NZ9/01210; 2018-02-09; 2022-02-08; 728 650 zł	Ł. Stępień; L. Perrincherry, J. Lalak-Kańczugowska, N. Witaszak, A. Waśkiewicz (UP Poznań)
2	NCN; PRELUDIUM 13; Zmienność potencjału	M. Urbaniak

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

## 1. Opis prac badawczych Zespołu.

Celem badań prowadzonych w Zakładzie Interakcji Roślina-Patogen jest charakterystyka molekularna i metabolomiczna grzybów patogenicznych względem roślin uprawnych oraz gatunków entomopatogennych, dla poznania ich właściwości biologicznych i chemicznych, a także opracowania metod ich wykrywania i zwalczania/wykorzystania w praktyce rolniczej. Jednocześnie analizowane są mechanizmy molekularne uruchamiane podczas interakcji mikroorganizmów z organizmem gospodarza, czyli różnych gatunków roślin uprawnych.

1. Dokonano analizy filogenetycznej zestawu szczepów *Fusarium* oraz *Trichoderma* na podstawie sekwencji genu syntazy bowerycyny *BEAS*. Jednocześnie wykazano, że niektóre szczepy *Trichoderma* posiadają zdolność biosyntezy bowerycyny (toksyczny metabolit z grupy cyklodepsipeptydów). Analizy te pozwoliły na wyciągnięcie wniosku o obecności różnych alleli tego genu wśród produkujących bowerycynę przedstawicieli *Hypocreales*. W toku są podobne analizy dotyczące genu ketoreduktazy izowalerianianowej *KIVR*.
2. Zebrano próby z dwóch doświadczeń polowych pszenicy zwyczajnej (ozimej i jarej) różniących się stosowaną agrotechniką oraz przedplonem. Kłosa zbierano w stadium dojrzałości mleczej, gdy objawy porażenia fuzariozą kłosów były już wyraźnie widoczne. Wyizolowano i oczyszczono izolaty patogenicznych grzybów *Fusarium* zasiedlających kłosa pszenicy. Identyfikacja gatunkowa tych izolatów jest obecnie w toku, podobnie jak analizy zawartości mykotoksyn w zebranych ziarnie.
3. Przeprowadzono analizy potencjału antagonistycznego wybranych izolatów *Trichoderma* w stosunku do patogenicznych izolatów *Fusarium* (zewnątrzny projekt **OPUS 17**). Założono hodowle na sterylnym ziarnie ryżu w układzie patogen, antagonist, patogen+antagonista, w trzech powtórzeniach biologicznych (osiem izolatów *Fusarium* i osiem izolatów *Trichoderma*), przez 14 dni w ciemności przy +22°C. Po ekstrakcji mykotoksyn (trichotecenów, zearalenonu, fumonizyn i cyklodepsipeptydów) przeprowadzone zostaną analizy ilościowe metodą UPLC-MS i określony zostanie stopień inhibicji biosyntezy tych metabolitów przez antagonistyczne szczepy *Trichoderma*.
4. W ramach projektu **OPUS 13** przeprowadzono analizy metabolomiczne ekstraktów dwóch odmian grochu (Sokolik i Santana). Rośliny prowadzono w doniczkach przez 4-5 tygodni. Pędy zostały zebrane w całości i poddane homogenizacji w ciekłym azocie, a następnie poddane wirowaniu (6.000 rpm przez 15 minut). Metabolity wtórne obecne w uzyskanych ekstraktach zostały zidentyfikowane za pomocą technik chromatograficznych sprzężonych ze spektrometrią mas. Wyniki są obecnie opracowywane.

5. Przygotowano próby z siewek pszenicy do analiz spektrometrycznych w ramach projektu **OPUS 14 (2017/27/B/NZ9/01591)**, kierownik L. Błaszczyk) "Dynamika mykobioty endosfery pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) i jej wpływ na wzrost i kondycję rośliny".
6. Wykonano analizy ilościowe wybranych makrolaktonów w ramach projektu **OPUS 11 (2016/21/B/NZ9/01875)**, kierownik G. Koczyk) "Geneza i rozpowszechnianie zdolności do biosyntezy oraz metabolizmu makrolaktonów wśród grzybów wyższych".
7. Przygotowano próby do analiz proteomicznych w ramach projektu **SONATA 9 (2015/17/D/NZ9/03347)**, kierownik A. Piasecka) "Metabolomiczne i proteomiczne aspekty konserwatywnych mechanizmów odpowiedzi roślin z rodziny *Poaceae* na fuzariozę".
8. Ponownie zostały wykonane analizy wyników proteomicznych w oparciu o komercyjne oprogramowanie Proteome Discoverer 2.4 (w roku 2019 były wykonywane za pomocą niekomercyjnych programów Perseus oraz MaxQuant) do projektów:
  - **OPUS 12 (2016/23/B/NZ9/03548)** "Wyjaśnianie współdziałanie hormonów i jego roli w kształtowaniu architektury roślin jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.),
  - **OPUS 10 (2015/19/B/NZ9/03083)** "Molekularne podstawy reakcji pszenicy (*Triticum aestivum* L.) na kolonizację korzeni przez gatunki *Trichoderma*,
  - **SONATA 12 (2016/23/D/NZ9/00043)** "Zmiany ekspresji genów na poziomie całego genomu liścia flagowego jęczmienia pod wpływem stresów abiotycznych działających symultanicznie".
9. W ramach współpracy z Zakładem Biometrii i Bioinformatyki IGR przeprowadzono profilowanie ekspresji genów związanych z biosyntezą laktonów benzenodiolowych w zróżnicowanych warunkach środowiskowych u grzybów nitkowatych. Badania obejmowały zarówno profilowanie dwóch kluczowych genów (HR-PKS i NR-PKS), jak i dwóch genów akcesorycznych (hydrolaza C-końca ubikwityny i czynnik transkrypcyjny).

## 2. Lista publikacji Zespołu wydanych w 2020 r.:

Pytlak A., Kasprzycka A., Szafranek-Nakonieczna A., Grządziel J., Kubaczyński A., Proc K., Onopiuk P., Walkiewicz A., Polakowski C., Gałązka A., **Lalak-Kańczugowska J.**, Stępniewska Z., Bieganowski A. (2020) Biochar addition reinforces microbial interspecies cooperation in methanation of sugar beet waste (pulp). *Science of The Total Environment* 730: 138921. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2020.138921.

**IF=6,551 MNiSW=200**

Formela-Luboińska M., Remlein-Starosta D., Waśkiewicz A., Karolewski Z., Bocianowski J., **Stępień Ł.**, Labudda M., Jeandet P., Morkunas I. (2020) The role of saccharides in the mechanisms of pathogenicity of *Fusarium oxysporum* f. sp. *lupini* in yellow lupine (*Lupinus luteus* L.). *International Journal of Molecular Sciences* 21 (19): 7258. DOI: 10.3390/ijms21197258.

**IF=4,556 MNiSW=140**

**Stępień Ł., Lalak-Kańczugowska J.** (2020) Signaling pathways involved in virulence and stress response of plant pathogenic *Fusarium* species. *Fungal Biology Reviews*.

DOI: 10.1016/j.fbr.2020.12.001.

**IF=4,806 MNiSW=140**

**Witaszak N., Waśkiewicz, A., Bocianowski J., Stępień Ł.** (2020) Contamination of pet food with mycobiota and *Fusarium* mycotoxins-focus on dogs and cats. *Toxins* 12 (2): 130. DOI: 10.3390/toxins12020130.

**IF=3,895 MNiSW=100**

**Witaszak N., Lalak-Kańczugowska J., Waśkiewicz A., Stępień Ł.** (2020) The impacts of asparagus extract fractions on growth and fumonisins biosynthesis in *Fusarium proliferatum*. *Toxins* 12 (2): 95. DOI: 10.3390/toxins12020095.

**IF=3,895 MNiSW=100**

**Urbaniak M., Waśkiewicz A., Stępień Ł.** (2020) *Fusarium* cyclodepsipeptide mycotoxins: chemistry, biosynthesis, and occurrence. *Toxins* 12 (12): 765. DOI:doi.org/10.3390/toxins12120765.

**IF=3,895 MNiSW=100**

**Perincherry L., Ajmi Ch., Oueslati S., Waśkiewicz A., Stępień Ł.** (2020), Induction of *Fusarium* lytic enzymes by extracts from resistant and susceptible cultivars of pea (*Pisum sativum* L.). *Pathogens* 9 (11): 976. DOI: 10.3390/pathogens9110976.

**IF=3,018 MNiSW=100**

**Urbaniak M., Waśkiewicz A., Trzebny A., Koczyk G., Stępień Ł.** (2020) Cyclodepsipeptide biosynthesis in *Hypocreales* fungi and sequence divergence of the non-ribosomal peptide synthase genes. *Pathogens* 9 (7): 552. DOI: 10.3390/pathogens9070552.

**IF=3,018 MNiSW=100**

Jureczko M., Przysaś W., **Urbaniak M.,** Banach-Wiśniewska A., **Stępień Ł.** (2020) Tolerance to cytostatic drugs bleomycin and vincristine by white rot fungi. *Archives of Environmental Protection* 46 (3): 99-104. DOI: 10.24425/aep.2020.134540.

**IF=1,775 MNiSW=100**

**Urbaniak M., Waśkiewicz A., Koczyk G., Błaszczuk L., Stępień Ł.** (2020) Divergence of beauvericin synthase gene among *Fusarium* and *Trichoderma* species. *Journal of Fungi* 6(4): 288. DOI: 10.3390/jof6040288.

**IF=4,621 MNiSW=20**

Beccari G., **Stępień Ł.,** Onofri A., Lattanzio V.M., Ciasca B., Fatah S.E., Valente F., **Urbaniak M.,** Covarell L. (2020) *In Vitro* fumonisin biosynthesis and genetic structure of *Fusarium verticillioides* strains from five Mediterranean countries. *Microorganisms* 8: 241. DOI: 10.3390/microorganisms8020241.

**IF=4,152 MNiSW=20**

**Stępień Ł.** (2020) *Fusarium*: Mycotoxins, Taxonomy, Pathogenicity. *Microorganisms*, 8: 1404. DOI: 10.3390/microorganisms8091404.

**IF=4,152 MNiSW=20**

**Zespół Struktury i Funkcji Mikrobiomu Roślin**

Kierownik Zespołu dr hab. Lidia Błaszczyk

Skład Zespołu dr Sylwia Salamon  
mgr inż. Aneta Basińska-Barczak  
mgr inż. Katarzyna Mikołajczak (doktorantka)

Liczba N 3

**Współautorstwo publikacji**

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MNiSW	5
Poza listą	-
Monografie i rozdziały	-
Inne	-
Ogółem	5

**Projekty wykonywane w Zespole**

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zespole	Udział w projektach innych Zespołów IGR PAN i zewnętrznych
UE	-	-
Inny międzynarodowy	-	-
Rządowy	-	-
NCN/NCBiR/POIG	2	1
MRiRW	-	-
Inny	-	-
Ogółem	2	1

**Projekty kierowane w Zespole**

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu; środki finansowe ogółem	Kierownik; wykonawcy
1	NCN; OPUS 10; Molekularne podstawy reakcji pszenicy ( <i>Triticum aestivum</i> L.) na kolonizację korzeni przez gatunki <i>Trichoderma</i> ; 2015/19/B/NZ9/03083; 2016-06-23; 2020-06-22; 608 400 zł.	L. Błaszczyk; A. Kosmala, A. Basińska-Barczak, N. Witaszak, M. Łuczak (ICHB, Poznań)
2	NCN; OPUS 14; Dynamika mykobiomu endosfery pszenicy zwyczajnej ( <i>Triticum aestivum</i> L.) i jej wpływ na wzrost i kondycję rośliny;	L. Błaszczyk; S. Salamon, A. Basińska-Barczak, M. Tomaszewska, R. Holewińska, K. Mikołajczak, N. Witaszak

	2017/27/B/NZ9/01591; 2018-06-29; 2021-06-28; 1 374 700 zł	
--	--	--

## 1. Opis prac badawczych Zespołu.

### Streszczenie

Dokonano analizy transkryptomu i proteomu roślin pszenicy poddanych oddziaływaniu z grzybami *Trichoderma*; wykazano wpływ tych grzybów na ekspresję białek i genów związanych z reakcjami odpornościowymi roślin, w tym mechanizmami odporności nabytej i systemicznej, uruchamianych przez rośliny w wyniku interakcji z mikroorganizmami. Dokonano także analizy mykobiomu roślin pszenicy zwyczajnej i orkisz metodami NGS i klasycznymi, w celu zbadania sposobu transmisji grzybów endofitycznych.

### Pelen opis

Przedmiotem badań realizowanych w Zespole było poznanie struktury mykobiomu pszenicy, pszenicy zwyczajnej i pszenicy orkisz oraz zbadanie wpływu wybranych gatunków grzybów endofitycznych na te rośliny, sposobu ich transmisji w roślinie i pomiędzy generacjami.

Badania realizowano głównie w ramach dwóch projektów:

#### 1. Molekularne podstawy reakcji pszenicy (*Triticum aestivum* L.) na kolonizację korzeni przez gatunki *Trichoderma*; OPUS 10 (2015/19/B/NZ9/03083)

Celem badań było poznanie wpływu dwóch gatunków grzybów - *Trichoderma atroviride* AN35 i *Trichoderma cremeum* AN392 - na proteom i transkryptom dwóch odmian pszenicy – formy jarej Bombona i formy ozimej Legenda.

Analiza proteomiczna roślin pszenicy, przeprowadzona dla różnych wariantów doświadczalnych (warunki polowe i kontrolowane), z wykorzystaniem zawansowanych metod spektrometrycznych i obliczeniowych umożliwiających ujęcie statystyczne otrzymanych danych, wykazała istnienie statystycznie istotnych ( $p \leq 0.05$ ) różnic w profilach białek roślin kontrolnych i roślin traktowanych grzybami *Trichoderma*. Na podstawie przeprowadzonych badań zidentyfikowano: w liściach siewek wzrastających w warunkach kontrolowanych i polowych u odmiany Bombona odpowiednio 3744 i 2656 białek, a u odmiany Legenda - 2661 i 2319 białek; w korzeniach siewek wzrastających w warunkach kontrolowanych i polowych u odmiany Bombona odpowiednio 3029 i 4039 białek, a u odmiany Legenda - 2605 i 3910 białek. Natomiast w liściach i korzeniach roślin dorosłych odmiany Bombona i Legenda zidentyfikowano odpowiednio: 2322 (liść, Bombona), 2207 (liść, Legenda), 2522 (korzeń, Bombona) i 1765 (korzeń, Legenda) białek. Analiza zmian w profilach białek w korzeniach i liściach pszenicy zachodzących w wyniku inokulacji szczepami *Trichoderma* pozwoliła na zidentyfikowanie białek istotnie różnicujących (regulowanych w dół lub w górę) rośliny kontrolne od roślin traktowanych grzybami w poszczególnych układach doświadczalnych. Odnotowano, że część białek o zróżnicowanej ekspresji (lipoxygenase 1, catalase-1, aconitate hydratase, superoxide dismutase [Cu-Zn], peptide-methionine (R)-S-oxide reductase, peroxiredoxin Q, peroxidase, class III peroxidase, pox1, glutathione peroxidase, heme oxygenase 1, glutaredoxin, hypersensitive induced reaction protein 3, hypersensitive-induced response protein 1-like, pathogenesis-related protein 1, pathogenesis-related protein 1-8, pathogenesis-related protein 1-17, pathogenesis-related protein PRB1-2-like, cold-responsive protein COR14b, Glycerinaldehyde-3-phosphate dehydrogenase, LEA-like protein, beta-D-glucosidase 1b,



SNARE, germin-like protein 2) związana jest z reakcjami odpornościowymi roślin, w tym mechanizmami odporności nabytej i systemicznej uruchamianych przez rośliny w wyniku ich interakcji z mikroorganizmami.

Analiza transkryptomyczna (RNA-seq; HiSeqX, Illumina) przeprowadzona dla wybranych wariantów doświadczalnych: liście, stadium siewki, odmiana Bombona i Legenda, warunki kontrolowane, rośliny kontrolne i traktowane szczepem AN35 lub szczepem AN392, pozwoliła na uzyskanie od 34587282 do 60458049 odczytów dla badanych prób. W wyniku składania transkryptów de novo zidentyfikowano 262565 genów i 542494 izoform. Uzyskane odczyty, dla każdej z prób, zostały zmapowane na zbiór referencyjnych transkryptów ze średnią skutecznością mapowania ok. 88.95%. Na podstawie homologii do znanych sekwencji białkowych bazy Uniprot wyznaczono anotacje dla ok. 223000 z całej puli ponad 542000 znaczących transkryptów wykrytych w analizie. W wyniku analiz porównawczych profili ekspresji genów dla roślin kontrolnych i roślin traktowanych każdym ze szczepów *Trichoderma*, wykryto od 52607 do 55498 genów posiadających przynajmniej trzy zmapowane odczyty oraz od 48102 do 50764 spośród nich, które posiadają anotacje. Zidentyfikowano także geny istotnie różnie ekspresjonowane (FDR<0.05) w analizowanych porównaniach: 182 geny różnicujące rośliny kontrolne od traktowanych AN392 i 626 genów różnicujących rośliny kontrolne od traktowanych AN35 u odmiany Bombona oraz 1544 geny różnicujące rośliny kontrolne od traktowanych AN392 i 2961 genów różnicujących rośliny kontrolne od traktowanych AN35 u odmiany Legenda. Wyznaczono identyfikatory GO (Gene Ontology), które były nadreprezentowane w zbiorze genów różnicujących dla każdej porównywanej grupy. Odnotowano, że część genów o zróżnicowanej ekspresji związana jest z reakcjami odpornościowymi roślin, w tym mechanizmami odporności nabytej i systemicznej uruchamianych przez rośliny w wyniku ich interakcji z mikroorganizmami.

Przeprowadzone analizy były kontynuacją badań nad poznaniem molekularnych podstaw reakcji pszenicy na kolonizację korzeni przez gatunki *Trichoderma*. W ramach tych badań wykazano zdolność *T. atroviride* AN35 i *T. cremeum* AN392 do kolonizacji zarówno powierzchni jak i wewnętrznych tkanek korzeni pszenicy zwyczajnej; udokumentowano wzrost strzępek tych grzybów w przestworach międzykomórkowych jak i w świetle komórek korzenia. Zidentyfikowano istotne zmiany morfo-fizjologiczne, anatomiczne i zmiany na poziomie metabolomu, proteomu, transkryptomu zachodzące w roślinach w wyniku interakcji z tymi grzybami. Z uwagi na znaczenie grzybów *Trichoderma* jako czynników kontroli biologicznej, czy biostymulatorów roślin, a także ze względu na znaczenie żywieniowe pszenicy na świecie, wyniki tego projektu mogą być wykorzystane do dalszych, aplikacyjnych badań służących opracowaniu zarówno nowoczesnych strategii ochrony roślin przed patogenami lub niekorzystnymi warunkami środowiska jak i nowej generacji biopreparatów, biostymulatorów dla roślin pszenicy.

## **2. Dynamika mykobiomu endosfery pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) i jej wpływ na wzrost i kondycję rośliny; OPUS 14 (2017/27/B/NZ9/01591)**

Celem badań było określenie sposobu transmisji grzybów endofitycznych w roślinie i pomiędzy dwoma generacjami. W badaniu wykorzystano 10 odmian pszenicy. Doświadczenie prowadzono w warunkach kontrolowanych w szklarni i fitotronach (siewki akseniczne). Analizy mykobiomu roślin w generacji G1 i G2 przeprowadzono metodą NGS (region ITS2 rDNA, Miseq Illumina). Gatunki grzybów wyizolowanych z tkanek roślinnych zidentyfikowano na podstawie sekwencjonowania metodą Sanger.

Zidentyfikowano 220 operacyjnych jednostek taksonomicznych (OTU) grzybów w generacji G1 i 150 OTU w generacji G2. Grzyby należące do klas *Sordariomycetes*,

*Leotiomyces* oraz *Dothideomyces* były najliczniej reprezentowane. Ponadto zidentyfikowano grzyby z klas: *Agaricomycetes*, *Malasseziomycetes*, *Microbotryomycetes*, *Orbiliomycetes*, *Pucciniomycetes*, *Sascharomycetes* i *Tremellomycetes*.

Z roślin generacji G1 wyizolowano 210 izolatów. Liczba zidentyfikowanych gatunków grzybów wahała się w granicach 8-10 gatunków na odmianę, wyjątek stanowiły dwie odmiany pszenicy jarej: Rospuda i Rusalka, gdzie zidentyfikowano jedynie 4 różne gatunki grzybów. Najliczniej reprezentowanym gatunkiem był *S. spinificis* (64 izolaty). Z roślin generacji G2 wyizolowano 58 szczepów. Zaobserwowano, że odmiany Ostroga oraz Legenda były najbardziej zróżnicowane pod względem gatunkowym. Najliczniej reprezentowanymi gatunkami były: *L. lecanii*, *F. proliferatum*. Gatunkami grzybów, które zidentyfikowano zarówno w roślinach generacji G1 jak i G2 były: *L. lecanii*, *T. koningii* i *F. proliferatum*.

W celu zbadania horyzontalnego sposobu przenoszenia się grzybów endogennych przeprowadzono doświadczenie z wykorzystaniem aksenicznych siewek pszenicy pozyskanych metodą izolacji zarodka. Siewki traktowano dogłębowo i w postaci oprysku na liście zawiesiną zarodników wybranych gatunków grzybów, wyizolowanych wcześniej z roślin generacji G1. Doświadczenie przeprowadzono w układzie: 10 odmian pszenicy/ 10 traktowań (*F. proliferatum*, *P. olsonii*, *P. expansum*, *N. gorlenkoana*, *S. spinificis*, *E. album*, *C. candelabrum*, *T. hamatum*, mieszanina wszystkich izolatów, kontrola - sterylna woda/ 3 powtórzenia/ 5 roślin na powtórzenie). Siedem dni po inokulacji siewek przeprowadzono ponowną izolację grzybów. Zaobserwowano, że grzyby szybko rosnące (*P. olsonii*, *F. proliferatum*, *P. expansum*, *T. hamatum*) zasiedliły tkanki roślin pszenicy. Obserwowano także ich obecność w roślinach inokulowanych mieszaniną wszystkich badanych w tym doświadczeniu grzybów. Nie zaobserwowano natomiast występowania grzybów *E. album*, *S. spinificis* i *C. candelabrum*. Prawdopodobnie grzyby te nie zasiedliły ponownie tkanek roślin, co może wskazywać, iż gatunki te nie przenoszą się pomiędzy roślinami w sposób horyzontalny. Niniejsze badania będą kontynuowane.

Zbadano strukturę zbiorowisk grzybów w endosferze korzeni i w ryzosferze 3 odmian *Triticum aestivum* ssp. *spelta* L. i w 1 odmianie *Triticum aestivum* ssp. *vulgare* L., uprawianych w warunkach suszy oraz w warunkach kontrolnych, z wykorzystaniem gleby o odmiennym stopniu przygotowania (pobranej z pola, autoklawowanej oraz z dodatkiem preparatu mikoryzowego). Łącznie wyizolowano i zidentyfikowano 117 szczepów grzybów należących do 22 rodzajów. Analiza statystyczna uzyskanych wyników wskazała, że część korzenia oraz sposób przygotowania gleby w istotny sposób wpływał na społeczność mykobiomu korzeni pszenicy.

Rozpoczęto również badania wstępne nad określeniem roli wybranych miRNA w interakcji pszenicy zwyczajnej z grzybami patogenicznym *F. culmorum* oraz symbiotycznymi z rodzaju *Trichoderma*. Wykorzystując metodę Stem Loop RT-ddPCR (Digital Droplet PCR System; Bio-Rad, USA) przeanalizowano trzy cząsteczki miRNA: miRNA398, miRNA167 i miRNA158. Przeprowadzono absolutną kwantyfikację wyżej wymienionych miRNA w liściach oraz korzeniach ozimej odmiany pszenicy Legenda podczas symbiotycznych oddziaływań z *T. atroviride* (szczep AN35) i *T. cremeum* (AN392), a także w trakcie patogenicznych relacji z dwoma szczepami *F. culmorum* (EW49, KF846). Stwierdzono, że poziom ekspresji poszczególnych miRNA zależał od organu rośliny i charakteru interakcji pszenica-grzyby. Badania te będą kontynuowane.

## 2. Lista publikacji Zespołu wydanych w 2020 r.

**Basińska-Barczak A., Błaszczyk L., Szentner K.** (2020) Plant cell wall changes in common wheat roots as a result of their interaction with beneficial fungi of *Trichoderma*. *Cells* 9: 2319. DOI: 10.3390/cells9102319.

**IF=4,366 MNiSW=140**

**Salamon S., Mikołajczak K., Błaszczyk L., Ratajczak K., Sulewska H.** (2020) Changes in root-associated fungal communities in *Triticum aestivum* ssp. *spelta* L. and *Triticum aestivum* ssp. *vulgare* L. under drought stress and in various soil processing. *PLOS ONE* 15(10): e0240037. DOI: 10.1371/journal.pone.0240037.

**IF=2.740 MNiSW=100**

Ćłapa T., **Mikołajczak K., Błaszczyk L.,** Narożna D. (2020) Development of high-resolution melting PCR (HRM-PCR) assay to identify native fungal species associated with the wheat endosphere. *Journal of Applied Genetics* 61 (4): 629-635. DOI: 10.1007/s13353-020-00578-0.

**IF=2,027 MNiSW=100**

Ratajczak K., Sulewska H., **Błaszczyk L., Basińska-Barczak A., Salamon S., Mikołajczak K.,** Szymańska G., Dryjański L. (2020) Growth and photosynthetic activity of selected spelt varieties (*Triticum aestivum* ssp. *spelta* L.) cultivated under drought conditions with different endophytic core microbiomes. *International Journal of Molecular Sciences* 21: 7987. DOI:10.3390/ijms21217987.

**IF=4,556 MNiSW=140**

Urbaniak M., Waśkiewicz A., Koczyk G., **Błaszczyk L.,** Stępień Ł. (2020) Divergence of beauvericin synthase gene among *Fusarium* and *Trichoderma* species. *Journal of Fungi* 6(4): 288. DOI: 10.3390/jof6040288.

**IF=4,621 MNiSW=20**

**Zespół Metabolomiki**

Kierownik Zespołu prof. dr hab. Piotr Kachlicki

Skład Zespołu dr Anna Piasecka (1/2 etatu do 30.09.2020)

Liczba N 1,5

**Współautorstwo publikacji**

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MNiSW	7
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	7

**Projekty wykonywane w Zespole**

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zespole	Udział w projektach innych Zespołów IGR PAN i zewnętrznych
UE		
Inny międzynarodowy		
Rządowy		
NCN/NCBiR/POiG	1	3
MRiRW		
Inny		
Ogółem	1	3

**Projekty kierowane w Zespole**

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu; środki finansowe ogółem	Kierownik; wykonawcy
1.	NCN SONATA 9; „Metabolomiczne i proteomiczne aspekty konserwatywnych mechanizmów odpowiedzi roślin z rodziny Poaceae na fuzariozę kłosów”, 2015/17/D/NZ9/03347, 2016-03-09; 2020-03-08; 534 600 zł.	A. Piasecka; J. Kaczmarek, N. Witaszak, A. Sawikowska (UP Poznań)

## 1. Opis prac badawczych Zespołu:

W ramach projektu SONATA sfinalizowano prace związane z analizą zmian w profilach metabolitów wtórnych zachodzących pod wpływem infekcji roślin jęczmienia, pszenicy oraz kłosownicy dwukłoskowej (*Brachypodium distachion*) przez patogen *Fusarium culmorum*. Konserwatyzm układu odpornościowego badanych roślin przejawiał się w podobieństwie szlaków metabolicznych związanych z odpowiedzią na infekcję. Analiza bioinformatyczna uzyskanych danych opierająca się na dostępnych bazach danych metabolomicznych pokazała, iż odpowiedź immunologiczna dotyczyła głównie szlaków biosyntezy poliamin, flawonoidów, alkaloidów i fenylopropanoidów. Wykazano, że atak patogenu powoduje wystąpienie istotnych różnic ilościowych oraz jakościowych w odpowiedzi immunologicznej na poziomie metabolomu i proteomu odmian wrażliwych oraz odpornych pszenicy i jęczmienia. Zidentyfikowano część metabolitów (w sumie 430 związków) uczestniczących w odpowiedzi na infekcję patogenem, które zostały wskazane jako statystycznie istotne w analizach globalnych. Ważnym osiągnięciem projektu było stworzenie bazy metabolitów wtórnych (ponad 100) kłosownicy dwukłoskowej (publikacja w przygotowaniu).

## 2. Lista publikacji Zespołu wydanych w 2020 r.

Kruszka D., Sawikowska A., Selvakesavan R.K, Krajewski P, **Kachlicki P.**, Franklin G. (2020) Silver nanoparticles affect phenolic and phytoalexin composition of *Arabidopsis thaliana*. *Science of Total Environment* 716: 135361. doi: 10.1016/j.scitotenv.2019.135361.  
**IF=6,551 MNiSW=200**

Pradeep M., **Kachlicki P.**, Franklin G. (2020) Simultaneous determination of naphthodianthrones, emodin, skyrin and new bisanthrones in *Hypericum perforatum* L. in vitro shoot cultures. *Industrial Crops & Products* 144: 112003  
<https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2019.112003>.  
**IF=4,244 MNiSW=200**

**Piasecka A.**, Sawikowska A., Kuczyńska A., Ogródowicz P., Mikołajczak K., Krajewski P., **Kachlicki P.** (2020) Phenolic Metabolites from Barley in Contribution to Phenome in soil Moisture Deficit. *Int. J. Mol. Sci.* 21, 6032; doi:10.3390/ijms21176032.  
**IF=4,556, MNiSW 140**

Lorenc W., Kruska D., **Kachlicki P.**, Kozłowska J., Barańkiewicz D. (2020) Arsenic species and their transformation pathways in marine plants. Usefulness of advanced hyphenated techniques HPLC/ICP-MS and ESI-MS/MS in arsenic species analysis. *Talanta* 220, 121384; <https://doi.org/10.1016/j.talanta.2020.121384>.  
**IF=5,339 MNiSW=100**

Epifanio N.M.M., Cavalcanti L.R.I., dos Santos K.F.P., Duarte S.C., **Kachlicki P.**, Ozarowski M., Riger C.J., Chaves D.S.A (2020) Chemical characterization and antioxidant activity *in vivo* of parsley (*Petroselinum crispum*) aqueous extract. *Food & Function* 11, 5346-5356; doi: 10.1039/D0FO00484G.  
**IF=4,171 MNiSW=100**

Lorenc W., Markiewicz B., Kruszka D., **Kachlicki P.**, Barałkiewicz D. (2020) Total versus inorganic and organic species of As, Cr and Sb in flavored and functional drinking waters. Analysis and risk assessment. *Molecules* 25, 1099; doi:10.3390/molecules25051099.

**IF=3,060 MNiSW=100**

Buchwald W., Szulc M., Baraniak J., Derebecka N., Kania-Dobrowolska M., **Piasecka A.**, Bogacz A., Karasiewicz M., Bartkowiak-Wieczorek J., Kujawski R., Gryszczyńska A., **Kachlicki P.**, Dreger M., Ożarowski M., Krajewska-Patan A., Górską-Paukšta M., Kamińska E., Mikołajczak P. (2020) The Effect of Different Water Extracts from *Platycodon grandiflorum* on Selected Factors Associated with Pathogenesis of Chronic Bronchitis in Rats. *Molecules* 25, 5020; doi:10.3390/molecules25215020.

**IF=3,060 MNiSW=100**

## ZAKŁAD GENOMIKI

Kierownik: prof. dr hab. Bogdan Wolko

### *Analiza genomów roślinnych na poziomie struktury i funkcji genów*

#### **Zespół Genomiki Porównawczej Roślin Strączkowych**

Kierownik Zespołu prof. dr hab. Wojciech Święcicki

Skład Zespołu prof. dr hab. Wojciech Rybiński (1/8 etatu)  
dr hab. Karolina Susek (od 30.04.2020)  
dr Magdalena Gawłowska  
dr Magdalena Kroc  
mgr inż. Barbara Górniewicz (do 02.11.2020)  
mgr Magdalena Tomaszewska (od 1.06.2020)  
mgr Katarzyna Czepiel (biolog do 31.10., asystent od 1.11.2020)  
mgr Paulina Wilczura  
mgr Aleksandra Burdzińska (do 23.08.2020)  
inż. Czesława Nawrot (1/2 etatu, do 2.11.2020)  
dr hab. Andrzej Górny (1/4 etatu)  
Katarzyna Beczek (3/4 etatu)  
mgr Pankaj Kumar (doktorant)

Liczba N 6,875

#### **Współautorstwo publikacji**

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MNiSW	9
Poza listą	6
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	15

#### **Projekty wykonywane w Zespole**

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zespole	Udział w projektach innych Zespołów IGR PAN i zewnętrznych
UE	1	
Inny międzynarodowy		
Rządowy	2	
NCN/NCBiR/POIG	3	1
MRiRW	3	
Inny		
Ogółem	9	1

### Projekty kierowane w Zespole

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu; środki finansowe ogółem	Kierownik; wykonawcy
1	Horyzont 2020; INCREASE - Intelligent Collections of Food Legumes Genetic Resources for European Agrofood Systems; 862862; 2020-05-01; 2025-05-01; 250 001 Euro	K. Susek; M. Kroc (IGR PAN), M. Tomaszewska (IGR PAN), K. Czepiel (IGR PAN) R. Papa (Universita Politecnica delle Marche; Włochy)
2	EU COST Action (The European Cooperation in Science and Technology); EPI-CATCH - EPIgenetic mechanisms of Crop Adaptation To Climate cHange; EU CA19125; 2020-09-17; 2024-09-16	K. Susek; M. Kroc (IGR PAN) F. Martinelli (University of Florence, Włochy)
3	Rada Ministrów; Wieloletni Program Rządowy; Nowe metody i techniki dla ulepszenia wartości odmian roślin strączkowych; HOR zg 8423/2/2016; 2016-01-01; 2020-12-31;	Kierownik Obszaru: W. Świącicki; <ul style="list-style-type: none"> <li>• Zad. 2.1. „Poprawa wartości użytkowej grochu (<i>Pisum sativum</i> L.), łubinu wąskolistnego (<i>Lupinus angustifolius</i> L.) oraz łubinu białego (<i>L. albus</i> L.) poprzez obniżenie w nasionach zawartości antyżywnieniowych oligosacharydów rodziny rafinozy oraz obniżenie podatności grochu na askochytozę”, <b>M. Gawłowska</b>; W. Świącicki, L. Boros (IHAR Radzików), L. Lahuta (UWM, Olsztyn). 290 000 zł</li> <li>• Zad. 2.2. „Identyfikacja genów warunkujących zawartość alkaloidów oraz zawiązywanie i utrzymywanie organów generatywnych u łubinów”, <b>M. Kroc</b>; W. Świącicki, K. Czepiel, P. Wilczura. 324 000 zł</li> <li>• Zad. 2.5. „Analiza zmienności, sposobu dziedziczenia wskaźników fizjologicznych u łubinu wąskolistnego i grochu siewnego oraz możliwości ich wykorzystania w ulepszaniu produktywności roślin”, <b>B. Górniewicz</b>; W. Świącicki, W. Mikulski, W. Pilarczyk (UP Poznań). 174 000 zł</li> <li>• 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”, <b>A.G. Górny</b>; K. Beczek, M. Gawłowska, W.K. Świącicki. 382 000 zł</li> </ul>



4	Rada Ministrów; Wieloletni Program Rządowy; Prowadzenie kolekcji zasobów genowych marginalnych roślin strączkowych gruboziarnistych; RM-111-29-15; 2015-07-14; 2020-12-31; 73 000 zł	W. Rybiński; Cz. Nawrot, M. Paczkowska, A. Cofta, M. Krygier, W. Kryk
5	NCN; OPUS 18; Architektura genetyczna nasion: ewolucyjne podejście do identyfikacji molekularnych podstaw zmienności fenotypowej u roślin strączkowych (łubinu białego i fasoli zwyczajnej); 2019/35/B/NZ8/04283; 2020-07-20; 2024-07-19; 1 988 520 zł.	K. Susek; M. Kroc (IGR PAN), M. Tomaszewska (IGR PAN), wykonawcy wyłonieni w drodze konkursu
6	NCN; HARMONIA 7; Mechanizmy leżące u podstaw ewolucji genomów roślinnych, dywersyfikacji i specjacji; 2015/18/M/NZ2/00422; 2016-05-13; 2021-05-12; 971 088 zł	K. Susek; M. Kroc (IGR PAN), M. Tomaszewska (IGR PAN), B. Abernathy, S.A. Jackson (UGA, Athens, USA)
7	NCN; MINIATURA 3; Badania pilotażowe nowego mechanizmu regulacji niskiej zawartości alkaloidów w nasionach łubinu wąskolistnego, poprzez powiązanie poziomu ekspresji genów szlaku biosyntezy alkaloidów z akumulacją tych związków w poszczególnych organach rośliny; 2019/03/X/NZ1/02009; 2019-12-21; 2021-04-20; 34 287 zł	M. Kroc; K. Czepiel
8	MRiRW; Identyfikacja rejonów w genomie grochu; warunkujących wybrane parametry sprawności fizjologicznej; jako istotnego elementu odporności na stesy abiotyczne; Znak sprawy: KS.zb.802.2.2020; zad. 40; 2014-01-01; 2020-12-31; 144 000 zł na rok 2020	W. Święcicki; M. Gawłowska (IGR PAN), A. Górny (IGR PAN), K. Beczek (IGR PAN), A. Niewiadomska (UP Poznań), L. Boros (IHAR Radzików), A. Wawer (IHAR Radzików).

9	MRiRW; Identyfikacja i sposób dziedziczenia genów warunkujących odporność na choroby grzybowe i niską zawartość alkaloidów w doskonaleniu wartości użytkowej łubinów, ze szczególnym uwzględnieniem łubinu żółtego; Znak sprawy: KS.zb.802.2.2020; zad. 41; 2014-01-01; 2020-12-31; 164 700 zł na rok 2020	W. Świącicki; M. Kroc (IGR PAN), K. Czepiel (IGR PAN), P. Wilczura (IGR PAN), P. Barzyk (PHR Tulce, o. Wiatrowo).
10	MRiRW; Analiza zmienności genetycznej i piramidyzacja genów warunkujących cechy użytkowe łubinu białego; HOR hn-801-8/14 zad. 42; 2014-01-01; 2020-12-31; 67 500 zł na rok 2020	W. Rybiński; W. Świącicki, Cz. Nawrot, P. Wilczura, P. Barzyk (PHR, Oddział w Wiatrowie)

## 1. Opis prac badawczych Zespołu.

### Streszczenie

Analizowano zależność plonu nasion od parametrów fizjologicznych u grochu. Badano proces fotosyntezy liści i rozwój korzeni w różnych środowiskach wraz z analizą ekspresji genów warunkujących te procesy. Testowano ekspresję genów warunkujących syntezę cukrowców i odporność na askochytozę u grochu.

Oszacowano ekspresję genów kandydackich biosyntezy alkaloidów, a także ich zawartość w kolekcji łubinu żółtego i wąskolistnego o różnym mechanizmie regulacji. Zidentyfikowano geny kandydackie odporności na fuzariozę u łubinów oraz poszukiwano nowe źródła odporności na patogeny grzybowe. W projekcie INCREASE opisano międzynarodową kolekcję łubinów dla opracowania narzędzi charakteryzowania, zarządzania i ochrony zasobów genetycznych.

### Pełen opis.

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

**Cel:** Opracowanie i charakterystyka kolekcji zasobów genetycznych *L. albus* i *L. mutabilis*.

**Opis prac:** Scharakteryzowano fenotyp dwóch gatunków łubinów (ponad 2000 linii). Otrzymano czyste linie dla większości genotypów metodą SSD (prace kontynuowane dla uzyskania kolejnych pokoleń).

**Efekt praktyczny:** Wybór puli zasobów genetycznych do szczegółowej analizy genotypowej i fenotypowej. Opracowanie protokołu fenotypowania łubinów i otrzymywania czystych linii (publikacja przesłana).

## **2. Rada Ministrów; Wieloletni Program Rządowy; Nowe metody i techniki dla ulepszenia wartości odmian roślin strączkowych.**

**Zadanie 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-żywieniowych oligosacharydów rodziny rafinozy oraz obniżenie podatności grochu na askochytozę.

Badano ekspresję genów związanych z odpornością na askochytozę. Stwierdzono najwyższą różnicę w ekspresji genu syntazy izoflawonowej dla 14-ego dnia po inokulacji, dla matryc 2018 r. i 4-tej h po inokulacji dla matryc 2019. W przypadku chitynazy było to 4h po inokulacji dla matryc obu lat. Poprzez odniesienie sekwencji chitynazy do sekwencji fizycznej genomu grochu, stwierdzono, że sekwencja ta znajduje się w Chr3LG5 i Chr1LG6. W poprzedniej transzy Projektu Wieloletniego zidentyfikowano trzy loci związane z odpornością na askochytozę. Zidentyfikowano jeden QTL w Chr1LG6, w pobliżu markera Leg251. Znajduje się on 50 Mbp od sekwencji chitynazy. Zidentyfikowano QTL3 w V grupie sprzężeń, w pobliżu markera PSGAPA1.

**Zadanie 2.2;** Identyfikacja genów warunkujących zawartość alkaloidów oraz zawiązywanie i utrzymywanie organów generatywnych u łubinów.

**Cel:** Identyfikacja genów kandydackich zaangażowanych w syntezę/akumulację alkaloidów u łubinu białego i żółtego na podstawie danych transkryptomicznych.

**Opis zrealizowanych prac:** W ramach realizacji zadania analizowano ekspresję wybranych genów kandydackich z zastosowaniem techniki qPCR.

### **Efekt praktyczny:**

1. Wykazano, że regulacja biosyntezy alkaloidów jest regulowana w inny sposób u każdego z badanych gatunków łubinów oraz jest różna od analizowanego wcześniej łubinu wąskolistnego.
2. Potwierdzono, że główny region warunkujący zawartość alkaloidów w nasionach łubinu białego obejmuje gen *pauper* w grupie sprzężeń 18.

**Zadanie 2.5;** Analiza zmienności, sposobu dziedziczenia wskaźników fizjologicznych u łubinu wąskolistnego i grochu siewnego oraz możliwości ich wykorzystania w ulepszaniu produktywności roślin.

Celem było zbadanie możliwości zwiększenia produktywności łubinu wąskolistnego i grochu poprzez ulepszenie wskaźników fizjologicznych. Prace zmierzały do analizy zmienności parametrów fluorescencji, zawartości chlorofilu oraz potencjału wodnego liści w kolekcji materiałów wyjściowych, określenia korelacji między wybranymi wskaźnikami fizjologicznymi, a plonem i jego komponentami.

Analizowano pomiary parametrów fluorescencji chlorofilu za pomocą fluorymetru HANDY PEA, zawartości chlorofilu za pomocą miernika zawartości chlorofilu SPAD-502 Plus oraz potencjału wodnego liści za pomocą higrometru liściowego PMS. Potwierdzono zmienność wszystkich wskaźników fizjologicznych. Ich wartości były najwyższe na początku kwitnienia i malały wraz z dojrzewaniem roślin. Korelacje między wybranymi wskaźnikami fizjologicznymi a plonem i jego komponentami były zróżnicowane. Potwierdziły istotną zależność plonu nasion od dwóch parametrów, określających przepływ elektronów w przeliczeniu na powierzchnię wzbudzonej fotosyntetyzującej próbki i aktywne centrum reakcji fotoukładu PSII ( $ET_0/CS$  i  $ET_0/RC$ ), szczególnie po zakończeniu kwitnienia.

Pomiar fluorescencji chlorofilu warto stosować nie jako główny parametr, na podstawie którego wnioskujemy o zmianach zachodzących w roślinie, ale jako parametr poszerzający spektrum uzyskanych wyników. W programach hodowlanych należałoby wziąć pod uwagę szczególnie wysokie wartości parametrów  $ET_0/CS$  i  $ET_0/RC$  po okresie kwitnienia. Wobec powyższego i w świetle globalnych zmian klimatycznych, badanie wszelkich czynników, które mają wpływ na wysokość i jakość plonowania oraz zastosowanie mobilnej aparatury polowej w pracach badawczych wydaje się uzasadnione.

**Zadanie 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.

Groch siewny ma zwiększone wymagania uprawowe, a warunki glebowo-klimatyczne w Polsce nie sprzyjają jego wysokiemu i wiernemu plonowaniu. W doświadczeniach wazonowo-polowych nad pastewnymi i jadalnymi formami grochu rozpoznano zakres zmienności genetycznej w fizjologicznych komponentach plonowania oraz ich znaczenie dla poziomu plonu i zdolności przystosowawczych roślin do suszy i niedoborów N i P w glebie. Notowane różnice w sprawności fotosyntetycznej, efektywności transpiracji, rozwoju systemu korzeniowego, efektywności procesu wiązania  $N_2$  atm. oraz efektywności wykorzystania energii promienistej i wodno-mineralnych zasobów glebowych miały istotne znaczenie dla zdolności przystosowawczych oraz poziomu, jakości i stabilności plonu. Obserwowana zmienność genotypowa była tylko częściowo zależna od typu użytkowego, architektury roślin/łanu i typu formowanych liści. Zidentyfikowano kilka donorów efektywności i tolerancji stresu, które powinny być wykorzystane w praktyce hodowlanej.

W badaniach molekularnych przeanalizowano dwa geny (PsCam58177 i PsCam51614), których ekspresja specyficznie koreluje z cechami fotosyntetycznymi i komponentami gospodarki wodnej w stresowych warunkach uprawy.

### **3. Rada Ministrów; Wieloletni Program Rządowy; Prowadzenie kolekcji zasobów genowych marginalnych roślin strączkowych gruboziarnistych.**

**Cel:** Prowadzenie kolekcji zasobów genowych marginalnych roślin strączkowych gruboziarnistych.

**Opis zrealizowanych prac:** Kontynuowano prace dotyczące waloryzacji cech morfo-botanicznych, użytkowych i analizy składu chemicznego nasion wraz z opracowaniem danych paszportowych dla wybranych obiektów reprezentujących zróżnicowane regiony geograficzne świata. Podstawowymi obiektami na poziomie opisu botanicznego, morfologicznego, użytkowego oraz analiz biochemicznych nasion były linie z rodzaju: *Lathyrus*, *Lens*, *Cicer* i *Vicia*.

**Efekt badawczy:** Opracowano strukturę oligosacharydów w rodzinie rafinoz u obiektów wyki siewnej (Legume Research 2020) oraz zidentyfikowano obiekty lędźwianu siewnego o najlepszych właściwościach antyoksydacyjnych (Journal of Food Bioactives 2020).

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

Projekt zostanie rozpoczęty w czasie późniejszym niż zaplanowany.

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

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

**Efekt praktyczny:** Otrzymanie czystej linii *L. digitatus* i przygotowanie materiału roślinnego do sekwencjonowania genomu oraz transkryptomu (sekwencjonowanie genomu we współpracy z Massimo Delledonne, Uniwersytet w Weronie, Włochy).

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

**Cel:** Poszerzenie wiedzy dotyczącej molekularnego podłoża biosyntezy i akumulacji alkaloidów u łubinu wąskolistnego.

**Opis zrealizowanych prac:** W ramach realizacji zadania zebrano materiał roślinny obejmujący wybrane organy roślinne dla: 1) obiektów reprezentujących najczęściej występujący typ regulacji zawartości alkaloidów (*Iucundus/iucundus*), 2) obiektów reprezentujących inny niż dotychczas poznany mechanizm regulacji niskiej zawartości tych związków w nasionach. Zebrane materiały wykorzystano do oznaczenia składu ilościowego i jakościowego alkaloidów oraz izolacji RNA (z zamiarem analizy ekspresji genów zaangażowanych w akumulację alkaloidów).

**7. MRiRW; Identyfikacja rejonów w genomie grochu warunkujących wybrane parametry sprawności fizjologicznej jako istotnego elementu odporności na stresy abiotyczne.**

Celem projektu było wytypowanie markerów ułatwiających selekcję materiałów pod względem wybranych, ilościowych cech użytkowych grochu. W projekcie zidentyfikowano QTL efektywności wykorzystania azotu u roślin dojrzałych, uwzględniono loci plonu i wylegania oraz loci efektywności wykorzystania fosforu i wody. Wykazano możliwość zwiększenia plonu u grochu poprzez selekcję linii o zwiększonym parametrze NAC i NHI. Przeanalizowano wyżej wymienione zależności w warunkach stresowych, zarówno w warunkach kontrolowanych, jak i polowych. Nie potwierdzono korelacji plonu z aktywnością bakterii korzeniowych. Potwierdzono korelację plonu z parametrem Nfix (wiążanie azotu).

Wskazano markery sprzężone z wyżej wymienionymi cechami: zawartość azotu w nasionach %Nzia, marker SSR AD21; %Nfix, marker SSR PsGAPA.

**8. MRiRW nr 41; Identyfikacja i sposób dziedziczenia genów warunkujących odporność na choroby grzybowe i niską zawartość alkaloidów w doskonaleniu wartości użytkowej łubinów, ze szczególnym uwzględnieniem łubinu żółtego.**

**Cel:** Testowanie w liniach łubinu wąskolistnego genów kandydackich odporności na fuzariozę u łubinu żółtego oraz lokalizacja homologów genów kandydackich w genomie łubinu wąskolistnego. Połączenie niskiej zawartości alkaloidów z odpornością na patogeny grzybowe (*Colletotrichum lupini* i *Fusarium* spp.).

**Opis zrealizowanych prac:** Analizowano profile ekspresji wybranych genów kandydackich w liniach łubinu wąskolistnego o zróżnicowanym poziomie odporności na fuzariozę. Z wykorzystaniem populacji mapującej/mapy genetycznej oraz sekwencji genomu

zlokalizowano 10 homologów genów zidentyfikowanych w latach poprzednich jako potencjalnie zaangażowane w odporność na *Fusarium* u łubinu żółtego. W materiałach hodowlanych łubinu żółtego i wąskolistnego przeprowadzono analizy zawartości alkaloidów w nasionach oraz testy fitopatologiczne dla wyłonienia cennych materiałów hodowlanych.

**Efekt praktyczny:**

1. W testach fitopatologicznych wyselekcjonowano nowe, lepsze od dotychczasowych wzorców, źródła odporności na antraknozę i fuzariozę u łubinów.
2. W odmianach łubinu wąskolistnego i żółtego wykazano możliwość obniżenia poziomu alkaloidów w nasionach do < 0,001 % s.m, tj. znacznie poniżej wymaganej, bezpiecznej zawartości 0,02 % s.m.
3. Wykazano brak wzrostu ekspresji genów biosyntezy alkaloidów po porażeniu grzybami z rodzaju *Fusarium* spp., co wskazuje, że odporność roślin na fuzariozę nie jest równoznaczna z podwyższeniem zawartości alkaloidów (ważny wniosek z punktu widzenia zastosowania nasion łubinu w żywieniu).

**9. MRiRW; Analiza zmienności genetycznej i piramidyzacja genów warunkujących cechy użytkowe łubinu białego**

**Cel:** Zidentyfikowanie i selekcja pożądanych cech łubinu białego w światowych zbiorach kolekcyjnych i mutacji indukowanych, określenie sposobu dziedziczenia, introdukcja cech do genotypów o wysokiej wartości użytkowej oraz wyprowadzanie populacji mapującej.

**Opis zrealizowanych prac:** Analizowano zmienność cechy zawartości alkaloidów i odporności na antraknozę u mieszańców w segregującym pokoleniu F<sub>6</sub> oraz wczesności dojrzewania i zawartości tłuszczu w nasionach roślin pokolenia F<sub>7</sub> wraz z wyprowadzaniem populacji mapującej łubinu białego. Kontynuowano prace w aspekcie krzyżowania zbliżającego dla dwóch par cech jak również nad sposobem dziedziczenia alkaloidów (krzyżowania dialleliczne w 10 kombinacjach krzyżówkowych).

**Efekt praktyczny:** Uzyskano mieszańce o obniżonej zawartości alkaloidów, zwiększonej tolerancji na antraknozę oraz poprawionej wczesności dojrzewania i zawartości tłuszczu o wysoce zbalansowanym profilu kwasów tłuszczowych, zwłaszcza w odniesieniu do wzajemnego stosunku zawartości kwasu omega 3 do omega 6.

**2. Lista publikacji Zespołu wydanych w 2020 r.**

Skalska A., Stritt Ch., Wyler M., Williams H.W., Vickers M., Han J., Tuna M., Tuna G.S., **Susek K.**, Swain M., Wóycicki R.K., Chaudhary S., Corke F., Doonan J.H., Roulin A.C., Hasterok R., Mur L.A.J. (2020) Genetic and methylome variation in Turkish *Brachypodium distachyon* accessions differentiate two geographically distinct subpopulations. International Journal of Molecular Sciences 21 (18): 6700. DOI: 10.3390/ijms21186700.

**IF 4,556, MNiSW=140**

Bielski W., Książkiewicz M., Šimoníková D., Hřibová E., **Susek K.**, Naganowska B. (2020) The puzzling fate of a lupin chromosome revealed by reciprocal oligo-FISH and BAC-FISH mapping. Genes 11 (12): 1489. DOI: 10.3390/genes11121489.

**IF 3,759 MNiSW=100**

**Gawłowska M.**, Knopkiewicz M., **Święcicki W.**, Boros L., Wawer A. (2020). Quantitative trait loci for stem strength properties and lodging in two pea bi-parental mapping populations (*Pisum sativum* L.). Crop Science, DOI: 10.1002/csc2.20395.

**IF=1,878 MNiSW=100**

**Święcicki W.**, Górny A., Barzyk P., **Gawłowska M.**, Kaczmarek Z. (2019) Genetic analysis of alkaloid accumulation in seeds of white lupin (*Lupinus albus* L.). Genetika-Belgrade 51, 961-973 (**nie wykazana** w sprawozdaniu 2019)

**IF= 0,403 MNiSW=20**

**Święcicki W.**, Szukała J., Rutkowski A., Jerzak M., Mikulski W., **Górnyczyk B.** (2020) The importance of grain legumes for a domestic protein security. Polish Journal of Agronomy 42: 46-50. DOI: 10.26114/pja.iung.418.2020.42.06

**MNiSW=20**

**Susek K.**, Naganowska B. (2020) Cytomolecular insight into *Lupinus* genomes. w „The Lupin Genome”, seria “Compendium of Plant Genomes”.

**MNiSW=20**

**Święcicki W.**, **Kroc M.**, Barzyk P., **Czepiel K.**, **Wilczura P.**, Bielecka P.(2020). Identyfikacja i sposób dziedziczenia genów warunkujących odporność na choroby grzybowe i niską zawartość alkaloidów w doskonaleniu wartości użytkowej łubinów, ze szczególnym uwzględnieniem łubinu żółtego. Biuletyn IHAR 289: 149–152.

**MNiSW=20**

**Święcicki W.**, **Kroc M.**, P. Barzyk, **Czepiel K.**, **Wilczura P.** (2019) Identyfikacja i sposób dziedziczenia genów warunkujących odporność na choroby grzybowe i niską zawartość alkaloidów w doskonaleniu wartości użytkowej łubinów, ze szczególnym uwzględnieniem łubinu żółtego. Biuletyn IHAR 286: 365-369, DOI: 10.37317/biul-2019-0081. (**nie sprawozdane w 2019 r.**)

**MNiSW=20**

**Święcicki W.**, **Gawłowska M.**, **Górny A.**, **Beczek K.**, Niewiadomska A., Boros L. (2020) Identyfikacja rejonów w genomie grochu, warunkujących wybrane parametry sprawności fizjologicznej, jako istotnego elementu odporności na stresy abiotyczne Biuletyn IHAR, 289: 135-136.

**MNiSW=20**

**Święcicki W.**, **Gawłowska M.**, **Górny A.**, Ratajczak D., Niewiadomska A., Boros L. (2019) Identyfikacja rejonów w genomie grochu, warunkujących wybrane parametry sprawności fizjologicznej, jako istotnego elementu odporności na stresy abiotyczne Biuletyn IHAR, 286: 335-337. <https://doi.org/10.37317/biul-2019-0075>

**MNiSW=20**

Majka M., **Gawłowska M.**, Twardawska A., Korbas M., Danielewicz J., Góral T., Ługowska B., Belter J., Witkowski E., Drzazga T., Matysik P., Woźniak-Pawlak U., Wiśniewska H. (2020) Wykorzystanie markerów molekularnych i fenotypowych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła powodowaną przez *Oculimacula yallundae* i *O. acufiformis*. Biuletyn IHAR nr 288: 3-14.

**MNiSW=20**

Wiśniewska H., Majka M., **Gawłowska M.**, Korbas M., Twardawska A., Belter, J (2020). Wykorzystanie markerów molekularnych i fenotypowych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła powodowaną przez *Oculimacula yallundae* i *Oculimacula aciformis*. Biuletyn IHAR Nr 291 (1): 25-27, E-ISSN: 2657–891, DOI: 10.37317/biul-2020-PB08.

**MNiSW=20**

**Rybiński W., Święcicki W., Barzyk P.** (2020) Analiza zmienności genetycznej i piramidyzacja genów warunkujących cechy użytkowe łubinu białego. Biuletyn IHAR, 289: 145-148.

**MNiSW=20**

*Poza listą MNiSW:*

Hufnagel B., Soriano A., Taylor J., Divol F., **Kroc M.**, Sanders H.; Yeheyis L., Nelson M., Péret B. Pangenome of white lupin provides insights into the diversity of the species. bioRxiv 2020, doi:10.1101/2020.06.21.163378.

**Rybiński W., Karamać M., Janiak M., Börner A., Płatosz N., Amarowicz R.** (2020) Antioxidant capacity of *Lathyrus sativus* seeds. Journal of Food Bioactives 11: 110–118. DOI: 10.31665/JFB.2020.11242

**Święcicki W.** (2020) Prof. J. Szukała (1941-2020) – wspomnienie o uczonym i przyjacielu. Wieści Akademickie. 34: 14-15.

**Święcicki W.** (2020) Contribution of Legumes to Sustainable Agriculture. Legume Perspectives 18: 14-15.

**Susek K., Abernathy B., Bielski W.K., Czyż K., Tomaszewska M., Ulaszewski W., Kroc M., Jackson S.A., Naganowska B.** (2020) When complexity becomes fascinating: comparative cytomolecular and transcriptomic analyses of *Lupinus*. Legume Perspectives 18:9.

**Kroc M., Czepiel K., P. Wilczura, Koczyk G., Święcicki W.** (2020). Alkaloid biosynthesis in lupins. Legume Perspectives 18:31.



### **Zespół Struktury i Funkcji Genów**

Kierownik Zespołu dr hab. Michał Książkiewicz

Skład Zespołu prof. dr hab. Bogdan Wolko (1/2 etatu)  
prof. dr hab. Barbara Naganowska  
dr Sandra Rychel-Bielska (1.01.-31.10.2020 (1/5 etatu)  
dr Wojciech Bielski (biolog)  
mgr inż. Piotr Plewiński (doktorant)  
mgr inż. Magdalena Tomaszewska (do 30.04.2020)  
dr hab. Karolina Susek (do 30.04.2020)

Liczba N 2,7

### **Współautorstwo publikacji**

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MNiSW	9
Poza listą	0
Monografie i rozdziały	2
Inne	1
Ogółem	12

### **Projekty wykonywane w Zespole**

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zespole	Udział w projektach innych Zespołów IGR PAN i zewnętrznych
UE		
Inny międzynarodowy		
Rządowy		
NCN/NCBiR/POIG	2	1
MRiRW	1	1
Inny		
Ogółem	3	2

### **Projekty kierowane w Zespole**

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu; środki finansowe ogółem	Kierownik; wykonawcy
1	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; 2015/17/D/NZ9/02112; 2016-	M. Książkiewicz; J. Kaczmarek, S. Rychel-Bielska, W. Irzykowski, E. Lewartowska, S. Ornatowski, R. Wawrzyniak, P. Plewiński, W. Bielski, H. Ćwiek-Kupczyńska

	03-03; 2020-03-02; 764 579 zł	
2	NCN PRELUDIUM 12; Zróżnicowane losy chromosomów łubinów; 2016/23/N/NZ2/01509; 2017- 07-03; 2020-01-05; 99 912 zł	W. Bielski;
3	MRiRW; Cecha wczesności kwitnienia u łubinu białego i łubinu żółtego - podstawy genetyczne i molekularne; HOR hn-801-8/14 zad. 39; 2014-01-01; 2020-12-31; 117 000 zł na rok 2020	M. Książkiewicz; B. Wolko, S. Rychel-Bielska, B. Naganowska, W. Bielski, M. Tomaszewska, P. Plewiński, W. Ułaszewski, K. Susek, A. Sawikowska, A. Szczepaniak

### 1. Opis prac badawczych Zespołu.

W 2020 r. prowadzono badania ukierunkowane na: (a) identyfikację genów zasocjowanych z terminem kwitnienia i dojrzewania oraz plonowaniem łubinu wąskolistnego, (b) poznanie molekularnych podstaw odporności łubinu wąskolistnego na antraknozę i brunatną plamistość łodyg, (c) określenie genów zaangażowanych w proces indukcji kwitnienia w odpowiedzi na fotoperiod i wernalizację u trzech uprawnych gatunków łubinów oraz (d) identyfikację układów allelicznych genów fotoneutralności i wczesności u soi.

#### **SEGENMAS, Program Badań Stosowanych NCBiR; Sekwencjonowanie nowej generacji i mapowanie asocjacyjne jako metody generowania markerów molekularnych cech użytkowych łubinu wąskolistnego; PBS3/A8/28/2015.**

Realizacja projektu została zakończona w dniu 31.08.2018, jednak zgodnie z wymaganiami tej ścieżki finansowania kontynuowano prace w kierunku praktycznego wykorzystania wyników projektu. W projekcie, metodą mapowania asocjacyjnego, zidentyfikowano w genomie łubinu wąskolistnego szereg loci polimorfizmu pojedynczego nukleotydu (SNP) związanych z terminem kwitnienia i dojrzewania, wysokością roślin oraz plonem nasion i masą tysiąca nasion. W 2020 roku wykonano adnotację funkcjonalną genów zawierających te loci. Wykazała ona, że są to przede wszystkim geny warunkujące indukcję kwitnienia w odpowiedzi na wernalizację i fotoperiod, geny kontrolujące reakcję na stresy środowiskowe (zwłaszcza suszę i wysoką temperaturę) oraz geny związane ze sprawnym działaniem aparatu fotosyntetycznego. Opracowano zestaw markerów umożliwiający selekcję pożądanych form w kolekcji nasiennej przy pomocy prostych technik laboratoryjnych (PCR, trawienie enzymami restrykcyjnymi, elektroforeza w żelu agarozowym). Zestaw zawiera po 3 markery do selekcji alleli zasocjowanych z wczesnością kwitnienia oraz krótkim terminem dojrzałości (liczonym jako okres od wysiania do zbioru nasion) oraz po 2 markery do selekcji alleli warunkujących większą wysokość roślin oraz podwyższony plon. Markery te poddano walidacji w puli 126 linii łubinu wąskolistnego, potwierdzając specyficzność amplifikacji i istotność asocjacji z badanymi cechami. Wyniki tych prac opublikowano w czasopiśmie *Plant, Cell & Environment*. Ponadto, uzyskane wyniki stanowiły przyczynek do złożenia wniosku grantowego na kolejną transzę Postępu biologicznego w produkcji roślinnej (lata 2021-2027) pt.: „Doskonalenie mapy genetycznej łubinu wąskolistnego i poszukiwanie markerów sprzężonych z cechami użytkowymi ze szczególnym uwzględnieniem zawartości białka i alkaloidów”, który uzyskał finansowanie.

**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*; 2015/17/D/NZ9/02112.**

W 2020 roku wykonano różnicową analizę ekspresji genów w odpowiedzi na inokulację łubinu wąskolistnego grzybami patogenicznymi *Colletotrichum lupini* i *Diaporthe toxica* (w osobnych doświadczeniach). Na podstawie uzyskanych wyników określono nadreprezentację terminów ontologii genów u roślin poddanych inokulacji (w porównaniu do roślin kontrolnych, nieinokulowanych) w zakresie procesów biologicznych, funkcji molekularnej i lokalizacji w komórce. Wykazano istotne statystycznie różnice w odpowiedzi odpornościowej pomiędzy liniami podatnymi i odpornymi, a także określono szlaki molekularne zaangażowane w generowanie odpowiedzi odpornościowej. Linie odporne wykazały silną reakcję na poziomie transkryptomu już w pierwszym terminie pomiarowym, czyli 24 godziny po inokulacji *Diaporthe toxica* i 6 godzin po inokulacji *Colletotrichum lupini*. Dla wybranych genów wykonano profilowanie ekspresji metodą ilościowego PCR w czasie rzeczywistym. Wyniki tych badań opublikowano w czasopiśmie *International Journal of Molecular Sciences*.

**NCN PRELUDIUM 12; Zróżnicowane losy chromosomów łubinów; 2016/23/N/NZ2/01509.**

W 2020 roku wykonano końcowe analizy cytogenetyczne z użyciem sond oligonukleotydowych zaprojektowanych na matrycy wybranych segmentów chromosomu Lang06 z genomu łubinu wąskolistnego. Badaniami objęto następujące gatunki łubinów: *Lupinus cryptanthus*, *L. cosentinii*, *L. micranthus* i *L. pilosus*. Na podstawie uzyskanych wyników opracowano schematy hipotetycznych rearanżacji chromosomowych, które mogły w toku ewolucji doprowadzić do ukształtowania obecnie obserwowanych kariotypów u badanych gatunków. Wyniki przeprowadzonych badań zostały włączone do rozprawy doktorskiej mgr Wojciecha Bielskiego pt. „Porównawcza charakterystyka zróżnicowania chromosomów wybranych gatunków łubinów Starego Świata”, której obrona zakończyła się nadaniem stopnia doktora w dniu 20 listopada 2020 r. Ponadto, wyniki tych prac opublikowano w czasopiśmie *Genes*.

**NCN PRELUDIUM 8; Wpływ wzajemnych powiązań szlaków fotoperiodycznego i wernalizacyjnego na regulację terminu kwitnienia u łubinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.); 2014/15/N/NZ9/03919.**

Realizacja projektu została zakończona w dniu 04.06.2018, jednak w 2020 r. prowadzono badania w celu przygotowania publikacji podsumowującej wyniki uzyskane w projekcie, a mianowicie kontynuowano profilowanie ekspresji genów u łubinu wąskolistnego metodą ilościowego PCR w czasie rzeczywistym. Analizami objęto trzy linie różniące się długością sekwencji w regionie promotorowym genu *Flowering Locus T*, a mianowicie linię P27255 (długość regionu promotorowego ~7937 pz), linię Palestyna (zawierającą delecję 1208 pz) i linię 83A:476 (zawierającą delecję 1423 pz). Analizę ekspresji wykonano dla roślin uprawianych w dwóch warunkach fotoperiodu (8 godzin i 16 godzin) oraz dwóch wariantów wernalizacyjnych (z wernalizacją i bez wernalizacji) dla kilku terminów obejmujących okres od fazy juwenilnej do rozpoczęcia kwitnienia. Wykazano istotne statystycznie różnice w poziomie ekspresji badanych genów ze szlaków indukcji kwitnienia, występujące zarówno pomiędzy liniami (wpływ genotypu), wariantami eksperymentu (wpływ fotoperiodu i wernalizacji) jak i porą dnia (wpływ zegara dobowego). Wyniki tych analiz opublikowano w czasopiśmie *Frontiers in Plant Science*.

**MRiRW; Cecha wczesności kwitnienia u łubinu białego i łubinu żółtego - podstawy genetyczne i molekularne; HOR hn-801-8/14 zad. 39.**

W 2020 roku wykonano ocenę terminu kwitnienia w liniach kolekcyjnych łubinu białego. Uzyskane wyniki były zbieżne z tymi, które uzyskano w latach poprzednich. Dla przykładu, korelacja pomiędzy terminem kwitnienia dla obserwacji z 2018 i 2020 wyniosła 0,84 ( $P < 0,05$ ), zaś dla obserwacji z lat 2015 i 2020 wyniosła 0,77 ( $P < 0,001$ ). Wyniki obserwacji terminu kwitnienia porównano z rozkładem polimorfizmu markerów genetycznych opracowanych dla genów indukcji kwitnienia oraz loci QTL w poprzednich latach realizacji projektu. Dla 12 markerów zlokalizowanych w obrębie 4 głównych loci QTL wykazano istotną statystycznie ( $P < 0,05$ ) korelację z terminem kwitnienia, przy czym dla 7 markerów wartość  $P$  była niższa niż 0,01.

W ramach prac nad cechą wczesności kwitnienia u łubinu żółtego opracowano zestaw markerów do genotypowania materiałów kolekcyjnych ukierunkowanego na identyfikację składu allelicznego w obrębie trzech głównych loci QTL wczesności kwitnienia. 14 markerów wykazało istotną statystycznie korelację rozkładu alleli z liczbą dni od wysiewu do kwitnienia (uśrednioną z 3 lat obserwacji szklarniowych) na poziomie  $P < 0,05$ , w tym 11 produktów wykazało korelację na poziomie  $P < 0,001$  (wartość  $P$  dla kilku najbardziej wartościowych markerów wyniosła  $1,98E-20$ ). Ponadto, wykonano sekwencjonowanie wybranych 5 genów związanych z procesem kwitnienia (cztery homologi genu *Flowering Locus T* i jeden homolog genu *Suppressor of Overexpression of Constans 1*) i przeprowadzono adnotację funkcjonalną uzyskanych sekwencji. Badaniami objęto linie rodzicielskie dwóch populacji mapujących łubinu żółtego. Zidentyfikowano kilka insercji/delecji w regionach promotorowych trzech genów FT oraz znaczną liczbę loci SNP. Wykonano adnotację funkcjonalną polimorficznych sekwencji, ukierunkowaną na identyfikację potencjalnych miejsc wiązania czynników transkrypcyjnych. Zidentyfikowano takie hipotetyczne czynniki dla szlaków indukcji kwitnienia w odpowiedzi na fotoperiod i wernalizację oraz dla szlaku zegara dobowego. Uzyskane wyniki stanowiły podstawę do sformułowania nowych hipotez badawczych i złożenia wniosku o finansowanie projektu w ramach konkursu OPUS-20 NCN (kierownik dr hab. Michał Książkiewicz). Krótkie streszczenie wyników opublikowano w Biuletynie Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin.

**MRiRW; Identyfikacja układów allelicznych genów fotoneutralności i wczesności oraz opracowanie metodyki otrzymywania roślin homozygotycznych u soi (kierownik projektu – prof. dr hab. J. Nawracała, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu).**

W 2020 roku wykonano genotypowanie kolekcyjnych genotypów soi (96 linii) przy użyciu 24 markerów do oceny składu allelicznego sześciu genów wczesności kwitnienia (*E1*, *E2*, *E3*, *E4*, *E7*, *E9* i *E10*) oraz 6 markerów do oceny genu zdeterminowania wzrostu (*Dt1*). W celu analizy powiązań pomiędzy polimorfizmem markerów molekularnych na geny wczesności a terminami faz fenologicznych soi (kwitnienia i dojrzewania), obliczono współczynnik korelacji punktowo-dwuseryjnej i wartość prawdopodobieństwa skojarzonego z rozkładem dwustronnym t-Studenta. Cztery geny – *E1*, *E2*, *E4* i *E7* miały istotnie statystyczne wartości współczynnika korelacji z badanymi cechami, przy czym polimorfizm genów *E1* i *E2* miał szczególnie istotny związek z ekspresją cechy wczesności kwitnienia, zaś genów *E1*, *E4* i *E2* – z ekspresją cechy wczesności dojrzewania.

**NCN SONATINA; Geny zaangażowane w odpowiedź na wernalizację i fotoperiod u łubinu białego (*Lupinus albus* L.); 2019/32/C/NZ9/00055 (kierownik projektu – dr S. Rychel-Bielska, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu).**

W 2020 r. założono doświadczenie szklarniowe, w którym wykonano ocenę terminu od wysiania nasion do zawiązania pąków, początku i końca kwitnienia oraz dojrzewania nasion dla ponad 500 linii kolekcyjnych łubinu białego. Pobrano także materiał roślinny z badanych linii i wykonano izolację DNA oraz ocenę stężenia i jakości uzyskanych izolatów metodą spektrofotometryczną.

### **3. Lista publikacji Zespołu wydanych w 2020 r.**

**Plewiński P., Ćwiek-Kupczyńska H., Rudy E., Bielski W., Rychel-Bielska S., Stawiński S., Barzyk P., Krajewski P., Naganowska B., Wolko B., Książkiewicz M.** (2020) Innovative transcriptome-based genotyping highlights environmentally responsive genes for phenology, growth and yield in a non-model grain legume. *Plant, Cell & Environment* 43 (11): 2680-2698. DOI: 10.1111/pce.13880.

**IF=6,362 MNiSW=140**

Czyż K.B., **Książkiewicz M.**, Koczyk G., **Szczepaniak A.**, Podkowiński J., **Naganowska B.** (2020) A tale of two families: whole genome and segmental duplications underlie glutamine synthetase and phosphoenolpyruvate carboxylase diversity in narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.). *International Journal of Molecular Sciences* 21 (7): 2580. DOI: 10.3390/ijms21072580.

**IF=4,556 MNiSW=140**

**Rychel-Bielska S., Plewiński P., Kozak B., Galek R., Książkiewicz M.** (2020) Photoperiod and vernalization control of flowering-related genes: a case study of the narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.). *Frontiers in Plant Science* 11: 572135. DOI: 10.3389/fpls.2020.572135. I

**IF=4,402 MNiSW=100**

**Bielski W., Książkiewicz M., Šimoníková D., Hřibová E., Susek K., Naganowska B.** (2020) The puzzling fate of a lupin chromosome revealed by reciprocal oligo-FISH and BAC-FISH mapping. *Genes* 11 (12): 1489. DOI: 10.3390/genes11121489.

**IF=3,759 MNiSW=100**

**Rychel-Bielska S., Nazzicari N., Plewiński P., Annicchiarico P., Książkiewicz M.** (2020) Development of PCR-based markers and whole-genome selection model for anthracnose resistance in white lupin (*Lupinus albus* L.). *Journal of Applied Genetics* 61 (4): 531-545. DOI: 10.1007/s13353-020-00585-1.

**IF=2,027 MNiSW=100**

**Książkiewicz M., Wójcik K., Irzykowski W., Bielski W., Rychel S., Kaczmarek J., Plewiński P., Rudy E., Jędrzycka M.** (2020) Validation of *Diaporthe toxica* resistance markers in European *Lupinus angustifolius* germplasm and identification of novel resistance donors for marker-assisted selection. *Journal of Applied Genetics* 61 (1): 1-12. DOI: 10.1007/s13353-019-00521-y.

**IF=2,027 MNiSW=100**

Alkemade J., Messmer M., Arncken C., Leska A., Annicchiarico P., Nazzicari N., **Książkiewicz M.**, Voegelé R.T., Finckh M., Hohmann P. (2020) A high-throughput phenotyping tool to identify field-relevant anthracnose resistance in white lupin. *Plant Disease*. DOI: 10.1094/PDIS-07-20-1531-RE.

**IF=3,809 MNiSW=70**

Susek K., **Naganowska B.** (2020) Cytomolecular insight into *Lupinus* genomes. W „The Lupin Genome”, 45-52, seria “Compendium of Plant Genomes”. DOI: 10.1007/978-3-030-21270-4\_4.

**MNiSW=20**

**Książkiewicz M.**, Yang H. (2020) Molecular marker resources supporting the Australian lupin breeding program. W „The Lupin Genome”, 73-86, seria “Compendium of Plant Genomes”. DOI: 10.1007/978-3-030-21270-4\_6.

**MNiSW=20**

Nawracała J., Kurasiak-Popowska D., Niemann J., Tomkowiak A., Weigt D., **Wolko B.**, **Książkiewicz M.**, **Rychel S.**, Katańska-Kaczmarek A. (2020) Identyfikacja układów allelicznych genów fotoneutralności i wczesności oraz opracowanie metodyki otrzymywania roślin homozygotycznych u soi. *Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin* 291 (1): 173–174. DOI: 10.37317/biul-2020-PB58.

**MNiSW=20**

**Książkiewicz M.**, **Plewiński P.**, **Rychel-Bielska S.**, Tomaszewska M., **Bielski W.**, **Wolko B.** (2020) Cecha wczesności kwitnienia u łubinu białego i łubinu żółtego – podstawy genetyczne i molekularne. *Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin* 291 (1): 179-181. DOI: 10.37317/biul-2020-PB60.

**MNiSW=20**

Susek K., Abernathy B., **Bielski W.K.**, Czyż K., Tomaszewska M., Ułaszewski W., Kroc M., Jackson S.A., **Naganowska B.** (2020) When complexity becomes fascinating: comparative cytomolecular and transcriptomic analyses of *Lupinus*. *Legume Perspectives* 18:9.

### **Zespół Genomiki Zbóż**

Kierownik Zespołu      prof. dr hab. Halina Wiśniewska

Skład Zespołu            dr Maciej Majka  
                                  mgr Adriana Twardawska  
                                  mgr Waldemar Ulaszewski (doktorant)  
                                  mgr inż. Jolanta Belter

Liczba N                    2

### **Współautorstwo publikacji**

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MNiSW	9
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	9

### **Projekty wykonywane w Zespole**

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zespole	Udział w projektach innych Zespołów IGR PAN i zewnętrznych
UE		
Inny międzynarodowy		
Rządowy		
NCN/NCBiR/POIG	1 + 1 (LIDER – kier. dr hab. M. Kwiatek, prof. UPP)	
MRiRW	2	1
Inny		
Ogółem	4	1

### **Projekty kierowane w Zespole**

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu; środki finansowe ogółem	Kierownik; wykonawcy
	NCBiR; LIDER; Wykorzystanie inżynierii chromosomowej w celu efektywnego transferu segmentów chromosomów nieuprawnych gatunków kozieńców ( <i>Aegilops</i> sp.) zawierających geny odpowiedzialne za odporność/tolerancję na choroby	M. Kwiatek (UP Poznań) W. Ulaszewski (IGR PAN), J. Belter (IGR PAN)

	wywoływane przez grzyby patogeniczne do pszenżyta uprawnego (x <i>Triticosecale</i> Wittmack); LIDER/0004/L-8/2016; 2018-02-01; 2021-01-31; 905 000 zł	
	MRiRW; Wykorzystanie markerów molekularnych i fenotypowych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła powodowaną przez <i>Oculimacula yallundae</i> i <i>O. aciformis</i> ; Znak sprawy: KS.zb.802.2.2020), zad. 2; 108 000 zł na rok 2020	H. Wiśniewska; A. Twardawska (IGR PAN), M. Gawłowska (IGR PAN), J. Belter (IGR PAN), M. Korbas (IOR – PIB Poznań), T. Góral (IHAR – PIB Radzików)
	MRiRW; Badanie typów odporności pszenżyta ozimego na fuzariozę kłosów za pomocą markerów fenotypowych i metabolicznych; Znak sprawy: KS.zb.802.2.2020), zad. 14; 166 500 zł na rok 2020	H. Wiśniewska; A. Twardawska (IGR PAN), J. Belter (IGR PAN), T. Góral (IHAR – PIB Radzików), P. Ochodzki (IHAR – PIB Radzików), D. Walentyn-Góral (IHAR – PIB Radzików)
	NCN, ETIUDA; Analiza cytomolekularna i fenotypowa oraz ocena odporności na grzyby patogeniczne form pszenżyta ozimego (x <i>Triticosecale</i> Wittm.) z introgresją chromatyny <i>Aegilops tauschii</i> Coss., nr: 2018/28/T/NZ9/00073, Podtyp: Etiuda 6, 01 luty 2019 – 31 stycznia 2020 r. ; 100 252 zł	M. Majka Opiekun naukowy: H. Wiśniewska

## 1. Opis prac badawczych Zespołu:

### Streszczenie

W badaniach prowadzonych w projektach uzyskano formy pszenicy i pszenżyta posiadające gen/ geny warunkujące odporność na patogeny z rodzaju *Oculimacula* (*Pch1* i *Pch2*) oraz *Fusarium* (*Fhb1*). Dokonano piramidyzacji genów odporności w genomie pszenżyta. Otrzymano 6 typów zrekombinowanych form pszenżyta posiadających unikalne zestawy genów odporności. Prowadzono również badania dot. meiotycznych rekombinacji w obrębie locus *QPm.tut-4A*, przeniesionego z *T. militinae* do pszenicy odmiany Tähti.

### Pełen opis prac badawczych

**MRiRW PB nr 2: Wykorzystanie markerów molekularnych i fenotypowych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła powodowaną przez *Oculimacula yallundae* i *Oculimacula aciformis***



**Celem projektu** była identyfikacja genu *Pch1* (warunkującego podwyższoną odporność pszenicy na patogeny z rodzaju *Oculimacula*). Badania molekularne i izoenzymatyczne obejmowały 174 genotypy pszenicy ozimej o zróżnicowanym podłożu genetycznym, wysokoplonujące odm. pszenicy i odm. Rendezvous (kontrola pozytywna). W badaniach wykorzystano 5 markerów:

- trzy dla genu *Pch1* warunkującego odporność rośliny w stadium dojrzwania (marker izoenzymatyczny - *EpD1b* i dwa markery SSR: *Xust2001* i *Xorw1*)
- dwa związane z locus genu *Pch2*: *Xwmc525* i *Xcfa2040*.

U trzech linii pszenicy (SMH 39, KBP 18 61, KBP 18 33) zidentyfikowano geny odporności *Pch1* i *Pch2*, wszystkimi markerami wykorzystywanymi w projekcie. U 11 genotypów zidentyfikowano gen *Pch1* z użyciem markera izoenzymatycznego oraz *Xorw1*, który wykazuje całkowite sprzężenie z genem *Pch1*. Brak potwierdzenia obecności genu *Pch1* przy pomocy markera *Xust2001* wynika najprawdopodobniej z przełamania sprzężenia między locus markera, a locus genu *Pch1* na jednym lub dwóch chromosomach homologicznych 7D ze względu na dużą odległość locus markera od locus analizowanego genu (4,1 cM). U czterech linii pszenicy ozimej zidentyfikowano tylko gen *Pch1*, a u 69 linii tylko gen *Pch2*. U 90 linii pszenicy nie zidentyfikowano żadnego z dwóch analizowanych genów.

Prowadzono weryfikację obecności genów *Pch1* i *Pch2* w testach inokulacyjnych siewkowych w warunkach fitotronowych i polowych. Stwierdzono najmniejsze porażenie siewek u genotypów z genem *Pch1* oraz *Pch1* i *Pch2*, a najwyższe dla genotypów, u których nie stwierdzono obu genów. Wyniki testu inokulacyjnego polowego wskazują, że genotypy pszenicy posiadające gen *Pch1* oraz *Pch1* i *Pch2* cechują się dużo niższą wartością wskaźnika porażenia źdźbła oraz procentowego udziału źdźbeł porażonych względem genotypów, u których nie stwierdzono genów *Pch1* i *Pch2*. Wykazano, że obecność genów *Pch1* i *Pch2* lub ich brak nie wpływała istotnie na plon ziarna (z poletka) oraz masę tysiąca ziarniaków.

W wyniku przekrzyżowań wewnątrzgatunkowych pszenicy wytypowano w 2020 r. z użyciem identyfikacji molekularnej 5 form pszenicy ozimej ze spiramidyzowanymi genami *Pch1* i *Pch2*, podwyższającymi odporność na patogeny z rodzaju *Oculimacula*.

#### **MRiRW PB nr 14: Badanie typów odporności pszenżyta ozimego na fuzariozę kłosów za pomocą markerów fenotypowych i metabolicznych**

**Celem prac** było wyselekcjonowanie z puli genotypów pszenżyta ozimego o zróżnicowanym podłożu genetycznym form o podwyższonej odporności na *Fusarium* oraz poszerzenie zmienności genetycznej pszenżyta poprzez przeniesienie genów odporności na *Fusarium culmorum*, *Puccinia triticina* i *P. striiformis* do genotypów o dobrej wartości technologicznej.

Odporność typu I (na infekcję pierwotną), typu II (na rozprzestrzenianie się patogena w kłosie), typu III (na uszkodzenie ziarniaków), typu IV (tolerancja, czyli odporność na obniżkę plonu) i typu V (na kumulację i degradację toksyn fuzaryjnych) badano w testach inokulacyjnych na poletkach doświadczalnych w dwóch lokalizacjach u linii pszenżyta z introgresją chromatyny *Triticum monococcum* i substytucjami genomu D pszenicy oraz u pszenżyta ozimego o stwierdzonej podwyższonej odporności w poprzednich latach realizacji projektu. Średnie porażenie analizowanych kłosów wynosiło 21,3%, a uszkodzenie ziarniaków wynosiło średnio dla dwóch lokalizacji 18,71%. Zawartość mykotoksyn fuzaryjnych w ziarnie, w obu lokalizacjach wynosiła odpowiednio: deoksyniwalenol - 7,186 mg/kg, niwalenol – 5,419 mg/kg, zearalenon - 423 µg/kg. Analiza wieloczynnikowa składowych głównych uwzględniająca odporność na fuzariozę kłosów

mierzoną indeksem fuzariozy kłosów, stopniem uszkodzenia ziarniaków, zawartością ergosterolu oraz toksyn fuzaryjnych w ziarnie pozwoliła na zidentyfikowanie genotypów łączących odporności różnych typów: DS. 9, MAH 33097-1, MAH 34359-1, BOH 16L0413, MAH 34752-18/2, MAHD 35827-18/1, DS 2786/16, MAH 34752-19/1, MAH\_35108-19/1, DL 848/16 wybrane z doświadczenia wstępnego 2019/2020. W ramach poszerzenia zmienności genetycznej pszenżyta zidentyfikowano molekularnie w formach mieszańcowych BC<sub>4</sub> i BC<sub>5</sub> obecność genu *Fhb1* (odpowiedzialnego za podwyższenie odporności na fuzariozę kłosa). Uzyskano 10 form BC<sub>4</sub> i 47 form BC<sub>5</sub> z genem *Fhb1*. Prowadzono krzyżowania mające na celu piramidyzację w pszenżycie genu *Fhb1* i genów odporności na *Puccinia triticina* (*Lr54*, *Lr 59*, *Lr 22a*, *Lr39*) oraz *P. striiformis* (*Yr37*) otrzymane we wcześniejszych badaniach w naszym Zespole. Uzyskane formy będą badane w kolejnym roku badań.

Analizowane w 2020 r. genotypy pszenżyta wykazały wyższą odporność od genotypów badanych w latach poprzednich. Może to wskazywać na to, że poprzez eliminację najbardziej podatnych genotypów na przestrzeni 7 lat badań w odporności pszenżyta nastąpił postęp hodowlany. Wyselekcjonowano 10 genotypów pszenżyta o podwyższonej odporności na *Fusarium*.

**LIDER, NCBIr: Wykorzystanie inżynierii chromosomowej w celu efektywnego transferu segmentów chromosomów nieuprawnych gatunków kozińców (*Aegilops* sp.) zawierających geny odpowiedzialne za odporność/ tolerancję na choroby wywoływane przez grzyby patogeniczne do pszenżyta uprawnego (*× Triticosecale* Wittmack)**

**Cel badań:** w końcowym etapie projektu pracowano nad piramidyzacją przeniesionych w wyniku krzyżowania oddalonego genów odporności na rdzę brunatną i żółtą w genomie pszenżyta heksaploidalnego.

Uzyskane rekombinanty drugorzędowe z kombinacji krzyżówkowych (posiadające osobno geny *Lr22a+Lr39*, *Lr54+Yr37*, oraz *Lr59*) poddane zostały wzajemnym krzyżowaniom. W wyniku krzyżowań 41 rekombinantów posiadających gen *Lr54+Yr37* wykorzystując pyłek roślin z genem *Lr59* uzyskano 829 ziarniaków. Z 34 roślin posiadających gen *Lr54+Yr37*, które zapyłono pyłkiem roślin z genem *Lr39*, otrzymano 749 ziarniaków. Analogiczne krzyżowania obustronne przeprowadzono dla roślin posiadających gen *Lr59*. Z 58 roślin kombinacji *Lr59xLr22a+Lr39* uzyskano 719 ziarniaków, natomiast kombinacja *Lr59xLr54+Yr37* (32 rośliny) zawiązała 428 ziarniaków. Podobny schemat krzyżowań dotyczył roślin translokacyjnych posiadających gen *Lr39*. 12 roślin (*Lr39*) zostało zapyłone pyłkiem rekombinantów z genami *Lr54+Yr37*, a kolejne 34 rośliny (*Lr39*) skrzyżowano z kombinacją posiadającą gen *Lr59*. Z obu kombinacji uzyskano odpowiednio 161 i 429 roślin. Następnie 100 roślin, o zweryfikowanej obecności obu genów za pomocą markerów molekularnych z każdego z sześciu typów krzyżowań poddano testom inokulacyjnym. Badania przeprowadzono w CUR IGR PAN. Wybrane rośliny posiadające skumulowane geny odporności poddano także analizom cytogenetycznym w celu wizualizacji obcej chromatyny za pomocą genomowej hybrydyzacji *in situ*. W badanych roślinach stwierdzono redukcję wielkości wprowadzonych segmentów obcych chromosomów w porównaniu do translokacji chromosomowych obejmujących całe ramię obcego chromosomu u rekombinantów pierwotnych.

Scharakteryzowano stopień porażenia form introgresywnych charakteryzujących się różnymi kombinacjami badanych genów odporności. Najlepszą odpornością charakteryzowały się kombinacje posiadające geny *Lr54+Yr37* i *Lr22a+Lr39* (średnio 8,13

w 9-cio stopniowej skali). Najwyższym stopniem porażenia charakteryzowały się rośliny *Lr59+Lr22a+Lr39* (5,83 w 9-cio stopniowej skali).

**Celem prac** prowadzonych przez dr. M. Majkę podczas stażu w Centre of Plant Structural and Functional Genomics, Institute of Experimental Botany AS CR (Olomouc, Czechy) było zaprojektowanie markerów w obrębie locus warunkującego odporność na *B. graminis* – *QPm.tut-4A*, identyfikacja miejsc, w których doszło do rekombinacji, porównanie tych miejsc pomiędzy dwiema populacjami mapującymi pszenicy odm. Chinese Spring i linii 8.1 (Ph1+ i ph1-) oraz znalezienie wspólnych motywów DNA, w których dochodzi do rekombinacji w mejozie.

Identyfikację miejsc rekombinacji przeprowadzono z wykorzystaniem istniejących już markerów molekularnych oraz nowo zaprojektowanych starterów w oparciu o referencyjną sekwencję genomu pszenicy odm. Chinese Spring oraz sekwencję specyficzną dla długiego ramienia chromosomu 4A z introgresją *T. militinae*. W badaniach wykorzystano markery molekularne typu Indel (polimorfizm długości amplifikowanego fragmentu DNA), typu presence/absence (polimorfizm wynikający z obecności lub braku całej określonej sekwencji pomiędzy formami rodzicielskimi) oraz CAPS (polimorfizm wynikający z obecności lub braku określonego miejsca restrykcyjnego). Przeprowadzono genotypowanie 195 linii pszenicy (populacje Ph1+ oraz ph1-) z wykorzystaniem metody PCR oraz elektorforezy w żelu poliakrylamidowym. Użyte markery molekularne pozwoliły na stworzenie mapy genetycznej o wysokiej rozdzielczości oraz identyfikację miejsc rekombinacji. W identyfikacji wspólnych motywów sekwencji wykorzystano trzy narzędzia bioinformatyczne: BMM, diChipMunk i Softberry-Pattern. Zidentyfikowano 7 regionów, w których doszło do pojedynczego zdarzenia rekombinacyjnego, zidentyfikowano jeden locus o wielkości 1,7 kbp, gdzie zdarzenia rekombinacyjne zachodziły najczęściej (tzw. hotspot) oraz wyłoniono konserwatywne motywy DNA, które mogą być związane z procesami mejotycznej rekombinacji u pszenicy. Analizowano region o wielkości 1,7 kbp, dla którego zaobserwowano największą liczbę zdarzeń rekombinacyjnych w obydwu populacjach mapujących *T. aestivum* (Ph1+ i ph1-), sekwencjonowano badany region u rekombinantów, analizowano wzór metylacji badanego regionu oraz sortowanie jąder komórkowych pochodzących z ziaren pyłku w celu analizy częstości rekombinacji z wykorzystaniem ddPCR oraz sond TaqMan.

Zidentyfikowano i scharakteryzowano locus o wielkości 1,7 kbp, gdzie zdarzenia rekombinacyjne zachodziły najczęściej. Określono wzór metylacji dla tego regionu oraz wyłoniono konserwatywne motywy DNA, które mogą być związane z procesami mejotycznej rekombinacji u pszenicy.

## 2. Lista publikacji Zespołu wydanych w 2020 r.

Kwiatk M.T., Ulaszewski W., Belter J., Phillips D., Skowrońska R., Noweiska A., Wiśniewska H. (2020) Development and cytomechanical identification of monosomic alien addition and substitution lines of *Triticale* ( $\times$ *Triticosecale* Wittmack) with 2S<sup>k</sup> chromosome conferring leaf rust resistance derived from *Aegilops kotschy* Boiss. *Frontiers in Plant Science* 11: 509481. DOI: 10.3389/fpls.2020.509481.

**IF=4,402 MNiSW=100**

Skowrońska R., Mariańska M., **Ułaszewski W.**, Tomkowiak A., Nawracała J., Kwiatek M. T. (2020) Development of *Triticale* × wheat prebreeding germplasm with loci for slow-rusting resistance. *Frontiers in Plant Science* 11: 447. DOI: 10.3389/fpls.2020.00447.

**IF=4,300 MNiSW=100**

**Ułaszewski W.**, Kwiatek M.T. (2020) *Aegilops* Species for the Improvement of the Leaf and Stripe Rust Resistance in Cultivated Triticale (×*Triticosecale* Wittmack). *Agronomy* 10(12): 1991. DOI: 10.3390/Agronomy10121991.

**IF=2,259 MNiSW=100**

Sosnowska K., **Majka M.**, Majka J., Bocianowski J., Kasprowicz M., Książczyk T., Szała L., Cegielska-Taras T. (2020) Chromosome instabilities in resynthesized *Brassica napus* revealed by FISH. *Journal of Applied Genetics* 61: 323–335. DOI: 10.1007/s13353-020-00557-5.

**IF=2,027 MNiSW=100**

Majka J., **Majka M.**, Kopecký D., Doležel J. (2020) Cytogenetic insights into *Festulolium*. *Biologia Plantarum* 64: 598-603. DOI: 10.32615/bp.2020.095.

**IF=1,601 MNiSW=70**

**Majka M.**, Gawłowska M., **Twardawska A.**, Korbas M., Danielewicz J., Góral T., Ługowska B., **Belter J.**, Witkowski E., Drzazga T., Matysik P., Woźniak-Pawlak U., **Wiśniewska**\* H. (2020) Wykorzystanie markerów molekularnych i fenotypowych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła powodowaną przez *Oculimacula yallundae* i *O. acuformis*. *Biuletyn Hodowli i Aklimatyzacji Roślin* nr 288/2020: 3-14.

**MNiSW=20**

**Wiśniewska H.**, **Majka M.**, Gawłowska M., Korbas M., **Twardawska A.**, **Belter, J** (2020). Wykorzystanie markerów molekularnych i fenotypowych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła powodowaną przez *Oculimacula yallundae* i *Oculimacula acuformis*, *Biuletyn IHAR* Nr 291 (1) / 2020: 25-27, E-ISSN: 2657–891, DOI: 10.37317/biul-2020-PB08. *Biuletyn IHAR*.

**MNiSW=20**

**Wiśniewska H.**, **Twardawska A.** Góral T., Ochodzki P., **Majka M.**, Walentyn-Góra D.I., **Belter J.** (2020). Badanie typów odporności na fuzariozę kłosów u pszenżyta ozimego za pomocą markerów fenotypowych i metabolicznych, *Biuletyn IHAR* Nr 291 (1) / 2020: 45-47, E-ISSN: 2657–891, DOI: 10.37317/biul-2020-PB15. *Biuletyn IHAR*.

**MNiSW=20**

Góral T., **Wiśniewska H.**, Czembor P. Ochodzki P., Radecka-Janusik M., **Majka M.**, Przetakiewicz J. (2020). Poszukiwanie oraz wykorzystanie markerów fenotypowych, metabolicznych i molekularnych do badania typów odporności na fuzariozę kłosów u form pszenicy o zróżnicowanej podatności, *Biuletyn IHAR* Nr 291 (1) / 2020: 7-9, E-ISSN: 2657–891, DOI: 10.37317/biul-2020-PB03. *Biuletyn IHAR*.

**MNiSW=20**

## ZAKŁAD ZINTEGROWANEJ BIOLOGII ROŚLIN

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

### *Poprawa jakości roślin poprzez modyfikację molekularnych oraz komórkowych mechanizmów regulatorowych*

#### **Zespół Zintegrowanej Biologii Roślin**

Kierownik Zespołu dr hab. Robert Malinowski, prof. IGR PAN

Skład Zespołu dr Karolina Stefanowicz  
dr William Truman  
dr Sara Blicharz  
mgr Soham Mukhopadhyay (doktorant)  
mgr Juan Camilo Ochoa Cabezas (doktorant)

Liczba N 4

#### **Współautorstwo publikacji**

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MNiSW	2
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	2

#### **Projekty wykonywane w Zespole**

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zespole	Udział w projektach innych Zespołów IGR PAN i zewnętrznych
UE		
Inny międzynarodowy		
Rządowy		
NCN/NCBiR/POIG	4	
MRiRW		
Inny		
Ogółem	4	

#### **Projekty kierowane w Zespole**

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu; środki finansowe ogółem	Kierownik; wykonawcy
1	NCN; OPUS 10; Zrozumienie roli zależnych od chityny odpowiedzi obronnych	W. Truman; S. Mukhopadhyay, J. Camilo Ochoa Cabezas

	roślin podczas infekcji <i>Plasmodiophora brassicae</i> ; 2015/19/B/NZ3/01489; 2016-06-20; 2021-06-19; 895 460 zł	
2	NCN; OPUS 11; Rola transportu floemowego w adaptacji grochu do warunków niedoboru wody; 2016/21/B/NZ9/02020; 2017-01-12; 2021-01-11; 668 812 zł.	R. Malinowski; S. Blicharz, K. Stefanowicz
3	NCN; OPUS 17; Waskularna koordynacja długodystansowa u roślin porażonych przez <i>Plasmodiophora brassicae</i> ; 2019/33/B/NZ9/00751; 2020-02-05; 2023-02-04; 1 978 760 zł	R. Malinowski; Nabór wykonawców w toku
4	NCN; PRELUDIUM 17; Zastosowanie techniki edycji genomu CRISPR/Cas9 w celu charakterystyki genów odporności na kiłę kapusty u <i>Arabidopsis thaliana</i> ; 2019/33/N/NZ9/01048; 2020-03-16; 2022-03-15; 117 600 zł	J. Camilo Ochoa Cabezas

## 1. Opis prac badawczych Zespołu:

### Streszczenie

W roku 2020 kontynuowano prace dotyczące roli tkanki waskularnej w odpowiedzi roślin grochu na suszę oraz w rozwoju choroby – kiły kapusty. Prowadzono również prace dotyczące charakterystyki reakcji odporności roślin *Arabidopsis thaliana* na *P. brassicae*.

### Pelen opis badań:

**NCN OPUS 10:** Zrozumienie roli zależnych od chityny odpowiedzi obronnych roślin podczas infekcji *Plasmodiophora brassicae*; 2015/19/B/NZ3/01489; 2016-06-20; 2021-06-19

Cel badań: Identyfikacja genów odporności na *P. brassicae* u *Arabidopsis thaliana* oraz zrozumienie mechanizmów obronnych uruchamianych przez roślinę w trakcie infekcji.

Syntetyczny opis realizowanych prac:

Po przeprowadzeniu analizy GWAS wytypowano genotypy *Arabidopsis thaliana* wykazujące odporność oraz na podstawie porównania sekwencji genomów wybrano loci potencjalnie związane ze zwiększoną odpornością. Prowadzone są dalsze prace, mające na

celu funkcjonalną charakterystykę wytypowanych genów odporności. Badano również udział efektorów patogenu w deacetylacji chityny pozwalającej na maskowanie i uniknięcie potencjalnej reakcji obronnej rośliny. Podczas prac stwierdzono również, że jeden z genotypów charakteryzował się wysokim poziomem przeżywalności pomimo akumulacji dużej ilości patogenu. Dalsze analizy wykazały, że może mieć to związek ze zdolnością do zahamowania indukowanej w trakcie infekcji inhibicji rozwoju ksylemu. Aktualnie prowadzimy dalsze badania we współpracy z Prof. Huanzhong Wang z University of Connecticut, US.

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

Cel badań: Zrozumienie przemian zachodzących we floemie w odpowiedzi na stres suszy – zarówno chemicznych, molekularnych jak też anatomicznej adaptacji tkanki

Syntetyczny opis realizowanych prac:

W roku 2020 opracowano dane metabolomiczne oraz dane dotyczące mechanizmów adaptacyjnych i fizjologicznych, jak również przygotowano publikację. Aktualnie praca ta jest na drugim etapie recenzji ponieważ istniała potrzeba wykonania eksperymentów, w których śledzono przemiany węgla w roślinie z wykorzystaniem stabilnego izotopu  $^{13}\text{CO}_2$  oraz badano wpływ wzrostu lepkości soku floemowego na prędkość wypływu poszczególnych metabolitów.

Przeprowadzono również badania dotyczące zmiany transkrypcji w organach donorowych i akceptorowych oraz częściowo (przerwane z powodu pandemii; współpraca z dr Ljudmillą Borysjuk z Instytutu Leibniza IPK, Gatersleben) charakterystykę FTIR zawartości cukrów w wiązce floemu w nasionach rozwijających się w warunkach niedoboru wody.

**NCN OPUS 17:** Waskularna koordynacja długodystansowa u roślin porażonych przez *Plasmiodiophora brassicae*; 2019/33/B/NZ9/00751; 2020-02-05; 2023-02-04;

Cel badań: Identyfikacja substancji pośredniczących i koordynujących w sposób długodystansowy odpowiedzi rośliny na infekcję *P. brassicae*.

Syntetyczny opis realizowanych prac:

Zbadano indukcję lokalnej ekspresji genów odpowiedzialnych za różnicowanie floemu i zidentyfikowano gen potencjalnie zaangażowany w sprzężanie odpowiedzi długodystansowych z lokalną modyfikacją wzorca różnicowania floemu.

Opisano zaangażowanie długodystansowego transportu i modyfikacji poliamin w koordynację reakcji odpornościowych (współpraca z Prof. Yka Hellariutta z Sinsbury Laboratory, University of Cambridge oraz dr Nuria de Diego Sanches i dr Lukaszem Spichalem z Department of Chemical Biology and Genetics, Palacky University, Faculty of Science, Centre of the Region Hana for Biotechnological and Agricultural Research, Olomouc, Czech Republic; praca w przygotowaniu)

**NCN PRELUDIUM 17:** Zastosowanie techniki edycji genomu CRISPR/Cas9 w celu charakterystyki genów odporności na kiłę kapusty u *Arabidopsis thaliana*; 2019/33/N/NZ9/01048; 2020-03-16; 2022-03-15

Cel badań: Charakterystyka funkcjonalna genów odporności na kiłę kapusty

Z wykorzystaniem technologii CRISPR/Cas9 stworzono linie knock-out dla dwóch wytypowanych genów odporności na kiłę kapusty w wytypowanych w ramach opisanego powyżej projektu OPUS 10, kierowanego przez dr Williama Trumana, odpornych genotypach *Arabidopsis thaliana*. Aktualnie prowadzone są analizy odpornościowe.

W zakładzie prowadzono również prace mające na celu określenie zmian rozwojowych w mieszańcach traw (współpraca z prof. dr hab. Arkadiuszem Kosmałą IGR PAN) a także

zaburzeń rozwoju merystemu wierzchołkowego u roślin *Arabidopsis thaliana* charakteryzujących się nieprawidłowym procesem składania transkryptów (współpraca z prof. dr hab. Zofią Szweykowską-Kulińską, Wdział Biologii UAM). Prowadzono również analizy zaburzeń komórkowych rogówki z wykorzystaniem laserowej mikroskopii dysekcyjnej (współpraca z prof. dr hab. Marzeną Gajęcką, IGCZ PAN).

## 2. Lista publikacji Zespołu wydanych w 2020 r.

Lechowicz K., Pawłowicz I., Perlikowski D., Arasimowicz-Jelonek M., **Blicharz S.**, Skiryecz A., Augustyniak A., **Malinowski R.**, Rapacz M., Kosmala A. (2020). Adjustment of photosynthetic and antioxidant activities to water deficit is crucial in the drought tolerance of *Lolium multiflorum*/*Festuca arundinacea* introgression forms. *International Journal of Molecular Sciences* 21(16): 5639. DOI: 10.3390/ijms21165639  
**IF=4,556 MNiSW=140**

Parry G., Provart N.J., Brady S.M., Uzilday B., Adams K., Araújo W., Aubourg S., Baginsky S., Bakker E., Bärenfaller K., Batley J., Beale M., Beilstein M., Belkadir Y., Mendel G., Berardini T., Bergelson J., Blanco-Herrera F., Brady S., Braun H.-P., Briggs S., Brownfield L., Cardarelli M., Castellanos-Urbe M., Coruzz, G., Dassanayake M., De Jaeger G., Dilkes B., Doherty C., Ecker J., Edger P., Edwards D., El Kasmi F., Eriksson M., Exposito-Alonso M., Falter-Braun P., Fernie A., Ferro M., Fiehn O., Friesner J., Greenham K., Guo Y., Hamann T., Hancock A., Hauser M.-T., Heazlewood J., Ho C.-H., Hõrak H., Huala E., Hwang I., Iuchi S., Jaiswal P., Jakobson, L., Jiang, Y., Jiao, Y., Jones, A., Kadota, Y., Khurana, J., Kliebenstein D., Knee E., Kobayashi M., Koch M., Krouk G., Larson T., Last R., Lepiniec L., Li S., Lurin C., Lysak M., Maere S., **Malinowski R.**, Maumus F., May S., Mayer K., Mendoza-Cozatl D., Mendoza-Poudereux I., Luis Micol J., Millar H., Mock H.-P., Mukhtar K., Mukhtar S., Murcha M., Nakagami H., Nakamura Y., Nicolov L., Nikolau B., Nowack M., Nunes-Nesi A., Palmgren M., Parry G., Patron N., Peck S., Pedmale U., Perrot-Rechenmann C., Pieruschka R., Pío-Beltrán J., Pires J.C., Provart N., Rajjou L., Reiser L., Rhee S., Rigas S., Rolland N., Romanowski A., Savaldi-Goldstein S., Schmitz R., Schulze W., Seki M., Shimizu K.K., Slotkin K., Small I., Somers D., Sozzani R., Spillane C., Srinivasan R., Taylor N., Tello-Ruiz M.-K., Thelen J., Tohge T., Town C., Toyoda T., Uzilday B., Walley J., Ware D., Weckwerth W., Whitelegge J., Wienkoop S., Wright C., Wrzaczek M., Yamazaki M., Yanovsky M., Žárský V., Zhong X., Van De Peer Y., Van Wijk K., Von Gillhaussen P. (2020) Current status of the multinational *Arabidopsis* community. *Plant Direct* 4 (7): e00248. DOI: 10.1002/pld3.248  
**IF=1,725 MNiSW=20**



### **Zespół Nanobiotechnologii i Biosyntezy Metabolitów Wtórnych**

Kierownik Zespołu      dr hab. F. Gregory, prof. IGR PAN

Skład Zespołu            dr R.K. Selvakesavan  
                                 dr V. Lokesh (od 17.09.2020)  
                                 Dariusz Kruszka (doktorant)  
                                 Pradeep Matam (doktorant)

Liczba N                    3

#### **Współautorstwo publikacji**

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MNiSW	4
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	4

#### **Projekty wykonywane w Zespole**

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zespole	Udział w projektach innych Zespołów IGR PAN i zewnętrznych
UE	1	
Inny międzynarodowy		
Rządowy		
NCN/NCBiR/POIG	3	
MRiRW		
Inny		
Ogółem	4	

#### **Projekty kierowane w Zespole**

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu; środki finansowe ogółem	Kierownik; wykonawcy
1	NCN; OPUS 11; HyperNano: Badanie zmian metabolizmu wtórnego u <i>Hypericum perforatum</i> pod wpływem nanocząsteczek poprzez zastosowanie zintegrowanego podejścia i technologii "omics"; 2016/21/B/NZ9/01980; 2017-01-12; 2021-12-11; 939 720 zł.	F. Gregory; R. K. Selvakesavan, D. Kruszka

2	NCN; OPUS 12; Hyperisyn: Zastosowanie innowacyjnych narzędzi badawczych do poznania sieci molekularno-genetycznych uwarunkowań szlaku biosyntezy hiperycyny; 2016/23/B/NZ9/02677; 2017-07-03; 2021-07-02; 1 174 700 zł.	F. Gregory; V. Lokesh, M. Nuc
3	NCN; OPUS 13; HyperAgro: Interakcja <i>Hypericum-Agrobacterium</i> jako model pozwalający zrozumieć zjawisko obrony związanej z patogenezą u roślin opornych na transformację; 2017/25/B/NZ9/00720; 2018-02-07; 2022-02-06; 1 659 960 zł.	F. Gregory; R. K. Selvakesavan, P. Matam
4	Horyzont 2020; Coordination and Support Action (EU H2020-ERACChairs); The Creation of the Department of Plant Nanotechnology to Maximise the Impact of the ERA Chair Culture on the IPG PAS (Akronim: NANOPLANT); 856961; 2019-09-01; 2024-08-31; 10 957 712 zł	F. Gregory

### 1. Opis prac badawczych Zespołu:

**NCN; OPUS 11; HyperNano:** Understanding plant secondary metabolic changes in response to nanoparticles via an integrated omics approach in *Hypericum perforatum*

Objective: To understand the impact of engineered nanoparticles on plant secondary metabolism.

Description of work: Engineered nanoparticles are used as fertilizers and plant protectants in the smart-agriculture. We are investigating the impact of metallic nanoparticles on *H. perforatum* secondary metabolism by metabolomics and transcriptomics studies. In addition, we are studying the mechanisms of nanoformation upon green synthesis.

Practical effect: Studying the effect of various nanoparticles on plant secondary metabolism would help us to devise strategies for crop protection and for the elicitation of pharmaceutically important compounds.

**NCN; OPUS 12; Hyperisyn:** Unravelling the molecular/ genetic network of hypericin biosynthesis by employing innovative tools

Objective: To elucidate the hypericin biosynthetic pathway

Description of work: Hypericin is one of the most important bioactive compounds of *Hypericum* species. Although this molecule was identified about two centuries back, its biosynthesis is not understood yet. We are using our ability to inhibit and elicit hypericin biosynthesis to dissect the pathway and to identify related genes. We have discovered an alternative route of emodin and hypericin biosynthesis in *H. perforatum*.

Practical effect: In addition to its use in photodynamic therapy and traditional medicine, this compound is considered as a lead molecule in drug discovery. Hypericin biosynthesis pathway information and identification of related genes will be useful to improve the production of hypericin through metabolic engineering and heterologous expression.

**NCN; OPUS 13; HyperAgro:** Understanding the relevance of pathogenesis-related defence mechanisms in plant recalcitrance against *Agrobacterium* mediated transformation

Objective: Dissect the plant recalcitrance against *Agrobacterium* mediated transformation

Description of work: Previously we have shown that the activation of plant defense response upon co-cultivation is the basis of *H. perforatum* recalcitrance against *A. tumefaciens* mediated transformation. To understand the recalcitrant plant host response during its interaction with *Agrobacterium*, we are analyzing the transcriptome, metabolome and proteome of *H. perforatum* in response to *Agrobacterium* challenge. We have already identified and functionally characterized the gene(s) responsible for plant recalcitrance.

Practical effect: Since *Agrobacterium*-mediated transformation is an important tool for crop improvement and functional plant genomics, results of this work will allow us to develop robust transformation methods for plant species that remain difficult to transform. Moreover, we will be able to devise crown gall disease prevention strategies for economically important crops which are prone to this disease.

## **2. Lista publikacji Zespołu wydanych w 2020 r.**

**Selvakesavan R.K., Franklin G.** (2020) Nanoparticles affect the expression stability of housekeeping genes in plant cells. *Nanotechnology, Science and Applications*, 13: 77-88. DOI: 10.2147/NSA.S265641

**IF=7,42 MNiSW=200**

Marslin G., Khandelwal V., **Franklin G.** (2020) Cordycepin nanoencapsulated in poly(lactic-co-glycolic acid) exhibits better cytotoxicity and lower hemotoxicity than free drug. *Nanotechnology, Science and Applications* 13: 37-45. DOI: 10.2147/NSA.S254770

**IF=7,42 MNiSW=200**

**Kruszka D., Sawikowska A., Selvakesavan R.K., Krajewski P., Kachlicki P., Franklin G.** (2020) Silver nanoparticles affect phenolic and phytoalexin composition of *Arabidopsis thaliana*. *Science of the Total Environment* 716: 135361. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2019.135361

**IF=6,551 MNiSW=200**

**Pradeep M., Kachlicki P., Franklin G.** (2020) Simultaneous determination of naphthodianthrones, emodin, skyrin and new bisanthrones in *Hypericum perforatum* L. in vitro shoot cultures. *Industrial Crops and Products*, 144:112003. DOI: 10.1016/j.indcrop.2019.112003

**IF=4,244 MNiSW=200**

## WSPÓŁPRACA KRAJOWA

*Współpraca z krajowymi placówkami naukowymi prowadzona bez umów*

**P. Kachlicki, D. Kruszka** – Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Chemii, D. Barańkiewicz, Analizy HPLC/MS związków arsenoorganicznych roślin oraz produktów żywnościowych, wspólne publikacje z listy JCR: Lorenc W. i in. (2020) Arsenic species and their transformation pathways in marine plants. Usefulness of advanced hyphenated techniques HPLC/ICP-MS and ESI-MS/MS in arsenic species analysis. *Talanta* 220, 121384; DOI: 10.1016/j.talanta.2020.121384; Lorenc W. i in. (2020) Total versus inorganic and organic species of As, Cr and Sb in flavored and functional drinking waters. Analysis and risk assessment. *Molecules* 25, 1099; DOI:10.3390/molecules25051099.

**P. Kachlicki, D. Kruszka** – Uniwersytet Medyczny w Poznaniu, Wydział Farmacji, P. Mikołajczak, B. Thiem; Analizy HPLC/MS aktywnych biologicznie komponentów roślin zielarskich; wspólne publikacje z listy JCR: Buchwald W. i in. (2020) The Effect of Different Water Extracts from *Platycodon grandiflorum* on Selected Factors Associated with Pathogenesis of Chronic Bronchitis in Rats. *Molecules* 25, 5020; doi:10.3390/molecules25215020; Kikowska M., i in. (2020) Phytochemical screening and acanthamoebic activity of shoots from *in vitro* cultures and *in vivo* plants of *Eryngium alpinum* L. - the endangered and protected species. *Molecules* 25: 1416. DOI: 10.3390/molecules25061416.

**L. Błaszczyk, S. Salamon, A. Basińska Barczak, K. Mikołajczak**, UPP, Katedra Agronomii, H. Sulewska, K. Ratajczak; publikacje: Ratajczak K., Sulewska H., Błaszczyk L., Basińska-Barczak A., Salamon S., Mikołajczak K., Szymańska G., Dryjański L. (2020) Growth and photosynthetic activity of selected spelt varieties (*Triticum aestivum* ssp. *spelta* L.) cultivated under drought conditions with different endophytic core microbiomes. *International Journal of Molecular Sciences* 21: 7987. DOI:10.3390/ijms21217987; Salamon S., Mikołajczak K., Błaszczyk L., Ratajczak K., Sulewska H. (2020) Changes in root-associated fungal communities in *Triticum aestivum* ssp. *spelta* L. and *Triticum aestivum* ssp. *vulgare* L. under drought stress and in various soil processing. *PLOS ONE* 15(10): e0240037. DOI: 10.1371/journal.pone.0240037.

**L. Błaszczyk, A. Basińska Barczak**, UPP, Katedra Chemii, K. Szentner; publikacja: Basińska-Barczak A., Błaszczyk L., Szentner K. (2020) Plant cell wall changes in common wheat roots as a result of their interaction with beneficial fungi of *Trichoderma*. *Cells* 9: 2319. DOI: 10.3390/cells9102319.

**L. Błaszczyk, K. Mikołajczak**, UPP, Katedra Biochemii i Biotechnologii, D. Narożna, T. Cłapa; publikacja: Cłapa T., Mikołajczak K., Błaszczyk L., Narożna D. (2020) Development of high-resolution melting PCR (HRM-PCR) assay to identify native fungal species associated with the wheat endosphere. *Journal of Applied Genetics* 61 (4): 629-635. DOI: 10.1007/s13353-020-00578-0.

**L. Błaszczyk**, Instytut Biotechnologii Przemysłu Rolno-Spożywczego im. prof. Wacława Dąbrowskiego w Warszawie, M. Bryła; realizacja projektu NCN, OPUS pt. „Potencjał szlaków metabolicznych grzybów z rodzaju *Trichoderma* w procesie degradacji/transformacji mykotoksyn fuzaryjnych wraz z oceną biodostępności nowopowstałych produktów degradacji w warunkach *in vitro*”, nr UMO-2019/33/B/NZ9/02743.

**B. Naganowska, M. Książkiewicz** - Instytut Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu, Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej, M. Figlerowicz i J. Podkowiński, wspólne

prorowadzenie badań, wspólna publikacja: Czyż K.B., Książkiewicz M., Koczyk G., Szczepaniak A., Podkowiński J., Naganowska B. (2020) A tale of two families: whole genome and segmental duplications underlie glutamine synthetase and phosphoenolpyruvate carboxylase diversity in narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.). *International Journal of Molecular Sciences* 21 (7): 2580. DOI: 10.3390/ijms21072580).

**M. Książkiewicz, S. Rychel-Bielska, P. Plewiński, W. Bielski** - Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa, B. Kozak, R. Galek, wspólne prowadzenie badań, wspólna publikacja (Rychel-Bielska S., Plewiński P., Kozak B., Galek R., Książkiewicz M. (2020) Photoperiod and vernalization control of flowering-related genes: a case study of the narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.). *Frontiers in Plant Science* 11: 572135. DOI: 10.3389/fpls.2020.572135), złożony projekt MRiRW na lata 2021-2027 „Doskonalenie mapy genetycznej łubinu wąskolistnego i poszukiwanie markerów sprzężonych z cechami użytkowymi ze szczególnym uwzględnieniem zawartości białka i alkaloidów”, zakwalifikowany do finansowania.

**M. Książkiewicz, S. Rychel-Bielska, W. Bielski** - Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Genetyki i Hodowli Roślin, J. Nawracała, A. Tomkowiak, D. Kurasiak-Popowska, D. Weigt, J. Niemann, wspólne prowadzenie badań, współpraca w ramach projektu finansowanego ze środków Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi, zadanie numer 105 „Identyfikacja układów allelicznych genów fotoneutralności i wczesności oraz opracowanie metodyki otrzymywania roślin homozygotycznych u soi”, złożony projekt MRiRW na lata 2021-2027 „Analiza molekularna układów allelicznych genów wczesności oraz opracowanie i identyfikacja markerów funkcjonalnych dla genów determinacji pędu, pęknięcia strąków, cech plonotwórczych i jakościowych nasion soi”, zakwalifikowany do finansowania.

**M. Książkiewicz** - Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, Katedra Fizjologii Roślin i Biotechnologii, E. Wilmowicz, złożony projekt MRiRW na lata 2021-2027 „Mapowanie genetyczne i asocjacyjne cech fenologicznych oraz cech związanych z plonem łubinu żółtego, ze szczególnym uwzględnieniem zrzucania kwiatów”, niezakwalifikowany do finansowania.

**T. Pniewski**, UP Poznań: Katedra Chemii, M. Mleczek; Katedra Chemicznej Technologii Drewna – B. Waliszewska; Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności – R. Marecik, P. Cyplik, W. Białas, A. Drożdżyńska; UAM, Wydział Chemii – P. Niedzielski; Uniwersytet Rzeszowski, Zakład Gleboznawstwa, Chemii Środowiska i Hydrologii – M. Szostek. Wspólny wniosek projektowy do MRiRW „Asymilacja azotu u wybranych gatunków traw energetycznych z rodzaju miskant (*Miscanthus* Andersson) w aspekcie rekultywacji i bioenergetyki”.

**T. Pniewski, J. Cerazy-Waliszewska**, UP Poznań, Katedra Chemicznej Technologii Drewna, B. Doczekalska, B. Waliszewska. Badania nad wykorzystaniem biomasy miskanta do produkcji węgla aktywnego. Wspólna publikacja: *Materials* 2020, 13:1654. DOI: 10.3390/ma13071654.

**T. Pniewski**, SGGW Warszawa, Wydział Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, W. Pląder, M. Pawełkowicz. Badania nad długoterminowymi efektami transgenizacji na profil ekspresji genów i miRNA u ogórka. Wspólna publikacja: *Genes* 2020, 11:334. DOI: 10.3390/genes11030334.

**K. Sobańska**, UP Poznań, Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności, A. Drożdżyńska, Katedra Chemicznej Technologii Drewna – M. Zborowska. Analiza profilu osmotycznie czynnych cukrów oraz zmian składu ściany komórkowej miskanta

w odpowiedzi na stres chłodu. Wspólna realizacja projektu NCN PRELUDIUM 15 – UMO-2018/29/N/NZ9/00854.

**J. Cerazy-Waliszewska**, UP Poznań, Katedra Chemii, Zespół Chemii Analitycznej Środowiska, M. Mleczek. Analiza profilu i akumulacji form arsenu w roślinach miskanta w odpowiedzi na zanieczyszczenie gleby tym pierwiastkiem. Wspólna realizacja projektu NCN - MINIATURA 3 – Nr 2019/03/X/NZ9/00064.

**M. Jędrzycka, J. Kaczmarek**, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii, Katedra Genetyki i Hodowli Roślin; Poznań, J. Niemann, Identyfikacja źródeł odporności genetycznej na mączniaka prawdziwego i suchą zgniliznę kapustnych u mieszańców międzygatunkowych w obrębie rodzaju *Brassica*; wspólny projekt badawczy MRiRW „Postęp biologiczny 2014-2020” zadanie badawcze 54;

**M. Jędrzycka, J. Kaczmarek**, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii; Katedra Genetyki i Hodowli Roślin, J. Niemann; Katedra Mikrobiologii Ogólnej i Środowiskowej, A. Wolna-Maruwka; Katedra Fitopatologii i Nasiennictwa, L. Irzykowska; Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, I. Siatkowski; Zastosowanie konwencjonalnych i molekularnych narzędzi fitopatologicznych w poszukiwaniu źródeł odporności na kiłę kapusty oraz charakterystyka aktualnej populacji patogenu w Polsce, wspólny projekt badawczy MRiRW „Postęp biologiczny 2014-2020” zadanie badawcze 50.

**M. Jędrzycka, J. Kaczmarek**, Instytut Uprawy, Nawożenia i Gleboznawstwa w Puławach, A. Nieróbca; Zastosowanie konwencjonalnych i molekularnych narzędzi fitopatologicznych w poszukiwaniu źródeł odporności na kiłę kapusty oraz charakterystyka aktualnej populacji patogenu w Polsce, wspólny projekt badawczy MRiRW „Postęp biologiczny 2014-2020” zadanie badawcze 50. Wspólna publikacja: Czubatka-Bieńkowska i in. (2020) DOI: 10.3390/pathogens9121070.

**M. Jędrzycka, J. Kaczmarek**, Instytut Ogrodnictwa, Skierniewice, A. Czubatka-Bieńkowska, A. Czajka; Oznaczenie stężenia DNA *Plasmodiophora brassicae* w glebach rolniczych wykorzystywanych do produkcji roślin kapustowatych w Polsce. Wspólna publikacja: Czubatka-Bieńkowska i in. (2020) DOI: 10.3390/pathogens9121070.

**M. Jędrzycka**, Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich w Poznaniu, K. Wielgusz; Uszlachetnianie genetyczne metodą selekcji negatywnej i badania naukowe nad możliwościami uprawy konopi oleistych i włóknistych na glebach lekkich, ubogich w składniki mineralne i o niskim pH - trzy umowy roczne na prace naukowo-badawcze w latach 2018-2021. Wspólna publikacja: Bakro i in. (2020) DOI: 10.1002/jssc.201900822.

**M. Jędrzycka**, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie (G. Borsuk, A. Sulborska, E. Stawiarz) oraz Instytut Agrofizyki PAN w Lublinie (A. Nawrocka), M. Baryluk (pszczelarz); Badania melisopalinologiczne miodów uzyskiwanych w przestrzeni miejskiej; Umowa: 11 lipca 2019 – 10 lipca 2020.

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

- Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Chemii, dr hab. Tomasz Janeczko, prof. nadzw.; identyfikacja grzybów entomopatogenicznych o zdolnościach do enzymatycznego przekształcania związków bioaktywnych; wspólne publikacje i patenty
- Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Chemii, dr hab. A. Waśkiewicz, dr hab. K. Gromadzka; analiza ilościowa i jakościowa mykotoksyn fuzaryjnych; wspólne projekty, publikacje

- Instytut Biotechnologii Przemysłu Rolno-Spożywczego, Warszawa, dr hab. Marcin Bryła, testy antagonistyczne grzybów patogenicznych *Fusarium* i *Trichoderma*; współpraca w ramach projektu OPUS 17
- Instytut Agrofizyki PAN w Lublinie, Kasprzycka A., wspólna publikacja Pytlak A., Kasprzycka A., Szafranek-Nakoneczna A., Grządziel J., Kubaczyński A., Proc K., Onopiuk P., Walkiewicz A., Polakowski C., Gałązka A., **Lalak-Kańczugowska J.**, Sępniewska Z., Bieganowski A. (2020) Biochar addition reinforces microbial interspecies cooperation in methanation of sugar beet waste (pulp). *Science of The Total Environment* 730: 138921. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2020.138921

**W. Rybiński**, Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności PAN w Olsztynie (R. Amarowicz). Antyoksydanty w nasionach wybranych gatunków roślin strączkowych z kolekcji IGR PAN; publikacja: Rybiński W., Karamać M., Janiak M., Börner A., Płatosz N., Amarowicz R. (2020) Antioxidant capacity of *Lathyrus sativus* seeds. *Journal of Food Bioactives* 11: 110–118. DOI: 10.31665/JFB.2020.11242

**K. Susek**, Uniwersytet Śląski, Wydział Nauk Przyrodniczych, Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska, R. Hasterok:

- Projekt badawczy HARMONIA 7, 2015/18/M/NZ2/00394 “Comparing genetic and epigenetic variation in a model grass *Brachypodium distachyon* in driving adaptation to distinct natural environments”, NCN, Kierownik: R. Hasterok.
- Publikacja: Skalska A., Stritt Ch., Wyler M., Williams H.W, Vickers M., Han J., Tuna M., Tuna G.S, Susek K., Swain M., Wóycicki R.K., Chaudhary S., Corke F., Doonan J.H, Roulin A.C., Hasterok R., Mur L.A.J. (2020). Genetic and methylome variation in Turkish *Brachypodium distachyon* accessions differentiate two geographically distinct subpopulations. *International Journal of Molecular Sciences*, 21(18), 6700; doi.org/10.3390/ijms21186700

**M. Gawłowska, W. Święcicki**, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, A. Niewiadomska, Identyfikacja rejonów w genomie grochu, warunkujących wybrane parametry sprawności fizjologicznej, jako istotnego elementu odporności na stresy abiotyczne - Projekt MRiRW nr 40.

**M. Gawłowska, W. Święcicki**, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB w Radzikowie, L. Boros, Identyfikacja rejonów w genomie grochu, warunkujących wybrane parametry sprawności fizjologicznej, jako istotnego elementu odporności na stresy abiotyczne - Projekt MRiRW nr 40.

**M. Kroc, W. Święcicki**, Poznańska Hodowla Roślin Spółka z o.o., oddział HR Wiatrowo, P. Barzyk, Identyfikacja i sposób dziedziczenia genów warunkujących odporność na choroby grzybowe i niską zawartość alkaloidów w doskonaleniu wartości użytkowej łubinów, ze szczególnym uwzględnieniem łubinu żółtego – Projekt MRiRW nr 41.

**G. Koczyk**, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Katedra i Zakład Genetyki Medycznej, E. Bukowska-Olech, A. Jamsheer, analizy danych NGS pochodzących z sekwencjonowania półprzewodnikowego IonTorrent i adnotacja wariantów o znaczeniu funkcjonalnym/klinicznym, wspólne publikacje:

- Bukowska-Olech E., Popiel D., Koczyk G., Sowińska-Seidler A., Socha M., Wojciechowicz B., Dawidziuk A., Larysz D., Jamsheer A. (2020) Adapting SureSelect enrichment protocol to the Ion Torrent S5 platform in molecular diagnostics of craniosynostosis. *Scientific Reports* 10 (1): 4159. DOI: 10.1038/s41598-020-61048-5.



– Bukowska-Olech E., Materna-Kiryłuk A., Walczak-Sztulpa J., Popiel D., Badura-Stronka M., Koczyk G., Dawidziuk A., Jamsheer A. (2020) Targeted next-generation sequencing in the diagnosis of facial dysostoses. *Frontiers in Genetics* 11:580477. DOI: 10.3389/fgene.2020.580477.

**G. Koczyk**, Politechnika Poznańska, Wydział Inżynierii Środowiska i Energetyki, M. Basińska, M. Michałkiewicz, analizy izolatów środowiskowych pod kątem oznaczenia taksonomicznego oraz zdolności do produkcji toksyn; współpraca w realizacji projektów (grant rektorski Politechniki Poznańskiej - ERP 33/32/SIGR/3335 - kierownik: M. Basińska; grant NCN/OPUS 2016/21/B/NZ9/01875 - kierownik: G. Koczyk).

**G. Koczyk**, Instytut Chemii Bioorganicznej, Zakład Biochemii Produktów Naturalnych, Ł. Marczak, oznaczenia jakościowe toksyn makrolaktonowych; współpraca w realizacji projektu (grant NCN/OPUS 2016/21/B/NZ9/01875 - kierownik: G. Koczyk).

**A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa**; Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki (IChB/PP), Ł. Marczak; analiza genotypów jęczmienia jarego z wykorzystaniem chromatografii gazowej połączonej z spektrometrią mas; współpraca w ramach realizowanej pracy doktorskiej mgr Michała Kempy.

**A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa**; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Wydział Biologii, K. Wojciechowicz; wspólna realizacja zadania badawczego nr 2.4 w wieloletnim projekcie rządowym RM nr 222/2015.

**A. Kosmala, I. Pawłowicz, D. Perlikowski, A. Augustyniak, K. Lechowicz**; Uniwersytet Rolniczy w Krakowie, Wydział Rolniczy i Ekonomiczny, Katedra Fizjologii, Hodowli Roślin i Nasiennictwa, M. Rapacz; fizjologiczna reakcja na suszę i niską temperaturę u traw kompleksu *Lolium-Festuca*; 3 publikacje:

– Lechowicz K., Pawłowicz I., Perlikowski D., Arasimowicz-Jelonek M., Blicharz S., Skiryicz A., Augustyniak A., Malinowski R., Rapacz M., Kosmala A. (2020). *International Journal of Molecular Sciences* 21(16): 5639. DOI: 10.3390/ijms21165639

– Augustyniak A., Pawłowicz I., Lechowicz K., Izbiańska-Jankowska K., Arasimowicz-Jelonek M., Rapacz M., Perlikowski D., Kosmala A. (2020). *International Journal of Molecular Sciences* 21(16): 5899. DOI: 10.3390/ijms21165899

– Lechowicz K., Pawłowicz I., Perlikowski D., Arasimowicz-Jelonek M., Majka J., Augustyniak A., Rapacz M., Kosmala A. (2020). *International Journal of Molecular Sciences* 21(9): 3174. DOI: 10.3390/ijms21093174

**A. Kosmala, Pawłowicz I., D. Perlikowski, A. Augustyniak, K. Lechowicz**; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Ekofizjologii Roślin, M. Arasimowicz-Jelonek; rola reaktywnych form tlenu i tlenu azotu w metabolizmie roślinnym w warunkach suszy i niskiej temperatury u traw kompleksu *Lolium-Festuca*; rola tlenu azotu w regulacji stopnia acetylacji białek histonowych u *Phytophthora infestans*; wspólnie realizowane 2 projekty NCN OPUS 12 i OPUS 16; 3 publikacje:

– NCN; OPUS 12 „Wgląd w molekularne mechanizmy tolerancji deficytu wody i regeneracji po jego ustąpieniu u wybranych gatunków i mieszańców traw pastewnych kompleksu *Lolium-Festuca*”, kierownik A. Kosmala.

– NCN; OPUS 16 "Wpływ tlenu azotu na stan acetylacji białek histonowych u *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary", kierownik: M. Arasimowicz-Jelonek (UAM w Poznaniu)

- Lechowicz K., Pawłowicz I., Perlikowski D., Arasimowicz-Jelonek M., Blicharz S., Skiryicz A., Augustyniak A., Malinowski R., Rapacz M., Kosmala A. (2020). International Journal of Molecular Sciences 21(16): 5639. DOI: 10.3390/ijms21165639.
- Augustyniak A., Pawłowicz I., Lechowicz K., Izbiańska-Jankowska K., Arasimowicz-Jelonek M., Rapacz M., Perlikowski D., Kosmala A. (2020). International Journal of Molecular Sciences 21(16): 5899. DOI: 10.3390/ijms21165899.
- Lechowicz K., Pawłowicz I., Perlikowski D., Arasimowicz-Jelonek M., Majka J., Augustyniak A., Rapacz M., Kosmala A. (2020). International Journal of Molecular Sciences 21(9): 3174. DOI: 10.3390/ijms21093174.

**D. Babula-Skowrońska;** Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB oddział w Poznaniu, T. Cegielska-Taras, L. Szała; analiza funkcji wybranych genów należących do rodziny PP2C (kodujących fosfatazy białkowe) oraz HD-Zip (kodujących czynniki transkrypcyjne) u rzepaku; wspólnie realizowany projekt NCN OPUS12 pt.: „Plastyczność odpowiedzi poliploidów na stresy środowiskowe: zbadanie regulonu ABI1/HD6 w warunkach stresów solnego i suszy u rzepaku (*Brassica napus* L.)”, kierownik: D. Babula-Skowrońska.

**D. Babula-Skowrońska;** Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Molekularnej i Biotechnologii, Zakład Biotechnologii, A. Ludwików, A. Cieśla; analiza funkcji wybranych genów należących do rodziny PP2C (kodujących fosfatazy białkowe) oraz HD-Zip (kodujących czynniki transkrypcyjne) u rzepaku; wspólnie realizowany projekt NCN OPUS12 pt.: „Plastyczność odpowiedzi poliploidów na stresy środowiskowe: zbadanie regulonu ABI1/HD6 w warunkach stresów solnego i suszy u rzepaku (*Brassica napus* L.)”, kierownik: D. Babula-Skowrońska.

**H. Wiśniewska;** IHAR PIB Radzików, Zakład Fitopatologii, T. Góral, współpraca w projekcie MRiRW: Badanie typów odporności na fuzariozę kłosów u pszenżyta ozimego za pomocą markerów fenotypowych i metabolicznych, wspólna publikacja: *Agronomy* 2021, 11, 16:1-19 <https://dx.doi.org/10.3390/agronomy11010016>.

**H. Wiśniewska;** IOR PIB Poznań, M. Korbas, kierownik zakładu Mykologii, współpraca w ramach projektu MRiRW, wspólna publikacja: *Biuletyn Hodowli i Aklimatyzacji Roślin* nr 288/2020: 3-14.

**M. Mokrzycka,** Politechnika Poznańska, Wydział Matematyki, K. Filipiak - promotor doktoratu, wspólne publikacje: Filipiak K., Klein D., Markiewicz A., Mokrzycka M. (2020) Approximation with a Kronecker product structure with one component as compound symmetry or autoregression via entropy loss function. *Linear Algebra and its Applications* 610: 625-646. DOI: 10.1016/j.laa.2020.10.013.

**M. Mokrzycka,** Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, A. Markiewicz, M. Janiszewska, wspólne publikacje:

- Filipiak K., Klein D., Markiewicz A., Mokrzycka M. (2020) Approximation with a Kronecker product structure with one component as compound symmetry or autoregression via entropy loss function. *Linear Algebra and its Applications* 610: 625-646. DOI: 10.1016/j.laa.2020.10.013;
- Janiszewska M., Markiewicz A., Mokrzycka M. (2020) Block matrix approximation via entropy loss function. *Applications of Mathematics* 65 (6): 829-844 DOI: 10.21136/AM.2020.0023-20.

*Współpraca pracowników IGR PAN z podmiotami gospodarczymi*

**DANKO Hodowla Roślin Sp. z o.o., Oddział HR w Szelejewie;** współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp biologiczny, zad. Nr 35/2020. „Identyfikacja genów związanych z ekspresją zimotrwałości i tolerancji suszy u form introgresywnych *Lolium multiflorum/Festuca arundinacea*”, 2014-01-01; 2020-12-31; E. Paszkowski/ **A. Kosmala, I. Pawłowicz, D. Perlikowski, A. Augustyniak, K. Lechowicz, W. Zwierzykowski.**

**Hodowla Roślin Grunwald Sp. z o.o. – Grupa IHAR);** współpraca w ramach umowy dwustronnej od 2018 r. Tytuł umowy: „Hodowla twórcza odmian *Festulolium* z wykorzystaniem, jako materiałów wyjściowych do hodowli, mieszańców międzyrodzajowych traw pastewnych kompleksu *Festuca-Lolium*”. Prowadzono prace w zakresie wyprowadzenia i charakterystyki materiału wyjściowego do hodowli nowych odmian *Festulolium* na bazie mieszańców *F. pratensis* × *L. perenne*, M. Sowul, K. Szwarz/ **A. Kosmala, J. Majka.** Efekt: przygotowano materiał roślinny do projektu MRiRW – Postęp biologiczny (2021-2026) „Mechanizmy odporności na abiotyczne i biotyczne stresy środowiskowe u form introgresywnych życicy wielokwiatowej i życicy trwałej z genami kostrzewy łąkowej lub kostrzewy trzcinowej”.

**Poznańska Hodowla Roślin Spółka z o.o., Oddział Wiatrowo (P. Barzyk) oraz Hodowla Roślin Smolice Sp. z o. o. Grupa IHAR, Oddział Przebędowo (S. Stawiński) /** współpraca w ramach projektu MRiRW „Cecha wczesności kwitnienia u łubinu białego i łubinu żółtego - podstawy genetyczne i molekularne” HOR hn-801-8/14 zad. 39; 2014-01-01/2020-12-31; **M. Książkiewicz, W. Bielski, B. Naganowska, P. Plewiński, S. Rychel, B. Wolko;**

- wspólna publikacja: Plewiński P., Ćwiek-Kupczyńska H., Rudy E., Bielski W., Rychel-Bielska S., Stawiński S., Barzyk P., Krajewski P., Naganowska B., Wolko B., Książkiewicz M. (2020) Innovative transcriptome-based genotyping highlights environmentally responsive genes for phenology, growth and yield in a non-model grain legume. *Plant, Cell & Environment* 43 (11): 2680-2698. DOI: 10.1111/pce.13880;
- złożony projekt MRiRW na lata 2021-2027 „Mapowanie genetyczne i asocjacyjne cech fenologicznych oraz cech związanych z plonem łubinu żółtego, ze szczególnym uwzględnieniem zrzucania kwiatów”, niezakwalifikowany do finansowania
- projekt MRiRW na lata 2021-2027 „Doskonalenie mapy genetycznej łubinu wąskolistnego i poszukiwanie markerów sprzężonych z cechami użytkowymi ze szczególnym uwzględnieniem zawartości białka i alkaloidów”, zakwalifikowany do finansowania.

**Dow AgroSciences** - projekt naukowo-badawczy nr Dow AgroSciences- IGR 1/2020 z dnia 2 marca 2020 r.. 9 msc.; Optymalizacja terminu ochrony chemicznej rzepaku przed suchą zgnilizną kapustnych w Polsce”; **M. Jędrzycka, J. Kaczmarek.** Przychody 19.680 zł.

**Syngenta Polska Sp. z o.o** - projekt naukowo-badawczy nr Syngenta - IGR 1/2020, PO 8701044241, umowa z 25 lutego 2020 r., 3 msc.; Wykonanie testów, służących do określania poziomu inokulum grzyba *Sclerotinia sclerotiorum* na polach rzepaku (test płatkowy) według metodyki opracowanej w IGR PAN; **M. Jędrzycka.** Przychody: 8.610 zł.

**Syngenta Polska Sp. z o.o** - projekt naukowo-badawczy nr Syngenta - IGR 2/2020, PO 8701055158, umowa z 20 kwietnia 2020 r., 7 msc.; Wykonanie testów oceny fitotoksyczności herbicydów w wariantach przed i powschodowych, z symulowanym opadem deszczu; **M. Jędrzycka.** Przychody: 7.380 zł.

**Innvigo Sp. z o.o.** - projekt naukowo-badawczy nr Innvigo-IGR 1/2019-2020, umowa z 2 grudnia 2019, czas realizacji 12 msc. Ocena wrażliwości wybranych grzybów chorobotwórczych na fungicydy; **J. Kaczmarek**. Przychody: 14.760 zł.

**Limagrain Central Europe, Societe Europeenne Spółka Europejska, Oddział w Polsce**, Umowa z dnia 1 marca 2020, 10 msc.; Ocena odporności odmian rzepaku z portfolio firmy Limagrain na suchą zgniliznę kapustnych i kiłę kapusty; **M. Jedryczka**. Przychody: 6.150 zł.

**Przedsiębiorstwo Nasienne ROLNAS Sp. z o.o** - złożenie projektu PROW Współpraca „Innowacyjna rzodkiew“ pt. Innowacyjne wykorzystanie fitosanitarne i nawozowe nowej generacji odmian rzodkwi oleistej w integrowanej uprawie roślin; innowacyjne działania marketingowe; **M. Jedryczka**.

**Poznańska Hodowla Roślin Spółka z o.o.** – Oddział HR Wiatrowo, umowa na wykonanie usługi: Wysiew, obserwacje i zbiór roślin pochodzących z krzyżowań zbliżających w odniesieniu do mieszańców z kilku kombinacji krzyżówkowych ukierunkowanych na ocenę wybranych cechy użytkowych łubinu białego; w ramach projektu MRiRW – Postęp Biologiczny, zad. nr 42/2020; **W. Rybiński**, **W. Świąćicki**, **P. Barzyk**.

**Poznańska Hodowla Roślin Spółka z o.o.** – Oddział HR Wiatrowo, umowa na wykonanie usługi: Przeprowadzenie doświadczenia polowego mającego na celu rozmnożenie populacji mapującej łubinu białego (200 obiektów) z zastosowaniem izolatorów w celu utrzymania czystości linii oraz prace porządkowe dotyczące materiału siewnego; w ramach zadania 2.2, Wieloletniego Programu Rządowego; **M. Kroc**, **K. Czepiel**, **W. Świąćicki**.

**Hodowla Roślin Smolice sp. z o.o.** – **Grupa IHAR**, Oddział Przebędowo, współpraca w ramach projektu Rządowy Program Wieloletni, zadanie 2.5 „Analiza zmienności, sposobu dziedziczenia wskaźników fizjologicznych u łubinu wąskolistnego i grochu siewnego oraz możliwości ich wykorzystania w ulepszaniu produktywności roślin”; **S. Stawiński** / **B. Góryniewicz**, **W. Świąćicki**.

**Poznańska Hodowla Roślin Spółka z o.o.** – Oddział HR Wiatrowo, koordynacja programu hodowli roślin strączkowych oraz krajowego banku genów *Pisum*; **W. Świąćicki**.

**Poznańska Hodowla Roślin Spółka z o.o.**, – Oddział HR Wiatrowo, współpraca w ramach Rządowego Projektu Wieloletniego, Zadanie nr 2.3. i 2.4. „Zastosowanie metod biotechnologicznych dla zwiększenia i przyspieszenia postępu biologicznego w hodowli roślin strączkowych.”, 01.01.2016-31.12.2020; **M. Surma**, **T. Adamski**, **H. Ćwiek-Kupczyńska**, **Z. Kaczmarek**, **A. Kuczyńska**, **K. Mikołajczak**, **P. Ogrodowicz**, **A. Anioła**, **R. Holewińska**, **R. Trzeciak**; opracowanie wykonane na podstawie wyników doświadczeń przeprowadzonych w ramach realizacji zadań – instrukcja wdrożeniowa.

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

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

**Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o., Danko Hodowla Roślin Sp. z o.o., Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o.o. Grupa IHAR, Małopolska Hodowla Roślin Sp. z o.o.** – współpraca w ramach projektu MRiRW; Wpływ stresu niedoboru wody na rozwój i architekturę systemu korzeniowego u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.); HOR hn-801-8/14 zad. 106; 2018-01-01; 2020-12-31; **A. Kuczyńska**, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, S. Franaszek, M. Kempa, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak; badania wpływu niedoboru wody na rozwój i architekturę systemu korzeniowego 150 genotypów jęczmienia jarego uzyskanych z firm hodowlanych.

**Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o., Danko Hodowla Roślin Sp. z o.o., Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o.o. Grupa IHAR, Małopolska Hodowla Roślin Sp. z o.o.** - współpraca w ramach projektu MRiRW; Badania nad wpływem translokacji 1B/1R na efektywność uzyskiwania linii DH pszenicy oraz ich wartość technologiczną; HOR hn-801-8/14 zad. 3; 2014-01-01; 2020-12-31; **T. Adamski**, M. Surma, Z. Kaczmarek, A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, S. Franaszek, M. Kempa, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak; przekazanie linii DH pszenicy uzyskanych w ramach projektu firmom hodowlanym.

**Hodowla Roślin DANKO Choryń** (B. Ługowska), współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp Biologiczny, zad. nr 2/2020: „Wykorzystanie markerów molekularnych i fenotypowych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła powodowaną przez *Oculimacula yallundae* i *Oculimacula aciformis*”; **H. Wiśniewska**, A. Twardawska.

**Hodowla Roślin DANKO Choryń** (dr M. Niwińska), współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp Biologiczny, zad. nr 14/2020: Badanie typów odporności na fuzariozę kłosów u pszenżyta ozimego za pomocą markerów fenotypowych i metabolicznych; **H. Wiśniewska**, A. Twardawska.

**Hodowla Roślin Strzelce** (dr P. Matysik):

- współpraca w ramach projektu MRiRW Postęp Biologiczny nr 14/2020: „Badanie typów odporności na fuzariozę kłosów u pszenżyta ozimego za pomocą markerów fenotypowych i metabolicznych”; **H. Wiśniewska**, A. Twardawska.
- współpraca w ramach projektu MRiRW Postęp Biologiczny nr 2/2020: Wykorzystanie markerów molekularnych i fenotypowych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła powodowaną przez *Oculimacula yallundae*; **H. Wiśniewska**, A. Twardawska.

**Hodowla Roślin Smolice** (dr E. Witkowski), współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp Biologiczny, zad. nr 2/2020: Wykorzystanie markerów molekularnych i fenotypowych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła powodowaną przez *Oculimacula yallundae* i *Oculimacula aciformis*; **H. Wiśniewska**, A. Twardawska.

**Poznańska Hodowla Roślin** (dr U. Woźna-Pawlak), współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp Biologiczny, zad. nr 2/2020: „Wykorzystanie markerów molekularnych i fenotypowych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła

powodowaną przez *Oculimacula yallundae* i *Oculimacula aciformis*"; **H. Wiśniewska**,  
A. Twardawska.

**Małopolska Hodowla Roślin** (dr T. Drzazga), współpraca w ramach projektu MRiRW –  
Postęp Biologiczny, zad. nr 2/2020: „Wykorzystanie markerów molekularnych  
i fenotypowych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła  
powodowaną przez *Oculimacula yallundae* i *Oculimacula aciformis*"; **H. Wiśniewska**,  
A. Twardawska.

**Hodowla Roślin DANKO Choryń**, „Wykonanie badań markerów dotyczących łamliwość  
podstawy źdźbła w materiałach hodowlanych zbóż”, projekt współfinansowany ze środków  
EFRR, w ramach Projektu Operacyjnego Inteligentny Rozwój 2014-2020; **A. Twardawska**.

**Poznańska Hodowla Roślin Spółka z o.o., Hodowla Roślin Strzelce sp. z o.o., Centnas  
Sp. z o.o., Agronas Sp. z o.o.** współpraca w ramach projektu NCBiR BIOSTRATEG  
HYBRE "Zintegrowana strategia dla reaktywacji polskiej hodowli pszenicy heterozyjnej";  
P. Krajewski, M. Mokrzycka.

## WSPÓŁPRACA Z ZAGRANICĄ

### *Współpraca bezpośrednia z partnerami zagranicznymi*

#### *Współpraca prowadzona w ramach umów*

1. **Institute of Experimental Botany** of the Academy of Sciences of the Czech Republic (AS CR), Olomouc, Republika Czeska, Memorandum of Understanding (01.01.2019 – 31.12.2021). D. Kopecký, J. Doležel/**A. Kosmala, J. Majka**. Temat współpracy: poznanie mechanizmów związanych z dominacją (sub)-genomów u mieszańców *Festuca* × *Lolium*.
2. **Crops Research Institute Anhui Academy of Agricultural Sciences, Hefei, Chiny**, Memorandum of Understanding (10.11.2016 – 9.11.2020). „Znajdowanie nowych źródeł odporności na patogeny roślin i opracowanie technik ich wykrywania”. **M. Jędrzycka**.
3. **Royal Botanic Gardens, Kew, UK**, projekt HARMONIA 7 (13.05.2016 -12.05.2020), **K. Susek**, dotyczy analiz ewolucyjnych gatunków należących do rodzaju *Lupinus*.
4. **University of Zurich, Szwajcaria**, projekt HARMONIA 7 (13.05.2016 r. -12.05.2020), **K. Susek**, dotyczy analiz ewolucyjnych gatunków należących do rodzaju *Lupinus*.
5. **University of Georgia, Athens, USA**, projekt HARMONIA 7 (13.05.2016 - 12.05.2020), **K. Susek**, dotyczy analiz ewolucyjnych gatunków należących do rodzaju *Lupinus*.
6. **University of Helsinki, Finlandia**, Memorandum of Understanding (30.04.2015 – 29.04.2020). Wymiana naukowców i studentów, współpraca w dziedzinie nauk rolniczych i inżynierii biomolekularnej.
7. **Institute for Genomic Biology, University of Illinois, Urbana-Champaign, USA**, Agreement for Co-operation and Transfer of Materials No. 091594, (01.08.2018 - 31.07.2021) Współpraca w ramach realizacji projektu ROGUE, No. DOE DESC0018254, w tym staż podoktorski **J. Cerazy-Waliszewskiej** i **K. Sobańskiej**. Transformacja miskanta i innych roślin energetycznych dla potrzeb zwiększenia produkcji biomasy.

#### *Współpraca prowadzona bez formalnych umów*

**Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Golm, Niemcy**; L. Willmitzer, A. Skiryicz / **A. Kosmala, D. Perlikowski, K. Lechowicz** analiza ilościowa i jakościowa glicerolipidów i metabolitów pierwotnych u traw kompleksu *Lolium-Festuca* w warunkach deficytu wody; 1 publikacja (2020)

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

**Institute of Biological and Health Sciences, Department of Pharmaceutical Sciences of the Federal Rural University of Rio de Janeiro, Brazylia**; D. Chaves / **P. Kachlicki**; współpraca w zakresie analizy roślinnych i zwierzęcych metabolitów wtórnych; wspólna publikacja Epifanio NMM, et al. (2020) Chemical characterization and antioxidant activity *in vivo* of parsley (*Petroselinum crispum*) aqueous extract. Food & Function 11, 5346-5356; doi: 10.1039/D0FO00484G

**Department of Agriculture and Food Western Australia, Perth, Australia, H. Yang / M. Książkiewicz;** wspólna publikacja „Molecular marker resources supporting the Australian lupin breeding program” w „The Lupin Genome”, 73-86, seria „Compendium of Plant Genomes”.

**Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation (CSIRO), Perth Australia, K. Singh, L. Kamphuis, M. Nelson / M. Książkiewicz;** współpraca w ramach przygotowywania publikacji „Molecular marker resources supporting the Australian lupin breeding program” w „The Lupin Genome”, 73-86, seria „Compendium of Plant Genomes”.

**Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation (CSIRO), Perth Australia, K. Singh, L. Kamphuis, M. Nelson / B. Naganowska;** współpraca w ramach przygotowywania publikacji „Cytomolecular insight into *Lupinus* genomes” w „The Lupin Genome”, 45-52, seria „Compendium of Plant Genomes”.

**University of Western Australia, Perth, Australia, M. Nelson, M. Iqbal / M. Książkiewicz, P. Plewiński;** wymiana materiałów roślinnych, wspólne prowadzenie badań, współpraca w ramach projektu MRiRW „Cecha wczesności kwitnienia u łubinu białego i łubinu żółtego - podstawy genetyczne i molekularne” HOR hn-801-8/14 zad. 39; 2014-01-01/2020-12-31, złożony projekt SONATA-BIS, złożony projekt OPUS.

**Centro di Ricerca per le Produzioni Foraggere e Lattiero Casearie, Lodi, Włochy, P. Annicchiarico, B. Ferrari, N. Nazzicari / M. Książkiewicz, S. Rychel-Bielska, P. Plewiński;** wymiana materiałów roślinnych, wspólne prowadzenie badań, współpraca w ramach projektu NCN SONATINA 3 „Geny zaangażowane w odpowiedź na wernalizację i fotoperiod u łubinu białego (*Lupinus albus* L.)” oraz projektu MRiRW „Cecha wczesności kwitnienia u łubinu białego i łubinu żółtego - podstawy genetyczne i molekularne” HOR hn-801-8/14 zad. 39; 2014-01-01/2020-12-31, złożony projekt SONATA-BIS, złożony projekt OPUS, wspólne publikacje „Development of PCR-based markers and whole-genome selection model for anthracnose resistance in white lupin (*Lupinus albus* L.)” w Journal of Applied Genetics i „A high-throughput phenotyping tool to identify field-relevant anthracnose resistance in white lupin” w Plant Disease.

**Centre National de la Recherche Scientifique, Biochimie et Physiologie Moléculaire des Plantes, Montpellier, Francja, B. Peret / M. Książkiewicz, S. Rychel-Bielska;** wymiana informacji o sekwencji genomu łubinu białego, złożony projekt SONATA-BIS.

**Department of Crop Sciences, Research Institute of Organic Agriculture (FiBL), Frick, Switzerland, J. Alkemade / M. Książkiewicz;** współpraca w ramach badań nad odpornością łubinu białego, na antraknozę, wspólna publikacja „A high-throughput phenotyping tool to identify field-relevant anthracnose resistance in white lupin” w Plant Disease.

**Institute of Experimental Botany of the Czech Academy of Sciences, Centre of the Region Hana for Biotechnological and Agricultural Research, Olomouc, Czechy, J. Doležel, D. Šimoníková, E. Hřibová / W. Bielski, B. Naganowska, M. Książkiewicz,** wspólne prowadzenie badań, wspólna publikacja “The puzzling fate of a lupin chromosome revealed by reciprocal oligo-FISH and BAC-FISH mapping” w Genes.

**Institute for Genomic Biology, University of Illinois, Urbana-Champaign, USA, S. Long / T. Pniewski.** Temat: Transformacja miskanta i innych roślin energetycznych dla potrzeb zwiększenia produkcji biomasy. Efekty: i/ wspólna realizacja projektu ROGUE, No. DOE DE-SC0018254; ii/ staż podoktorski dr inż. J. Ceraży-Waliszewskiej oraz dr K. Sobańskiej; iii/ doniesienie konferencyjne (plakat) K. Sobańska et al. “Toward transgenic sustainable



productivity increases in *Miscanthus × giganteus*” Genomic Sciences Program Annual Principal Investigator (PI) Meeting, 24-26.02.2020, Waszyngton.

**Universidad Autónoma de San Luis Potosi, San Luis Potosi, Meksyk, B. Ortega Berlanga / T. Pniewski.** Temat: Optimisation of components of plant-derived injection-oral vaccine for prevention and therapy of chronic hepatitis B. Immunogenicity of plant-produced chimeric Virus-Like Particles formed by HBcAg displaying HBsAg epitopes for potential therapy of chronic hepatitis. Efekty: wniosek o stypendium NAWA – ULAM2020, wniosek projektowy NCN – POLS.

**University of Perugia, Włochy, L. Covarelli, G. Beccari / Ł. Stępień, M. Urbaniak,** analiza filogenetyczna szczepów *F. verticillioides* z krajów śródziemnomorskich; efekt – publikacja Beccari et al., 2020, Microorganisms.

**Universite Libre de Tunis, Tunezja, S. Oueslati / Ł. Stępień;** analiza aktywności enzymatycznych enzymów litycznych wytwarzanych przez grzyby *Fusarium* patogeniczne względem roślin grochu; efekt – publikacja Perincherry et al., 2020, Pathogens.

**Wageningen University & Research, Wageningen, Niderlandy, R. Wehrens / P. Krajewski, G. Koczyk, H. Ćwiek-Kupczyńska, Justyna Lalak-Kańczugowska;** Złożenie aplikacji projektowej do programu Horizon 2020 Framework Programme, call: H2020-NMBP-TR-IND-2020-twostage, projekt 952843 — MOCCASIN “Multi-omics for crop phenotype prediction across environments”; projekt zakwalifikowany do drugiej rundy konkursu.

**Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Gatersleben, Niemcy, K. Neumann / P. Krajewski, M. Mokrzycka;** złożenie aplikacji projektowej do konkursu NCN OPUS 20 (LAP), wniosek nr 499148 “Prediction-based normalization for developmental heterochrony in parallel molecular-level and phenomic studies in plants”.

**Uniwersytet Pavla Jozefa Šafárika, Koszyce, Słowacja, D. Klein / M. Mokrzycka,** wspólne publikacje.

**Uniwersytet w Amsterdamie, Niderlandy, M. Stam / P. Krajewski,** wspólna publikacja na temat metod analizy danych NGS.

**The Food Analysis and Food Technology Laboratory of the Department of Agricultural and Food Sciences (DISTAL) of the Alma Mater Studiorum-Università di Bologna, Włochy, M. T. Rodriguez-Estrada, A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa.** Jakościowo-ilościowe oznaczenie zawartości lipidów w wybranych liniach jęczmienia poddanych działaniu różnych stresów abiotycznych – wspólny projekt badawczy.

**Department of Agricultural, Forest and Food Sciences DISAFA, University of Turin, Włochy, V. Cardenia, A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa** Jakościowo-ilościowe oznaczenie zawartości lipidów w wybranych liniach jęczmienia poddanych działaniu różnych stresów abiotycznych – wspólny projekt badawczy.

**The Plant Accelerator – School of Agriculture, Food and Wine at the University of Adelaide, Australia, B. Berger, A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa.** Doświadczenia wykorzystujące platformę fenotypowania poprzez analizę obrazu, mające na celu poznanie różnic fenotypowych w całym okresie wegetacji wybranych genotypów jęczmienia jarego – wspólny projekt badawczy.

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

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

**Institute for Plant Molecular and Cell Biology, Polytechnic University of Valencia, Hiszpania, E. C. Bergua, A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa.** Pomiary zawartości fitohormonów w badanych genotypach jęczmienia jarego poddanych stresowi niedoboru wody – wspólny projekt badawczy.

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

**Czech University of Life Sciences, Faculty of Agrobiological Sciences, Department of Plant Protection, Praha-Suhbát, Czechy; P. Ryšánek / M. Jędrzycka;** złożenie wspólnego projektu badawczego, konkurs H2020-SFS-2018-2020(Sustainable Food Security), temat: SFS-05-2018-2019-2020, typ projektu: RIA (Research and Innovation Action), nr zgłoszenia: SEP-210650842, ID: 101000701-1akronim: BrassClub.

**Technical University, Dresden, Niemcy, J. Ludwig-Muller / M. Jędrzycka,** kierownik złożonego wspólnego projektu badawczego ITN: Innovative Training Networks (ITN), konkurs: H2020-MSCA-ITN-2020; akronim EuroClub.

**University of Turin, Department of Agricultural, Forest and Food Sciences DISAFA, Turyn, Włochy, V. Cardenia / M. Jędrzycka;** współpromotorstwo pracy doktorskiej F. Bakro, obrona pracy 29 września 2020 r.

**ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto, Włochy; F. Cellini / M. Jędrzycka;** złożenie projektu EPPN2020 ID 459, akronim: PhenoHEMP: The shape and development of above and belowground parts of monoecious oilseed hemp plants grown under different soil parameters and water supply.

**Scottish Rural University College (SRUC), Edinburgh, Wielka Brytania, Neil Havis / M. Jędrzycka,** złożenie wspólnego projektu badawczego Konkurs: H2020-SFS-2018-2020 (Sustainable Food Security) Temat: SFS-05-2018-2019-2020, Typ: RIA Typ: RIA (Research and Innovation Action), Nr zgłoszenia: SEP-210643200; akronim: DISBAR.

**National Agri-Food Biotechnology Institute, Mohali, Indie, S. Tiwari / P. Kumar,** Genome editing mediated by CRISPR/Cas9: tools, experimental design and applications, projekt NAWA.

**Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Production, Gatersleben, Niemcy, A. Börner / W. Rybiński;** Analiza zmienności fenotypowej i genetycznej materiałów

kolekcyjnych gatunków z rodzaju *Lathyrus*, *Vicia*, *Cicer* i *Lens* (publikacja w Legume Research w 2020 roku).

**University of Verona, Werona, Włochy**, M. Delledonne/ **K. Susek**; sekwencjonowanie genomu łubinu w ramach projektu HARMONIA 7.

## WYMIANA OSOBOWA

### *Wizyty gości zagranicznych*

**Dr Mona Arafa Ibrahim**, Medicinal and Aromatic Plant Department, Pharmaceutical and Drug Industries Research Division, National Research Centre (NRC), Cairo, Egypt; 15.10.2019 - 15.02.2020; osoba przyjmująca - P. Kachlicki. Cel: analizy metabolitów wtórnych roślin Egiptu i Sudanu wykorzystywanych w medycynie ludowej tych krajów; wspólne publikacje w przygotowaniu.

**Lili Toth, University of Debrecen, Hungary**, 01.10.20 - 15.01.2021; osoba przyjmująca - Ł. Stępień. Cel: izolacja i identyfikacja grzybów *Fusarium* zasiedlających kłosa pszenicy w warunkach zmiennej agrotechniki.

### *Wizyty uczonych z placówek krajowych*

**Dr hab. Piotr Waligórski**, Instytut Fizjologii Roślin PAN w Krakowie przebywał w IGR w dniach 12-18.10.2020; osoba przyjmująca – P. Kachlicki. Cel: przeprowadzenie doświadczenia UPLC-MS z próbkami metabolitów roślinnych z kilku eksperymentów (próbki z galasów i liści dębu; łubinu wąskolistnego poddanego opryskom krzemianem i fosforanem oraz z rzepaku).

### *Wyjazdy krótkoterminowe*

**J. Camilo Ochoa Cabezas, S. Mukhopadhyay, W. Truman** – 01.01.2020 – 04.01.2020, **Department of Chemical Biology and Genetics, Palacky University, Faculty of Science, Centre of the Region Hana for Biotechnological and Agricultural Research, Olomouc, Czech Republic**; N. de Diego Sanches i L. Spichal, Chemical Biology; Cel: trzymiesięczny staż związany z prowadzeniem oznaczeń fenomicznych dla roślin *A. thaliana* po infekcji *P. brassicae*.

### *Wyjazdy długoterminowe*

**D. Kruszka** – stypendium Narodowej Agencji Wymiany Akademickiej w ramach Programu im. Iwanowskiej na długoterminowy pobyt w **Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research w Gatersleben, Niemcy**. Sześciomiesięczny staż w terminie 1.11.2020 - 30.04.2021; prace nad bioinformatyczną analizą danych lipidomicznych z doświadczeń z dużymi populacjami roślinnych materiałów genetycznych.

**K. Sobańska** - staż długoterminowy, 23.04.2019 - 15.05.2020, **Institute for Genomic Biology, University of Illinois, Urbana-Champaign, USA**, S. Long. Cel: staż doktorski, realizacja projektu ROGUE "Renewable oil generated with ultra-productive energycane", związana gł. z modyfikacjami genetycznymi miskańta dla potrzeb zwiększenia efektywności fotosyntezy oraz opracowaniem metody regeneracji z tkanek wegetatywnych.

**J. Majka** – staż doktorski, długoterminowy 12.02-2020 - 31.12.2021, **Institute of Experimental Botany AS CR, Centre of Structural and Functional Genomics, Olomouc, Czechy**; D. Kopecký, J. Doležel; cel wyjazdu: uczestnictwo w projekcie UEB CAS, nr 20-10019S: Genomic dominance as a force shaping evolution of plant wide

hybrids. Projekt dotyczy analizy procesów i ich mechanizmów, związanych z dominacją (sub)-genomów u mieszańców m.in. *Festuca* × *Lolium*.

**M. Majka** – staż długoterminowy – post-doc, 12.02.2020 - 31.12.2020, **Centre of Plant Structural and Functional Genomics, Institute of Experimental Botany AS CR, Olomouc, Czechy**, M. Valarik.

## KONFERENCJE I SPOTKANIA NAUKOWE – ORGANIZACJA I UDZIAŁ

### *Konferencje*

**Multivariate and Mixed Linear Models, Będlewo & Online**, 2-6.11.2020, konferencja międzynarodowa, Komitet Organizacyjny: A. Markiewicz, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu; M. Mokrzycka, IGR PAN; Liczba uczestników: 23 osoby z 6 krajów.

### *Seminaria naukowe IGR PAN*

- „**Plants on brassinosteroids**” - **prof. dr hab. Wacław Orczyk** (Zakład Inżynierii Genetycznej, IHAR – PIB Radzików). 21.02.2020.
- „**Diversity and composition of the spring and winter wheat (*Triticum aestivum* L.) endophytic mycobiome under different management strategies**” - **dr Sylwia Salamon** (Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin IGR PAN). 22.05.2020.
- „**Multomics studies of barley genotypes varied in brassinosteroid signal transduction under optimal and drought conditions**” - **dr hab. Anetta Kuczyńska, prof. IGR PAN** (Zakład Biotechnologii IGR PAN). 19.06.2020.
- „**Tryptophan and sulfur metabolism in the immunity of Brassicaceae plant species**” - **prof. dr hab. Paweł Bednarek** (Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin IChB PAN). 30.10.2020.
- „**Screening natural variation in Arabidopsis to find genes involved in resistance, susceptibility and tolerance to clubroot disease**” - **dr William Truman** (Zakład Zintegrowanej Biologii Roślin IGR PAN). 13.11.2020.
- „**Transcriptomic inquiry into divergent Fabaceae**” - **dr Katarzyna Czyż** (Zakład Biometrii i Bioinformatyki IGR PAN). 11.12.2020.

### *Udział w krajowych i międzynarodowych konferencjach naukowych*

#### *Krajowe:*

III Ogólnopolska Konferencja „Biotechnologia niejedno ma imię”, Poznań, Polska, 21.11.2020; **A. Basińska-Barczak** (doniesienie ustne).

IV Konferencja Doktorantów PAN, online (MS Teams), 23.11.2020; **K. Mikołajczak** (doniesienie ustne).

60 Sesja Naukowa Instytutu Ochrony Roślin-PIB, Poznań, 11-13.02.2020; A. Brachaczek, **J. Kaczmarek**, L. Irzykowska, **M. Jędrzycka** (2020) Hamowanie wzrostu grzybnicy *Gaeumannomyces graminis* var. *tritici* w warunkach *in vitro*. 60 Sesja Naukowa Instytutu Ochrony Roślin-PIB. Streszczenia: 102 (plakat).

III Ogólnopolska Konferencja „Biotechnologia niejedno ma imię”, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu (konferencja online), 21.11.2020; **M. Jędrzycka**, „Aeromykologia i aeropalinologia w służbie badań rolniczych w Polsce” (wykład inauguracyjny na zaproszenie).

XLVI Konferencja Statystyka Matematyczna, Online, 30.11.2020-02.12.2020; **M. Mokrzycka**, doniesienie ustne „Aproksymacja macierzy kowariancji wybranymi strukturami w modelach podwójnie wielowymiarowych”.

*Międzynarodowe:*

15th European Conference on Fungal Genetics, Rzym, Włochy, 17-20.02.2020; S. Salamon (doniesienie ustne), **L. Błaszczyk** (plakat), **A. Basińska-Barczak** (plakat), **K. Mikołajczak** (plakat).

6th International Conference "Plant Abiotic Stress Tolerance", VISCEA, Wiedeń, Austria, 21-22.02.2020; **K. Lechowicz** (doniesienie ustne).

American Society of Plant Biologists Plant Biology Worldwide Summit, 27-31.07.2020; **S. Mukhopadhyay** (poster).

Genomic Sciences Program Annual Principal Investigator (PI) Meeting, Waszyngton, USA, 24-26.02.2020; **K. Sobańska** (plakat).

Canola Council of Canada (CCC), Clubroot Steering Committee, Edmonton, Kanada (konferencja online), 20.04.2020, **M. Jędryczka**, Clubroot in Poland. „What's new: pyramiding of resistance and mining the soil microbiome” (wykład na zaproszenie).

Konferencja naukowa European Federation of Food Science and Technology (EFFoST), 10-12.11.2020 (konferencja online); V. Cardenia, C. Cantele, M. Bertolino, **F. Bakro**, M. Giordano, G. Zeppa (2020). „Are hemp (*Cannabis sativa* L.) inflorescences capable of reducing lipid oxidation in bulk oil?” (plakat).

15th European Conference on Fungal Genetics, Rzym, Włochy, 17-20.02.2020, **G. Koczyk**, plakat „Parallel phylogenomic roadmapping - disentangling widespread HGTs and recombinations in the evolution of fungal macrolactone clusters” (Abstract book, pp. 232-233)

15th European Conference on Fungal Genetics, Rzym, Włochy, 17-20.02.2020, **M. Kawaliło**, plakat „Screening and annotation of potential benzenediol lactone producers among higher fungi” (abstract book, pp. 233-234).

Multivariate and Mixed Linear Models, Będlewo, 16-22.02.2020; **M. Mokrzycka**, doniesienie ustne „Covariance matrix identification: case study”.

Multivariate and Mixed Linear Models, Będlewo, 2-6.11.2020; **M. Mokrzycka**, członek komitetu organizacyjnego, doniesienie ustne „On the relation between power of the test and the choice of discrepancy”.

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

*Krajowe*

**D. Babula-Skowrońska** - wykład w ramach seminariów Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Poznaniu pt.: „Rzepak - poliploidalna roślina modelowa w badaniach zależności między strukturą genomu a funkcją genów i ich wpływem na programy hodowlane”, 22.01.2020.

**K. Susek** - referat na zaproszenie pt.: „Ewolucja genomów roślinnych: analiza porównawcza chromosomów łubinów”; SGGW, Wydział Ogrodnictwa, Biotechnologii i Architektury Krajobrazu, Katedra Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin, Warszawa, 24.01.2020.

**H. Ćwiek-Kupczyńska** - seminarium Mi2 Data Lab, WMiNI, Politechnika Warszawska (online), prezentacja ustna pt.: „Semantyczne modelowanie danych doświadczalnych”, 11.09.2020.

**M. Mokrzycka** - seminarium środowiskowe Katedry Metod Matematycznych i Statystycznych, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, prezentacja ustna pt.: „Block matrix approximation via entropy loss function and Frobenius norm”, 27.11.2020.

**W. Święcicki** - „Nowe metody i techniki dla ulepszania wartości odmian roślin strączkowych”. Webinarium: Rodzime białko roślinne, jako czynnik bezpieczeństwa białkowego kraju. UP Poznań 11.12.2020.

## LISTA PROJEKTÓW REALIZOWANYCH W 2020 r.

(Informacje: agencja finansująca; tytuł; numer; data rozpoczęcia; data zakończenia; kierownik projektu)

NCN; HARMONIA 7; Mechanizmy leżące u podstaw ewolucji genomów roślinnych, dywersyfikacji i specjacji; 2015/18/M/NZ2/00422; 2016-05-13; 2021-05-12; Susek Karolina

NCN; HARMONIA 8; Regulacja ekspresji genu półkarłowatości *sdw1/ denso* u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.) i jej związek z architekturą i fizjologią roślin; 2016/22/M/NZ9/00251; 2017-04-17; 2021-04-16; Krajewski Paweł

NCN; MINIATURA 3; Badania pilotażowe nowego mechanizmu regulacji niskiej zawartości alkaloidów w nasionach łubinu wąskolistnego, poprzez powiązanie poziomu ekspresji genów szlaku biosyntezy alkaloidów z akumulacją tych związków w poszczególnych organach rośliny; 2019/03/X/NZ1/02009; 2019-12-21; 2021-04-20; Kroc Magdalena

NCN; MINIATURA 3; Ocena wzrostu i fotosyntezy dwóch rodzajów sadzonek wybranych ekotypów *Miscanthus × giganteus* w warunkach stresu zanieczyszczenia gleby arsenem; 2019/03/X/NZ9/00064; 2019-11-07; 2021-03-06; Cerazy-Waliszewska Joanna

NCN; MINIATURA 4; Identyfikacja wysokocząsteczkowych (HMW-GS) i niskocząsteczkowych podjednostek gluteninowych (LMW-GS) oraz wstępna ocena jakościowa ziarna pszenjęczmienia (*Tritordeum*); 2020/04/X/NZ9/02217; 2020-12-11; 2021-12-10; Franaszek Sławomir

NCN; OPUS 9 „Wpływ stresów abiotycznych na poziom ekspresji genu *LTP2* w odniesieniu do lipidomu i fenomu u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.)”, nr 2015/17/B/NZ9/01481, 2016-01-20; 2020-01-19; Kuczyńska Anetta

NCN; OPUS 10; Molekularne podstawy reakcji pszenicy (*Triticum aestivum* L.) na kolonizację korzeni przez gatunki *Trichoderma*; 2015/19/B/NZ9/03083; 2016-06-23; 2020-06-22; Błaszczak Lidia

NCN; OPUS 10; Zrozumienie roli zależnych od chityny odpowiedzi obronnych roślin podczas infekcji *Plasmodiophora brassicae*; 2015/19/B/NZ3/01489; 2016-06-20; 2021-06-19; Truman William

NCN; OPUS 11; HyperNano: Badanie zmian metabolizmu wtórnego u *Hypericum perforatum* pod wpływem nanocząsteczek poprzez zastosowanie zintegrowanego podejścia i technologii "omics"; 2016/21/B/ NZ9/01980; 2017-01-12; 2021-12-11; Gregory Franklin

NCN; OPUS 11; Rola transportu floemowego w adaptacji grochu do warunków niedoboru wody; 2016/21/B/NZ9/02020; 2017-01-12; 2021-07-11; Malinowski Robert



NCN; OPUS 11; Geneza i rozpowszechnienie zdolności do biosyntezy oraz metabolizmu makrolaktonów wśród grzybów wyższych; 2016/21/B/NZ9/01875; 2017-03-07; 2022-03-06; Koczyk Grzegorz

NCN; OPUS 12; Wyjaśnianie współdziałania hormonów i jego roli w kształtowaniu architektury roślin jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.); 2016/23/B/NZ9/03548; 2017-09-06; 2021-09-05; Kuczyńska Anetta

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

NCN; OPUS 12; Hyperisyn: Zastosowanie innowacyjnych narzędzi badawczych do poznania sieci molekularno-genetycznych uwarunkowań szlaku biosyntezy hiperycyny; 2016/23/B/NZ9/02677; 2017-07-03; 2021-07-02; Gregory Franklin

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

NCN; OPUS 13; Role enzymów litycznych i mykotoksyn wytwarzanych przez grzyby *Fusarium* w procesie patogenezy; oraz metabolitów odpowiedzialnych za odpowiedź obronną roślin; 2017/25/B/NZ9/01210; 2018-02-09; 2022-02-08; Stępień Łukasz

NCN; OPUS 13; HyperAgro: Interakcja *Hypericum-Agrobacterium* jako model pozwalający zrozumieć zjawisko obrony związanej z patogenezą u roślin opornych na transformację; 2017/25/B/NZ9/00720; 2018-02-07; 2022-02-06; Gregory Franklin

NCN; OPUS 14; Dynamika mykobioty endosfery pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) i jej wpływ na wzrost i kondycję rośliny; 2017/27/B/NZ9/01591; 2018-06-29; 2021-06-28; Błaszczuk Lidia

NCN; OPUS 15; Funkcja białka jądrowego StBBX20 w regulacji czasu kwitnienia i tuberyzacji u ziemniaka uprawnego; 2018/29/B/NZ9/01457; 2019-03-01; 2022-02-28; Kielbowicz-Matuk Agnieszka

NCN; OPUS 17; Waskularna koordynacja długodystansowa u roślin porażonych przez *Plasmodiophora brassicae*; 2019/33/B/NZ9/00751; 2020-02-05; 2023-02-04; Malinowski Robert

NCN; OPUS 18; Melatonina jako nadrzędny czynnik w kształtowaniu architektury korzenia i adaptacji do suszy przez regulację współdziałania fitohormonów u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.); 2019/35/B/NZ9/00208; 2020-07-27; 2023-07-26; Kuczyńska Anetta

NCN; OPUS 18; Architektura genetyczna nasion: ewolucyjne podejście do identyfikacji molekularnych podstaw zmienności fenotypowej u roślin strączkowych (łubinu białego i fasoli zwyczajnej); 2019/35/B/NZ8/04283; 2020-07-20; 2024-07-19; Susek Karolina

NCN; OPUS 18; Wpływ płci żywiciela na odpowiedź immunologiczną i protekcję po doustnej immunizacji proteazą cysteinową *Fasciola hepatica* i zarażeniu tym pasożytem; 2019/35/B/NZ6/04002; 2020-09-10; 2024-09-09; Kęsik Małgorzata - IChP; Pniewski Tomasz - IGR

NCN; OPUS 19; Odpowiedź immunologiczna po iniekcyjno-doustnej koimmunizacji antygenami HBV pochodzenia roślinnego polaryzującymi odpowiedź w kierunku Th1 lub Th2, w kontekście potencjalnej terapii chronicznego wzwb; Pniewski Tomasz (konsorcjum z Instytutem Chemii Przemysłowej Sieć Badawcza Łukasiewicz oraz Instytutem Parazytologii PAN)

NCN; PRELUDIUM 11; Semantyczne porównywanie zasobów danych ilościowych; 2016/21/N/ST6/02358; 2017-02-24; 2020-08-23; Ćwiek-Kupczyńska Hanna

NCN; PRELUDIUM 13 „Analiza molekularnych mechanizmów mrozoodporności u form introgresywnych *Lolium multiflorum/Festuca arundinacea*”, nr 2017/25/N/NZ9/00001, 2018-02-01; 2020-01-31; Augustyniak Adam

NCN; PRELUDIUM 13 ; Zmienność potencjału biosyntezy depsipeptydów pod wpływem czynników regulacyjnych wśród przedstawicieli fito- i entomopatogenów u *Hypocreales*; 2017/25/N/NZ9/02525; 2018-02-21; 2021-02-20; Urbaniak Monika

NCN; PRELUDIUM 15 ; Wpływ zmian w profilu ekspresji genów kodujących białka CesaA, PAL i WAK podczas stresu chłodu na skład i strukturę ściany komórkowej *Miscanthus sinensis*; 2018/29/N/NZ9/00854; 2019-01-02; 2022-01-01; Sobańska Karolina

NCN; PRELUDIUM 17; Zastosowanie techniki edycji genomu CRISPR/Cas9 w celu charakterystyki genów odporności na kiłę kapusty u *Arabidopsis thaliana*; 2019/33/N/NZ9/01048; 2020-03-16; 2022-03-15; Ochoa Cabezas Juan Camilo

NCN SONATA 9; „Metabolomiczne i proteomiczne aspekty konserwatywnych mechanizmów odpowiedzi roślin z rodziny Poaceae na fuzariozę kłosów”, 2015/17/D/NZ9/03347, 2016-03-09; –2020-03-08, Piasecka Anna

NCN; SONATA 11; Dynamika zmian genomu w ewolucji i utrzymaniu zdolności symbiotycznego wiązania azotu; w świetle starych ewolucyjnie linii roślin strączkowych; 2016/21/D/NZ8/01300; 2017-03-03; 2022-03-02; Czyż (Wyrwa) Katarzyna

NCN; SONATA 12; Czynniki transkrypcyjny HvGAMYB w regulacji kwitnienia i jego związek z odpowiedzią fotoperiodyczną w warunkach stresu suszy u jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.) ; 2016/23/D/NZ9/00042; 2017-08-10; 2021-08-09; Ogrodowicz Piotr

NCN; SONATA 12 ; Zmiany ekspresji genów na poziomie całego genomu liścia flagowego jęczmienia pod wpływem stresów abiotycznych działających symultanicznie; 2016/23/D/NZ9/00043; 2017-08-10; 2021-08-09; Mikołajczak Krzysztof

NCBiR; LIDER; Wykorzystanie inżynierii chromosomowej w celu efektywnego transferu segmentów chromosomów nieuprawnych gatunków kozińców (*Aegilops* sp.)

zawierających geny odpowiedzialne za odporność/ tolerancję na choroby wywoływane przez grzyby patogeniczne do pszenżyta uprawnego ( $\times$  *Triticosecale* Wittmack); LIDER/0004/L-8/2016; 2018-02-01; 2021-01-31; Kwiatek Michał

NCBiR; BIOSTRATEG; Zintegrowana strategia dla reaktywacji polskiej hodowli pszenicy heterozyjnej (Akronim: HYBRE); BIOSTRATEG3/343665/6/NCBR/2017; 2017-08-21; 2021-08-20; Krajewski Paweł (IGR), Malepszy Stefan (SGGW)

MRiRW; Wykorzystanie markerów molekularnych i fenotypowych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła powodowaną przez *Oculimacula yallundae* i *O. acufornis*; HOR hn-801-8/14 zad. 2; 2014-01-01; 2020-12-31; Wiśniewska Halina

MRiRW; Badania nad wpływem translokacji 1B/1R na efektywność uzyskiwania linii DH pszenicy oraz ich wartość technologiczną; HOR hn-801-8/14 zad. 3; 2014-01-01; 2020-12-31; Adamski Tadeusz

MRiRW; Badanie typów odporności pszenżyta ozimego na fuzariozę kłosów za pomocą markerów fenotypowych i metabolicznych; HOR hn-801-8/14 zad. 14; 2014-01-01; 2020-12-31; Wiśniewska Halina

MRiRW; Identyfikacja genów związanych z ekspresją zimotrwałości i tolerancji suszy u form introgressywnych *Lolium multiflorum*/*Festuca arundinacea*; HOR hn-801-8/14 zad. 35; 2014-01-01; 2020-12-31; Kosmala Arkadiusz

MRiRW; Cecha wczesności kwitnienia u łubinu białego i łubinu żółtego - podstawy genetyczne i molekularne; HOR hn-801-8/14 zad. 39; 2014-01-01; 2020-12-31; Wolko Bogdan; Książkiewicz Michał

MRiRW; Identyfikacja rejonów w genomie grochu; warunkujących wybrane parametry sprawności fizjologicznej; jako istotnego elementu odporności na stresy abiotyczne; HOR hn-801-8/14 zad. 40; 2014-01-01; 2020-12-31; Świącicki Wojciech

MRiRW; Identyfikacja i sposób dziedziczenia genów warunkujących odporność na choroby grzybowe i niską zawartość alkaloidów w doskonaleniu wartości użytkowej łubinów, ze szczególnym uwzględnieniem łubinu żółtego; HOR hn-801-8/14 zad. 41; 2014-01-01; 2020-12-31; Świącicki Wojciech

MRiRW; Analiza zmienności genetycznej i piramidyacja genów warunkujących cechy użytkowe łubinu białego; HOR hn-801-8/14 zad. 42; 2014-01-01; 2020-12-31; Rybiński Wojciech

MRiRW; Zastosowanie konwencjonalnych i molekularnych narzędzi fitopatologicznych w poszukiwaniu źródeł odporności na kiłę kapusty oraz charakterystyka aktualnej populacji patogenu w Polsce; HOR hn-801-8/14 zad. 50; 2014-01-01; 2020-12-31; Jędrzycka Małgorzata

MRiRW; Wpływ stresu niedoboru wody na rozwój i architekturę systemu korzeniowego u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.); HOR hn-801-8/14 zad. 106; 2018-01-01; 2020-12-31; Kuczyńska Anetta

Horyzont 2020; Coordination and Support Action (EU H2020-ERACChairs); The Creation of the Department of Plant Nanotechnology to Maximise the Impact of the ERA Chair Culture on the IPG PAS (Akronim: NANOPLANT); 856961; 2019-09-01; 2024-08-31; Gregory Franklin

Horyzont 2020; H2020-INFRAIA-2016-1; European Plant Phenotyping Network 2020 (Akronim: EPPN2020); 731013; 2017-05-01; 2021-04-30; Krajewski Paweł (IGR), Tardieu Francois (INRA; Francja)

Horyzont 2020; INCREASE - Intelligent Collections of Food Legumes Genetic Resources for European Agrofood Systems; 862862; 2020-05-01; 2025-05-01; Susek Karolina (IGR), Papa Roberto (Universita Politecnica delle Marche; Włochy)

EU COST Action (The European Cooperation in Science and Technology); EPI-CATCH - EPIgenetic mechanisms of Crop Adaptation To Climate cHange; EU CA19125; 2020-09-17; 2024-09-16; Susek Karolina (IGR), Martinelli Federico (University of Florence, Włochy)

Rada Ministrów; Wieloletni Program Rządowy; Nowe metody i techniki dla ulepszenia wartości odmian roślin strączkowych; HOR zg 8423/2/2016; 2016-01-01; 2020-12-31; Święcicki Wojciech

Rada Ministrów; Wieloletni Program Rządowy; Prowadzenie kolekcji zasobów genowych marginalnych roślin strączkowych gruboziarnistych; RM-111-29-15; 2015-07-14; 2020-11-20; Rybiński Wojciech

NAWA; Stypendia w Programie im. Wilhelminy Iwanowskiej; Closing the gap between predicted and observed complexity of rapeseed; 2020-11-01; 2021-04-30; Kruszką Dariusz

FNP; START; Stypendium dla młodych uczonych START; START 52.2019; 2019-07-01; 2020-06-30; Majka Maciej

## WYKAZ PUBLIKACJI

### Artykuły w czasopismach naukowych

Lp.	Autorzy - Tytuł	Impact Factor	Punkty MNiSW
1.	Romera-Branchat M., Severing E., Pocard Ch., Ohr H., Vincent C., Née G., Martinez-Gallegos R., Jang S., Andrés F., <b>Madrigal P.</b> , Coupland G. (2020) Functional divergence of the <i>Arabidopsis</i> florigen-interacting bZIP transcription factors FD and FDP. Cell Reports 31 (9): 107717. DOI: 10.1016/j.celrep.2020.107717	8,109	200
2.	<b>Selvakesavan R.K., Franklin G.</b> (2020) Nanoparticles affect the expression stability of housekeeping genes in plant cells. Nanotechnology, Science and Applications, 13: 77-88. DOI: 10.2147/NSA.S265641	7,42	200
3.	Marslin G., Khandelwal V., <b>Franklin G.</b> (2020) Cordycepin nanoencapsulated in poly(lactic-co-glycolic acid) exhibits better cytotoxicity and lower hemotoxicity than free drug. Nanotechnology, Science and Applications 13: 37-45. DOI: 10.2147/NSA.S254770	7,42	200
4.	Pytlak A., Kasprzycka A., Szafranek-Nakoneczna A., Grządziel J., Kubaczyński A., Proc K., Onopiuk P., Walkiewicz A., Polakowski C., Gałązka A., <b>Lalak-Kańczugowska J.</b> , Stępniewska Z., Bieganowski A. (2020) Biochar addition reinforces microbial interspecies cooperation in methanation of sugar beet waste (pulp). Science of The Total Environment. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2020.138921	6,551	200
5.	<b>Kruszka D., Sawikowska A., Selvakesavan R.B., Krajewski P., Kachlicki P., Franklin G.</b> (2020) Silver nanoparticles affect phenolic and phytoalexin composition of <i>Arabidopsis thaliana</i> . Science of the Total Environment 716: 135361. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2019.135361	6,551	200
6.	<b>Pradeep M., Kachlicki P., Franklin G.</b> (2020) Simultaneous determination of naphthodianthrones, emodin, skyrin and new bisanthrones in <i>Hypericum perforatum</i> L. <i>in vitro</i> shoot cultures. Industrial Crops & Products 144: 112003. DOI: 10.1016/j.indcrop.2019.112003	4,244	200
7.	Mitros T., Session A.M., James B.T., Wu G.A., Belaffif M.B., Clark L.V., Shu S., Dong H., Barling A., Holmes J.R., Mattick J.E., Bredeson J.V., Liu S., Farrar K., <b>Głowacka K., Jeżowski S.</b> , Barry K., Chae W.B., Juvik J.A., Gifford J., Oladeinde A., Yamada T., Grimwood J., Putnam, N.H., De Vega J., Barth S., Klaas M., Hodgkinson T., Li L.r, Jin X. (2020) Genome biology of the paleotetraploid perennial biomass crop <i>Miscanthus</i> . Nature Communications 11 (1): 5442. DOI: 10.1038/s41467-020-18923-6	12,121	200
8.	Papoutsoglou E. A., Faria D., Arend D., Arnaud Ioannis E. N., Chaves A. I., Coppens F., Cornut G., Costa B. V., <b>Ćwiek-Kupczyńska H.</b> , Driesbeke B., Finkers R., Gruden K., Junker A., King G. J., <b>Krajewski P.</b> , Lange M., Laporte M. A., Michotey C., Oppermann M., Ostler R., Poorter H., Ramírez- Gonzalez R., Ramšak Ž., Reif J. C., Rocca- Serra Ph., Sansone S. A., Scholz U., Tardieu F., Uauy C., Usadel B., Visser R. G. F., Weise S., Kersey P. J., Miguel C. M., Adam-Blondon A. F., Pommier C. (2020) Enabling reusability of plant phenomic datasets with MIAPPE 1.1. New Phytologist.227: 260-273. DOI: 10.1111/nph.16544	8,512	140
9.	<b>Plewiński, P., Ćwiek-Kupczyńska H., Rudy E., Bielski W., Rychel-Bielska S., Stawiński S., Barzyk P., Krajewski P., Naganowska B., Wolko B., Książkiewicz M.</b> (2020), Innovative transcriptome-based genotyping highlights	6,362	140

	environmentally responsive genes for phenology, growth and yield in a non-model grain legume. <i>Plant, Cell &amp; Environment</i> 43 (11): 2680-2698. DOI: 10.1111/pce.13880		
10	Kromdijk J., <b>Głowacka K.</b> , Long S. P. (2020) Unaffected photosynthetic efficiency and mesophyll conductance in <i>Arabidopsis thaliana</i> aquaporin knock-out lines. <i>Journal of Experimental Botany</i> 71 (1): 318–329. DOI: 10.1093/jxb/erz442	5,908	140
11	<b>Ćwiek-Kupczyńska H.</b> , Filipiak K., Markiewicz A., Rocca-Serra Ph., Gonzalez-Beltran A. N., Sansone S. A., Millet E. J., Fred van Eeuwijk, Ławrynowicz A., <b>Krajewski P.</b> (2020) Semantic concept schema of the linear mixed model of experimental observations. <i>Scientific Data</i> 7: 70. DOI: 10.1038/s41597-020-0409-7	5,541	140
12	<b>Basińska-Barczak A.</b> , <b>Błaszczuk L.</b> , Szentner K. (2020) Plant cell wall changes in common wheat roots as a result of their interaction with beneficial fungi of <i>Trichoderma</i> . <i>Cells</i> 9: 2319. DOI: 10.3390/cells9102319	4,366	140
13	Ratajczak K., Sulewska H., <b>Błaszczuk L.</b> , <b>Basińska-Barczak A.</b> , <b>Salamon S.</b> , <b>Mikołajczak K.</b> , Szymańska G., Dryjański L. (2020) Growth and photosynthetic activity of selected spelt varieties ( <i>Triticum aestivum</i> ssp. <i>spelta</i> L.) cultivated under drought conditions with different endophytic core microbiomes. <i>International Journal of Molecular Sciences</i> 21: 7987. DOI:10.3390/ijms21217987	4,556	140
14	<b>Piasecka A.</b> , <b>Sawikowska A.</b> , <b>Kuczyńska A.</b> , <b>Ogrodowicz P.</b> , <b>Mikołajczak K.</b> , <b>Krajewski P.</b> , <b>Kachlicki P.</b> (2020). Phenolic metabolites from barley in contribution to phenome in soil moisture deficit. <i>International Journal of Molecular Sciences</i> 21: 6032. DOI: 10.3390/ijms21176032	4,556	140
15	<b>Lechowicz K.</b> , <b>Pawłowicz I.</b> , <b>Perlikowski D.</b> , Arasimowicz-Jelonek M., <b>Blicharz S.</b> , Skiryz A., <b>Augustyniak A.</b> , <b>Malinowski R.</b> , Rapacz M., <b>Kosmala A.</b> (2020). Adjustment of photosynthetic and antioxidant activities to water deficit is crucial in the drought tolerance of <i>Lolium multiflorum</i> / <i>Festuca arundinacea</i> introgression forms. <i>International Journal of Molecular Sciences</i> 21(16): 5639. DOI: 10.3390/ijms21165639	4,556	140
16	Formela-Luboińska M., Remlein-Starosta D., Waśkiewicz A., Karolewski Z., Bocianowski J., <b>Stepień Ł.</b> , Labudda M., Jeandet P., Morkunas I. (2020) The role of saccharides in the mechanisms of pathogenicity of <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>lupini</i> in yellow lupine ( <i>Lupinus luteus</i> L.). <i>International Journal of Molecular Sciences</i> 21 (19): 7258. DOI: 10.3390/ijms21197258	4,556	140
17	<b>Augustyniak A.</b> , <b>Pawłowicz I.</b> , <b>Lechowicz K.</b> , Izbiańska-Jankowska K., Arasimowicz-Jelonek M., Rapacz M., <b>Perlikowski D.</b> , <b>Kosmala A.</b> (2020) Freezing tolerance of <i>Lolium multiflorum</i> / <i>Festuca arundinacea</i> introgression forms is associated with the high activity of antioxidant system and adjustment of photosynthetic activity under cold acclimation. <i>International Journal of Molecular Sciences</i> 21(16): 5899. DOI: 10.3390/ijms21165899	4,556	140
18	<b>Lechowicz K.</b> , <b>Pawłowicz I.</b> , <b>Perlikowski D.</b> , Arasimowicz-Jelonek M., <b>Majka J.</b> , <b>Augustyniak A.</b> , Rapacz M., <b>Kosmala A.</b> (2020) Two <i>Festuca</i> species - <i>F. arundinacea</i> and <i>F. glaucescens</i> - differ in the molecular response to drought, while their physiological response is similar. <i>International Journal of Molecular Sciences</i> 21(9): 3174, DOI: 10.3390/ijms21093174	4,556	140
19	<b>Czyż K.B.</b> , <b>Książkiewicz M.</b> , <b>Koczyk G.</b> , <b>Szczepaniak A.</b> , Podkowiński J., <b>Naganowska B.</b> (2020) A tale of two families: whole genome and segmental duplications underlie glutamine synthetase and phosphoenolpyruvate	4,556	140

	carboxylase diversity in narrow-leaved lupin ( <i>Lupinus angustifolius</i> L.). International Journal of Molecular Sciences 21 (7): 2580. DOI: 10.3390/ijms21072580		
20	Bukowska-Olech E., Popiel D., <b>Koczyk G.</b> , Sowińska-Seidler A., Socha M., Wojciechowicz B., Dawidziuk A., Larysz D., Jamsheer A. (2020) Adapting SureSelect enrichment protocol to the Ion Torrent S5 platform in molecular diagnostics of craniosynostosis. Scientific Reports 10 (1): 4159. DOI: 10.1038/s41598-020-61048-5	3,998	140
21	Doczekalska B., Bartkowiak M., Waliszewska B., Orszulak G., <b>Cerazy-Waliszewska J., Pniewski T.</b> (2020) Characterization of chemically activated carbons prepared from <i>miscanthus</i> and switchgrass biomass. Materials 13 (7): 1654. DOI: 10.3390/ma13071654	3,057	140
22	Skalska A., Stritt Ch., Wyler M., Williams H.W., Vickers M., Han J., Tuna M., Tuna G.S., <b>Susek K.</b> , Swain M., Wóycicki R.K., Chaudhary S., Corke F., Doonan J.H., Roulin A.C., Hasterok R., Mur L.A.J. (2020) Genetic and methylome variation in Turkish <i>Brachypodium distachyon</i> accessions differentiate two geographically distinct subpopulations. International Journal of Molecular Sciences 21 (18): 6700. DOI: 10.3390/ijms21186700	4,556	140
23	<b>Książkiewicz M., Rychel-Bielska S., Plewiński P., Nuc M., Irzykowski W., Jędrzycka M., Krajewski P.</b> (2020) The resistance of narrow-leaved lupin to <i>Diaporthe toxica</i> is based on the rapid activation of defense response genes, International Journal of Molecular Sciences, 22: 574. DOI: 10.3390/ijms22020574.	4,556	140
24	Lorenc W., <b>Kruszka D., Kachlicki P.</b> , Kozłowska J., Barańkiewicz D. (2020) Arsenic species and their transformation pathways in marine plants. Usefulness of advanced hyphenated techniques HPLC/ICP-MS and ESI-MS/MS in arsenic species analysis. Talanta 220: 121384. DOI: 10.1016/j.talanta.2020.121384	5,339	100
25	Cantele C., Bertolino M., <b>Bakro F.</b> , Giordano M., <b>Jędrzycka M.</b> , Cardenia V. (2020), Antioxidant effects of hemp ( <i>Cannabis sativa</i> L.) inflorescence extract in stripped linseed oil. Antioxidants 9 (11): 1131. DOI: 10.3390/antiox9111131	5,014	100
26	<b>Gomes C.</b> , Ferreira D., Carvalho J.P.F., Barreto C.A., Fernandes J., Gouveia M., Ribeiro F., Duque A.S., Vieira S.I. (2020) Current genetic engineering strategies for the production of anti- hypertensive ACEI peptides. Biotechnology & Bioengineering 17 (8): 2610-2628. DOI: 10.1002/bit.27373	4,002	100
27	<b>Rychel-Bielska S., Plewiński P., Kozak B., Galek R., Książkiewicz M.</b> (2020) Photoperiod and vernalization control of flowering-related genes: a case study of the narrow-leaved lupin ( <i>Lupinus angustifolius</i> L.). Frontiers in Plant Science 11: 572135. DOI: 10.3389/fpls.2020.572135	4,402	100
28	<b>Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Ćwiek-Kupczyńska H., Weigelt-Fischer K., Mothukuri S.R., Junker A., Altmann J., Krystkowiak K., Adamski T., Surma M., Kuczyńska A., Krajewski P.</b> (2020) Image phenotyping of spring barley ( <i>Hordeum vulgare</i> L.) RIL population under drought: selection of traits and biological interpretation. Frontiers in Plant Science 11: 743. DOI: 10.3389/fpls.2020.00743	4,402	100
29	Skowrońska R., Mariańska M., <b>Ulaszewski W.</b> , Tomkowiak A., Nawracała J., Kwiatek M. T. (2020) Development of <i>Triticale</i> × wheat prebreeding germplasm with loci for slow-rusting resistance. Frontiers in Plant Science 11: 447. DOI: 10.3389/fpls.2020.00447	4,402	100
30	<b>Witaszak N., Waśkiewicz, A., Bocianowski J., Stępień Ł.</b> (2020) Contamination of pet food with mycobiota and <i>Fusarium</i> mycotoxins-focus on dogs and cats. Toxins 12 I(2): 130.	3,895	100

	DOI: 10.3390/toxins12020130		
31	<b>Witaszak N., Lalak-Kańczugowska J.,</b> Waškiewicz A., <b>Stępień Ł.</b> (2020) The impacts of asparagus extract fractions on growth and fumonisins biosynthesis in <i>Fusarium proliferatum</i> . <i>Toxins</i> 12 (2): 95. DOI: 10.3390/toxins12020095	3,895	100
32	<b>Urbaniak M.,</b> Waškiewicz A., <b>Stępień Ł.</b> (2020) <i>Fusarium</i> cyclodepsipeptide mycotoxins: chemistry, biosynthesis, and occurrence. <i>Toxins</i> 12 (12): 765. DOI:doi.org/10.3390/toxins12120765	3,895	100
33	Pawełkiewicz M.E., Skarzyńska A., Sroka M., Szwacka M., <b>Pniewski T.,</b> Płader W. (2020) Effect of transgenesis on mRNA and miRNA profiles in cucumber fruits expressing thaumatin II. <i>Genes</i> 11 (3): 334. DOI: 10.3390/genes11030334	3,759	100
34	Bukowska-Olech E., Materna-Kiryłuk A., Walczak-Sztulpa J., Popiel D., Badura-Stronka M., <b>Koczyk G.,</b> Dawidziuk A., Jamsheer A. (2020) Targeted next-generation sequencing in the diagnosis of facial dysostoses. <i>Frontiers in Genetics</i> 11:580477. DOI: 10.3389/fgene.2020.580477	3,260	100
35	Epifanio N.M.M., Cavalcanti L.R.I., dos Santos K.F.P., Duarte S.C., <b>Kachlicki P.,</b> Ożarowski M., Riger C.J., Chaves D.S.A. (2020) Chemical characterization and in vivo antioxidant activity of parsley ( <i>Petroselinum crispum</i> ) aqueous extract. <i>Food &amp; Function</i> 11: 5346-5356. DOI: 10.1039/D0FO00484G	4,171	100
36	Lorenc W., Markiewicz B., <b>Kruszka D., Kachlicki P.,</b> Barałkiewicz D. (2020) Total versus inorganic and organic species of As, Cr and Sb in flavored and functional drinking waters. Analysis and risk assessment. <i>Molecules</i> 25: 1099. DOI:10.3390/molecules25051099	3,267	100
37	Kikowska M., <b>Kruszka D.,</b> Derda M., Hadas E., Thiem B. (2020) Phytochemical screening and acanthamoebic activity of shoots from <i>in vitro</i> cultures and in vivo plants of <i>Eryngium alpinum</i> L. - the endangered and protected species. <i>Molecules</i> 25 (6): 1416. DOI: 10.3390/molecules25061416	3,267	100
38	Buchwald W., Szulc M., Baraniak J., Derebecka N., Kania-Dobrowolska M., Piasecka A., Bogacz A., Karasiewicz M., Bartkowiak-Wieczorek J., Kujawski R., Gryszczyńska A., <b>Kachlicki P.,</b> Dreger M., Ożarowski M., Krajewska-Patan A., Górską-Pauksza M., Kamińska E., Mikołajczak P.Ł. (2020) The effect of different water extracts from <i>Platycodon grandiflorum</i> on selected factors associated with pathogenesis of chronic bronchitis in rats. <i>Molecules</i> 25 (21): 5020. DOI: 10.3390/molecules25215020	3,267	100
39	<b>Perincherry L.,</b> Ajmi Ch., Oueslati S., Waškiewicz A., <b>Stępień Ł.</b> (2020), Induction of <i>Fusarium</i> lytic enzymes by extracts from resistant and susceptible cultivars of pea ( <i>Pisum sativum</i> L.). <i>Pathogens</i> 9 (11): 976. DOI: 10.3390/pathogens9110976	3,018	100
40	<b>Urbaniak M.,</b> Waškiewicz A., Trzebny A., <b>Koczyk G., Stępień Ł.</b> (2020) Cyclodepsipeptide biosynthesis in <i>Hypocreales</i> fungi and sequence divergence of the non-ribosomal peptide synthase genes. <i>Pathogens</i> 9 (7): 552. DOI: 10.3390/pathogens9070552	3,018	100
41	Jakubowicz M., Nowak W., Gałgański Ł., <b>Babula-Skowrońska D.,</b> Kubiak P. (2020) Expression profiling of the genes encoding ABA route components and the ACC oxidase isozymes in the senescing leaves of <i>Populus tremula</i> . <i>Journal of Plant Physiology</i> 248: 153143. DOI: 10.1016/j.jplph.2020.153143	3,013	100
42	<b>Ogrodowicz P., Kuczyńska A., Mikołajczak K., Adamski T., Surma M., Krajewski P.,</b> Ćwiek-Kupczyńska H., <b>Kempa M.,</b> Rokicki M., Jasińska D. (2020) Mapping of quantitative trait loci for traits linked to fusarium head blight in barley. <i>PLoS ONE</i> 15(2): e0222375. DOI: 10.1371/journal.pone.0222375	2,740	100



43	<b>Salamon S., Mikołajczak K., Blaszczyk L.,</b> Ratajczak K., Sulewska H. (2020) Changes in root-associated fungal communities in <i>Triticum aestivum</i> ssp. <i>spelta</i> L. and <i>Triticum aestivum</i> ssp. <i>vulgare</i> L. under drought stress and in various soil processing. PLOS ONE 15(10): e0240037. DOI: 10.1371/journal.pone.0240037	2,740	100
44	Krótko K., Piętka T., Mikołajczyk K., Spasibionek S., Bartkowiak-Broda I., Michalski K., <b>Ćwiek-Kupczyńska H.,</b> Nowakowska J., Matuszczak M. (2020) Marker assisted selection of new high oleic and low linolenic winter oilseed rape ( <i>Brassica napus</i> L.) inbred lines revealing good agricultural value, PLOS ONE 15 (6): e0233959. DOI: 10.1371/journal.pone.0233959	2,740	100
45	Jureczko M., Przysaś W., <b>Urbaniak M.,</b> Banach-Wiśniewska A., <b>Stępień L.</b> (2020) Tolerance to cytostatic drugs bleomycin and vincristine by white rot fungi. Archives of Environmental Protection 46 (3): 99-104. DOI: 10.24425/aep.2020.134540	1,775	100
46	Sosnowska K., <b>Majka M., Majka J.,</b> Bocianowski J., Kasprówicz M., <b>Książczyk T.,</b> Szała L., Cegielska-Taras T. (2020) Chromosome instabilities in resynthesized <i>Brassica napus</i> revealed by FISH. Journal of Applied Genetics 61: 323–335. DOI: 10.1007/s13353-020-00557-5	2,027	100
47	<b>Rychel-Bielska S.,</b> Nazzicari N., <b>Plewiński P.,</b> Annicchiarico P., <b>Książkiewicz M.</b> (2020) Development of PCR-based markers and whole-genome selection model for anthracnose resistance in white lupin ( <i>Lupinus albus</i> L.). Journal of Applied Genetics 61 (4): 531-545. DOI: 10.1007/s13353-020-00585-1	2,027	100
48	<b>Książkiewicz M., Wójcik K., Irzykowski W., Bielski W., Rychel S., Kaczmarek J., Plewiński P., Rudy E., Jędrzycka M.</b> (2020) Validation of <i>Diaporthe toxica</i> resistance markers in European <i>Lupinus angustifolius</i> germplasm and identification of novel resistance donors for marker-assisted selection. Journal of Applied Genetics 61 (1): 1-12. DOI: 10.1007/s13353-019-00521-y	2,027	100
49	Ćłapa T., <b>Mikołajczak K., Blaszczyk L.,</b> Narożna D. (2020) Development of high-resolution melting PCR (HRM-PCR) assay to identify native fungal species associated with the wheat endosphere. Journal of Applied Genetics 61 (4): 629-635. DOI: 10.1007/s13353-020-00578-0	2,027	100
50	Filipiak K., Klein D., Markiewicz A., <b>Mokrzycka M.</b> (2020) Approximation with a Kronecker product structure with one component as compound symmetry or autoregression via entropy loss function. Linear Algebra and its Applications 610: 625-646. DOI: 10.1016/j.laa.2020.10.013	0,988	100
51	Kwiatek M.T., <b>Ulaszewski W., Belter J.,</b> Phillips D., Skowrońska R., Noweiska A., <b>Wiśniewska H.</b> (2020) Development and cytomelecular identification of monosomic alien addition and substitution lines of <i>Triticale</i> ( $\times$ <i>Triticosecale</i> Wittmack) with 2S <sup>k</sup> chromosome conferring leaf rust resistance derived from <i>Aegilops kotschy</i> Boiss. Frontiers in Plant Science 11: 509481. DOI: 10.3389/fpls.2020.509481	4,402	100
52	<b>Bielski W., Książkiewicz M., Šimoníková D., Hřibová E., Susek K., Naganowska B.</b> (2020) The puzzling fate of a lupin chromosome revealed by reciprocal oligo-FISH and BAC-FISH mapping. Genes 11 (12), 1489. DOI: 10.3390/genes11121489	3,759	100
53	<b>Ulaszewski W.,</b> Kwiatek M.T. (2020) <i>Aegilops</i> Species for the Improvement of the Leaf and Stripe Rust Resistance in Cultivated Triticale ( $\times$ <i>Triticosecale</i> Wittmack). Agronomy 2020, 10(12), 1991.	2,259	100

	DOI: 10.3390/agronomy10121991		
54	Skowrońska R., Mariańska M., <b>Ulaszewski W.</b> , Tomkowiak A., Nawracała J., Kwiatek M. T. (2020) Development of <i>Triticale</i> × wheat prebreeding germplasm with loci for slow-rusting resistance. <i>Frontiers in Plant Science</i> 11: 447. DOI: 10.3389/fpls.2020.00447	4,300	100
55	<b>Gawłowska M.</b> , Knopkiewicz M., <b>Święcicki W.</b> , Boros L. & Wawer A. (2020). Quantitative trait loci for stem strength properties and lodging in two pea bi-parental mapping populations ( <i>Pisum sativum</i> L.). <i>Crop Science</i> , DOI: 10.1002/csc2.20395	1,878	100
56	<b>Bakro F.</b> , <b>Jędryczka M.</b> , Wielgusz K., Sgorbini B., Inchingolo R., Cardenia, V. (2020) Simultaneous determination of terpenes and cannabidiol in hemp ( <i>Cannabis sativa</i> L.) by fast gas chromatography with flame ionization detection. <i>Journal of Separation Science</i> 43 (14): 2817-2826. DOI: 10.1002/jssc.201900822	2,878	70
57	<b>Perlikowski D.</b> , <b>Kosmala A.</b> (2020) Mechanisms of drought resistance in introgression forms of <i>Lolium multiflorum</i> / <i>Festuca arundinacea</i> , <i>Biologia Plantarum</i> 64: 497-503. DOI: 10.32615/bp.2020.076	1,601	70
58	<b>Majka J.</b> , <b>Majka M.</b> , Kopecký D., Doležel J. (2020) Cytogenetic insights into <i>Festulolium</i> . <i>Biologia Plantarum</i> 64: 598-603. DOI: 10.32615/bp.2020.095	1,601	70
59	Alkemade J., Messmer M., Arncken Ch., Leska A., Annicchiarico P., Nazzicari N., <b>Książkiewicz M.</b> , Voegelé R.T., Finckh M., Hohmann P. (2020) A high-throughput phenotyping tool to identify field-relevant anthracnose resistance in white lupin, <i>Plant Diseases</i> 18 Dec. 2020. DOI: 10.1094/PDIS-07-20-1531-RE	3,809	70
60	Boller B., Harper J., Willner E., Fuchs J., Glombik M., <b>Majka J.</b> , Mahelka V., Zhao C., Kopecký D. (2020). Spontaneous natural formation of interspecific hybrids within the <i>Festuca-Lolium</i> complex. <i>Biologia Plantarum</i> 64: 679-691. DOI: 10.32615/bp.2020.111	1,601	70
61	Humphreys M.W., <b>Zwierzykowski Z.</b> (2020). Spontaneous natural formation of interspecific hybrids within the <i>Festuca-Lolium</i> complex. <i>Biologia Plantarum</i> 64: 578-590. DOI: 10.32615/bp.2020.108	1,601	70
62	<b>Zisis D.</b> , <b>Krajewski P.</b> , Stam M., Weber B., Hövel I. (2020) Analysis of 4C-seq data: A comparison of methods. <i>Journal of Bioinformatics and Computational Biology</i> 18 (01): 2050001. DOI: 10.1142/S0219720020500018	1,055	40
63	Janiszewska M., Markiewicz A., <b>Mokrzycka M.</b> (2020) Block matrix approximation via entropy loss function. <i>Applications of Mathematics</i> 65 (6): 829-844. DOI: 10.21136/AM.2020.0023-20	0,544	40
64	<b>Urbaniak M.</b> , Waśkiewicz A., <b>Koczyk G.</b> , <b>Błaszczak L.</b> , <b>Stępień L.</b> (2020) Divergence of beauvericin synthase gene among <i>Fusarium</i> and <i>Trichoderma</i> species. <i>Journal of Fungi</i> 6(4): 288. DOI: 10.3390/jof6040288	4,621	20
65	Beccari G., <b>Stępień L.</b> , Onofri A., Lattanzio V.M., Ciasca B., Fatah S.E., Valente F., <b>Urbaniak M.</b> , Covarell L. (2020) <i>In Vitro</i> fumonisin biosynthesis and genetic structure of <i>Fusarium verticillioides</i> strains from five Mediterranean countries. <i>Microorganisms</i> 8: 241. DOI: 10.3390/microorganisms8020241	4,152	20
66	Parry G., Provart N.J., Brady S.M., Uzilday B., Adams K., Araújo W., Aubourg S., Baginsky S., Bakker E., Bärenfaller K., Batley J., Beale M., Beilstein M., Belkhadir Y., Mendel G., Bernardini T., Bergelson J., Blanco-Herrera F., Brady S., Braun H.-P., Briggs S., Brownfield L., Cardarelli M., Castellanos-Urbe M., Coruzz, G., Dassanayake M., De Jaeger G., Dilkes B., Doherty C., Ecker J., Edger P., Edwards D., El Kasmi F., Eriksson M., Exposito-Alonso M., Falter-	1,725	20

	Braun P., Fernie A., Ferro M., Fiehn O., Friesner J., Greenham K., Guo Y., Hamann T., Hancock A., Hauser M.-T., Heazlewood J., Ho C.-H., Hõrak H., Huala E., Hwang I., Iuchi S., Jaiswal P., Jakobson, L., Jiang, Y., Jiao, Y., Jones, A., Kadota, Y., Khurana, J., Kliebenstein D., Knee E., Kobayashi M., Koch M., Krouk G., Larson T., Last R., Lepiniec L., Li S., Lurin C., Lysak M., Maere S., <b>Malinowski R.</b> , Maumus F., May S., Mayer K., Mendoza-Cozatl D., Mendoza-Poudereux I., Luis Micol J., Millar H., Mock H.-P., Mukhtar K., Mukhtar S., Murcha M., Nakagami H., Nakamura Y., Nicolov L., Nikolau B., Nowack M., Nunes-Nesi A., Palmgren M., Parry G., Patron N., Peck S., Pedmale U., Perrot-Rechenmann C., Pieruschka R., Pío-Beltrán J., Pires J.C., Provart N., Rajjou L., Reiser L., Rhee S., Rigas S., Rolland N., Romanowski A., Savaldi-Goldstein S., Schmitz R., Schulze W., Seki M., Shimizu K.K., Slotkin K., Small I., Somers D., Sozzani R., Spillane C., Srinivasan R., Taylor N., Tello-Ruiz M.-K., Thelen J., Tohge T., Town C., Toyoda T., Uzilday B., Walley J., Ware D., Weckwerth W., Whitelegge J., Wienkoop S., Wright C., Wrzaczek M., Yamazaki M., Yanovsky M., Žárský V., Zhong X., Van De Peer Y., Van Wijk K., Von Gillhaussen P. (2020) Current status of the multinational <i>Arabidopsis</i> community. <i>Plant Direct</i> 4 (7): e00248. DOI: 10.1002/pld3.248		
67	Grądzka K., <b>Kielbowicz-Matuk A.</b> (2020) Białka B-box u roślin – heterogeniczność strukturalna i funkcjonalna. <i>Postępy Biologii Komórki</i> 47 (3): 225–246.	0,163	20
68	<b>Święcicki W.</b> , Górny A., Barzyk P., <b>Gawłowska M.</b> , Kaczmarek Z. (2019) Genetic analysis of alkaloid accumulation in seeds of white lupin ( <i>Lupinus albus</i> L.). <i>Genetika-Belgrade</i> 51, 961-973	0,403	20
69	<b>Święcicki W.</b> , Szukała J., Rutkowski A., Jerzak M., Mikulski W., <b>Górnyowicz B.</b> (2020) The importance of grain legumes for a domestic protein security. <i>Polish Journal of Agronomy</i> 42: 46-50. DOI: 10.26114/pja.iung.418.2020.42.06	0	20
70	<b>Kosmala A.</b> , <b>Augustyniak A.</b> , <b>Perlikowski D.</b> , <b>Zwierzykowski W.</b> , Paszkowski E. (2020). Identyfikacja genów związanych z ekspresją zimotrwałości i tolerancji suszy u form introgresywnych <i>Lolium multiflorum/Festuca arundinacea</i> . <i>Biuletyn IHAR</i> 291 (1): 199-200. DOI: 10.37317/biul-2020-PB65.	0	20
71	<b>Jędrzycka M.</b> , <b>Kaczmarek J.</b> , <b>Majka J.</b> , Niemann J., Jajor E., <b>Irzykowski W.</b> , Korbas M. (2019). Zastosowanie konwencjonalnych i molekularnych narzędzi fitopatologicznych w poszukiwaniu źródeł odporności na kiłę kapusty oraz charakterystyka aktualnej populacji patogenu w Polsce. <i>Biuletyn IHAR</i> 286: 219-222. <a href="https://doi.org/10.37317/biul-2019-0049">https://doi.org/10.37317/biul-2019-0049</a> (nie wykazano w 2019 r.)	0	20
72	Niemann J., <b>Jędrzycka M.</b> , Majka J., Mrówczyński M., <b>Kaczmarek J.</b> , Weigt D. (2019). Introdukcja genów odporności na choroby i owady oraz męskiej sterylności z pokrewnych gatunków rodzaju <i>Brassica</i> do rzepaku ( <i>Brassica napus</i> L.). <i>Biuletyn IHAR</i> 286: 199-201. <a href="https://doi.org/10.37317/biul-2019-0045">https://doi.org/10.37317/biul-2019-0045</a> (nie wykazano w 2019 r.)	0	20
73	<b>Jędrzycka M.</b> , <b>Irzykowski W.</b> , <b>Majka J.</b> , Niemann J., Korbas M. Jajor E. (2020). Zastosowanie konwencjonalnych i molekularnych narzędzi fitopatologicznych w poszukiwaniu źródeł odporności na kiłę kapusty oraz charakterystyka aktualnej populacji patogenu w Polsce. <i>Biuletyn IHAR</i> 291: 101-102. DOI: 10.37317/biul-2020-PB35	0	20
74	Niemann J., Weigt D., Szwarc J., Bocianowski J., <b>Jędrzycka M.</b> , <b>Kaczmarek J.</b> , <b>Majka J.</b> , Mrówczyński M. (2020). Introdukcja genów odporności na choroby i owady oraz męskiej sterylności z pokrewnych gatunków rodzaju <i>Brassica</i> do rzepaku ( <i>Brassica napus</i> L.). <i>Biuletyn IHAR</i> 291: 91-92. DOI: 10.37317/biul-2020-PB31	0	20

75	<b>Święcicki W., Kroc M., Barzyk P., Czepiel K., Wilczura P., Bielecka P.</b> (2020) Identyfikacja i sposób dziedziczenia genów warunkujących odporność na choroby grzybowe i niską zawartość alkaloidów w doskonaleniu wartości użytkowej łubinów, ze szczególnym uwzględnieniem łubinu żółtego. <i>Biuletyn IHAR</i> 289: 149–152	0	20
76	<b>Adamski T., Surma M., Kaczmarek Z., Kuczyńska A., Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Trzeciak R., Aniola A., Holewińska R.</b> (2020) Badania nad wpływem translokacji 1B/1R na efektywność uzyskiwania linii DH pszenicy oraz ich wartość technologiczną. <i>Biuletyn IHAR</i> 291 (1): 5–6. E-ISSN: 2657–8913. DOI: 10.37317/biul-2020-PB02	0	20
77	<b>Kuczyńska A., Adamski T., Surma M., Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Kempa M., Mokrzycka M., Trzeciak R., Holewińska R., Aniola A.</b> (2020) Wpływ stresu niedoboru wody na rozwój i architekturę systemu korzeniowego u jęczmienia ( <i>Hordeum vulgare</i> L.). <i>Biuletyn IHAR</i> 291 (1): 63–65. E-ISSN: 2657–8913. DOI: 10.37317/biul-2020-PB21	0	20
78	<b>Święcicki W., Kroc M., Barzyk P., Czepiel K., Wilczura P.</b> (2019) Identyfikacja i sposób dziedziczenia genów warunkujących odporność na choroby grzybowe i niską zawartość alkaloidów w doskonaleniu wartości użytkowej łubinów, ze szczególnym uwzględnieniem łubinu żółtego. <i>Biuletyn IHAR</i> 286: 365–369, DOI: 10.37317/biul-2019-0081	0	20
79	<b>Święcicki W., Gawłowska M., Górny A., Beczek K., Niewiadomska A., Boros L.</b> (2020) Identyfikacja rejonów w genomie grochu, warunkujących wybrane parametry sprawności fizjologicznej, jako istotnego elementu odporności na stresy abiotyczne. <i>Biuletyn IHAR</i> 289: 135-136. DOI: 10.37317/biul-2019-0075	0	20
80	<b>Święcicki W., Gawłowska M., Górny A., Ratajczak D., Niewiadomska A., Boros L.</b> (2019) Identyfikacja rejonów w genomie grochu, warunkujących wybrane parametry sprawności fizjologicznej, jako istotnego elementu odporności na stresy abiotyczne <i>Biuletyn IHAR</i> 286: 335-337. DOI: 10.37317/biul-2019-0075	0	20
81	<b>Rybiński W., Święcicki W., Barzyk P.</b> (2020) Analiza zmienności genetycznej i piramidyzacja genów warunkujących cechy użytkowe łubinu białego. <i>Biuletyn IHAR</i> , 289: 145-148.	0	20
82	Nawracała J., Kurasiak-Popowska D., Niemann J., Tomkowiak A., Weigt D., <b>Wolko B., Książkiewicz M., Rychel S., Katańska-Kaczmarek A.</b> (2020) Identyfikacja układów allelicznych genów fotoneutralności i wczesności oraz opracowanie metodyki otrzymywania roślin homozygotycznych u soi. <i>Biuletyn IHAR</i> 291 (1): 173–174. DOI: 10.37317/biul-2020-PB58	0	20
83	<b>Książkiewicz M., Plewiński P., Rychel-Bielska S., Tomaszewska M., Bielski W., Wolko B.</b> (2020) Cecha wczesności kwitnienia u łubinu białego i łubinu żółtego – podstawy genetyczne i molekularne. <i>Biuletyn IHAR</i> 291 (1): 179-181. DOI: 10.37317/biul-2020-PB60	0	20
84	<b>Majka M., Gawłowska M., Twardawska A., Korbas M., Danielewicz J., Góral T., Ługowska B., Belter J., Witkowski E., Drzazga T., Matysik P., Woźniak-Pawlak U., Wiśniewska H.</b> (2020) Wykorzystanie markerów molekularnych i fenotypowych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła powodowaną przez <i>Oculimacula yallundae</i> i <i>O. acufiformis</i> . <i>Biuletyn IHAR</i> 288: 3-14	0	20
85	<b>Wiśniewska H., Majka M., Gawłowska M., Korbas M., Twardawska A., Belter J.</b> (2020) Wykorzystanie markerów molekularnych i fenotypowych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła powodowaną przez <i>Oculimacula yallundae</i> i <i>Oculimacula acufiformis</i> . <i>Biuletyn IHAR</i> 291 (1): 25-27, E-ISSN: 2657–891. DOI: 10.37317/biul-2020-PB08	0	20

86	<b>Wiśniewska H., Twardawska A.</b> Góral T., Ochodzki P., <b>Majka M.,</b> Walentyn-Góral D., <b>Belter J.</b> (2020) Badanie typów odporności na fuzariozę kłosów u pszenżyta ozimego za pomocą markerów fenotypowych i metabolicznych. <i>Biuletyn IHAR</i> 291 (1): 45-47, E-ISSN: 2657–891. DOI: 10.37317/biul-2020-PB15	0	20
87	Góral T., <b>Wiśniewska H.,</b> Czembor P. Ochodzki P., Radecka-Janusik M., <b>Majka M.,</b> Przetakiewicz J. (2020) Poszukiwanie oraz wykorzystanie markerów fenotypowych, metabolicznych i molekularnych do badania typów odporności na fuzariozę kłosów u form pszenicy o zróżnicowanej podatności, <i>Biuletyn IHAR</i> 291 (1): 7-9, E-ISSN: 2657–891. DOI: 10.37317/biul-2020-PB03	0	20
88	<b>Rybiński W.,</b> Karamać M., Janiak M., Börner A., Płatosz N., Amarowicz R. (2020) Antioxidant capacity of <i>Lathyrus sativus</i> seeds. <i>Journal of Food Bioactives</i> 11: 110–118. DOI: 10.31665/JFB.2020.11242	0	0
89	Hufnagel B., Soriano A., Taylor J., Divol F., <b>Kroc M.,</b> Sanders H.; Yeheyis L., Nelson M., Péret B. (2020) Pangenome of white lupin provides insights into the diversity of the species. <i>bioRxiv</i> 2020, DOI:10.1101/2020.06.21.163378.	0	0
90	<b>Święcicki W.</b> (2020) Contribution of Legumes to Sustainable Agriculture. <i>Legume Perspectives</i> 18: 14-15	0	0
91	<b>Susek K.,</b> Abernathy B., <b>Bielski W.K.,</b> Czyż K., <b>Tomaszewska M.,</b> <b>Ulaszewski W.,</b> <b>Kroc M.,</b> Jackson S.A., <b>Naganowska B.</b> (2020) When complexity becomes fascinating: comparative cytomolecular and transcriptomic analyses of <i>Lupinus</i> . <i>Legume Perspectives</i> 18:9	0	0
92	<b>Kroc M.,</b> <b>Czepiel K.,</b> <b>P. Wilczura,</b> <b>Koczyk G.,</b> <b>Święcicki W.</b> (2020). Alkaloid biosynthesis in lupins. <i>Legume Perspectives</i> 18:31	0	0
93	<b>Kaczmarek J.,</b> <b>Jędrzycka M.</b> (2020). SPEC – walka o zdrowy rzepak. <i>Przedsiębiorca Rolny</i> 5 (67): 62-63.	0	0
94	<b>Jędrzycka M.,</b> <b>Bakro F.,</b> Bunalski M., Wielgusz K. (2020). Svarbiausios kanapių ligos ir kenkėjai. <i>Mano ūkis</i> . 2: 39-41. ISSN 1392-3595	0	0

#### Wykaz publikacji w wydawnictwach publikujących recenzowane monografie naukowe

Lp.	Tytuł	wydawnictwo	Punkty MNiSW
1.	<b>Susek K., Naganowska B.</b> (2020) Cytomolecular insight into <i>Lupinus</i> genomes. W „The Lupin Genome”, 45-52, seria “Compendium of Plant Genomes”. DOI: 10.1007/978-3-030-21270-4_4. MNiSW=20	Springer Nature	20
2.	<b>Książkiewicz M.,</b> Yang H. (2020) Molecular marker resources supporting the Australian lupin breeding program. W „The Lupin Genome”, 73-86, seria “Compendium of Plant Genomes”. DOI: 10.1007/978-3-030-21270-4_6. MNiSW=20	Springer Nature	20
3.	<b>Sobańska K.,</b> <b>Pniewski T.</b> (2020) Bioinżynieria ściany komórkowej szansą na zwiększenie wydajności produkcji bioetanolu z biomasy lignocelulozowej. w: <i>Badania z zakresu nauk przyrodniczych – nowe trendy</i> . Danielewska A., Maciąg M. (Red.), str. 113-140	Wydawnictwo Naukowe Tygiel	5