

Instytut Genetyki Roślin  
Polskiej Akademii Nauk



# SPRAWOZDANIE

z działalności naukowo-badawczej  
w 2016 roku



## SPIS TREŚCI

<b>Informacje ogólne .....</b>	<b>1</b>
Samodzielni pracownicy naukowci .....	1
Rada Naukowa .....	2
Jednostki organizacyjne .....	3
Struktura zatrudnienia .....	3
Informacja finansowa .....	4
<b>Informacje o działalności i dorobku naukowym.....</b>	<b>5</b>
Podsumowanie dorobku publikacyjnego .....	5
Podsumowanie zleconych projektów badawczych .....	5
Podsumowanie udziału w konferencjach naukowych .....	5
Podsumowanie współpracy z zagranicą .....	6
Konsorcja i sieci.....	6
Ochrona własności intelektualnej .....	7
Nagrody i wyróżnienia.....	8
Rozwój kadry naukowej .....	8
Uczestnictwo w komitetach redakcyjnych czasopism naukowych .....	10
Uczestnictwo z wyboru w działalności eksperckiej i stowarzyszeniach naukowych i in. ....	11
Działalność dydaktyczna, popularyzatorska i doradcza .....	12
Działalność wydawnicza.....	13
<b>Informacje o działalności naukowej.....</b>	<b>14</b>
<b>Ważniejsze osiągnięcia .....</b>	<b>14</b>
<b>Sprawozdanie z realizacji badań .....</b>	<b>16</b>
Zakład Biologii Stresów Środowiskowych.....	16
Zakład Biometrii i Bioinformatyki.....	22
Zakład Biotechnologii.....	27
Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin.....	33
Zakład Genomiki.....	40
Zakład Zintegrowanej Biologii Roślin.....	47
<b>Współpraca krajowa.....</b>	<b>50</b>
<b>Współpraca z zagranicą .....</b>	<b>55</b>
<b>Konferencje naukowe – organizacja i udział .....</b>	<b>61</b>
<b>Spis publikacji.....</b>	<b>64</b>



## INFORMACJE OGÓLNE

### INSTYTUT GENETYKI ROŚLIN PAN

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

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

### SAMODZIELNI PRACOWNICY NAUKOWI

1. prof. dr hab. Tadeusz Adamski
2. prof. dr hab. Stanisław Jeżowski
3. prof. dr hab. Małgorzata Jędryczka
4. prof. dr hab. Piotr Kachlicki
5. prof. dr hab. Paweł Krajewski
6. prof. dr hab. Barbara Naganowska
7. prof. dr hab. Tadeusz Rorat
8. prof. dr hab. Wojciech Rybiński
9. prof. dr hab. Bolesław Salmanowicz
10. prof. dr hab. Maria Surma
11. prof. dr hab. Wojciech Święcicki, czł. koresp. PAN
12. prof. dr hab. Halina Wiśniewska
13. prof. dr hab. Bogdan Wolko
14. prof. dr hab. Zbigniew Zwierzykowski
15. dr hab. Andrzej Górny, prof. IGR PAN
16. dr hab. Arkadiusz Kosmała
17. dr hab. Karolina Krystkowiak
18. dr hab. Anetta Kuczyńska
19. dr hab. Robert Malinowski
20. dr hab. Tomasz Pniewski
21. dr hab. Łukasz Stępień

## RADA NAUKOWA

### Członkowie PAN:

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

### Samodzielni pracownicy naukowci zatrudnieni w IGR PAN:

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

### Pracownicy naukowci niezatrudnieni w Instytucie:

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

### Przedstawiciele asystentów i adiunktów IGR PAN:

42. dr Agnieszka Kielbowicz-Matuk – *Sekretarz*
43. dr Michał Kwiatek
44. dr Karolina Susek

### JEDNOSTKI ORGANIZACYJNE

1. Zakład Biologii Stresów Środowiskowych  
kierownik: dr hab. Arkadiusz Kosmala
2. Zakład Biometrii i Bioinformatyki  
kierownik: prof. dr hab. Paweł Krajewski
3. Zakład Biotechnologii  
kierownik: dr hab. Tomasz Pniewski, prof. IGR PAN
4. Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin  
kierownik: prof. dr hab. Piotr Kachlicki
5. Zakład Genomiki  
kierownik: prof. dr hab. Barbara Naganowska
6. Zakład Zintegrowanej Biologii Roślin  
kierownik: dr hab. Robert Malinowski
7. Biblioteka  
kierownik: mgr Barbara Sadowska
8. Dział Księgowości  
główna księgowa: mgr Kinga Chałupniczak
9. Dział Gospodarczo-Techniczny  
kierownik: Andrzej Giełda
10. Dział Zaopatrzenia  
kierownik: Krzysztof Kobla

### STRUKTURA ZATRUDNIENIA

(stan na 31 grudnia 2016 r.)

Grupy pracowników	Liczba osób	Liczba etatów	W tym zatrudnionych w projektach	
			Liczba osób	Liczba etatów
Profesorowie zwyczajni i nadzwyczajni	15	14,50	-	-
Adiunkci	22	21,50	8	8,00
Asystenci	12	12,00	6	6,00
Badawczo-techniczni	2	1,50	-	-
Inżynierijni (z wykształceniem wyższym)	19	18,00	6	5,50
Techniczni (z wykształceniem średnim)	9	8,17	-	-
Administracja	12	11,10	-	-
Biblioteka	1	1,00	-	-
Robotnicy + obsługa	15	15,00	-	-
<b>Razem:</b>	<b>107</b>	<b>102,77</b>	<b>20</b>	<b>19,5</b>

Osoby pobierające stypendia doktoranckie: 20

Liczba doktorantów: 27

## UPRAWNIENIA

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

## INFORMACJA FINANSOWA

Przychody	(zł)
<b>Dotacja na działalność statutową</b>	<b>4 990 470</b>
<b>Dotacje na badania młodych naukowców</b>	58 420
<b>Dochody z innych źródeł</b>	18 173
<b>Projekty badawcze</b>	
Projekty zagraniczne	888 759
MniSW (projekty i dopłaty do projektów UE)	363 750
Projekty NCN i NCBiR	5 236 954
Projekty finansowane przez MRiRW	3 462 684
Prace naukowo-wdrożeniowe finansowane przez inne podmioty	99 427
<b>Razem projekty badawcze</b>	<b>10 051 574</b>
<b>Restrukturyzacja</b>	1 656 000
<b>Przychody ogółem</b>	<b>16 774 637</b>
Przychody z projektów w % dotacji na działalność statutową	201,4
Osobowy fundusz płac w działalności statutowej (zł)	4 323 672
- w % dotacji na działalność statutową	86,6
- w % przychodów ogółem	25,8
Koszty ogrzewania i energii elektrycznej (% dotacji na działalność statutową)	13,6



## INFORMACJE O DZIAŁALNOŚCI INSTYTUTU I DOROBKU NAUKOWYM

### PUBLIKACJE

(Spis: strony 64-79)

#### Prace opublikowane w 2016 roku, w tym:

w czasopismach wyróżnionych przez Journal Citation Reports	63	
w czasopismach recenzowanych wymienionych w wykazie Ministra NiSW	4	
w innych czasopismach naukowych (w tym branżowych i pop. naukowych)	5	
autorstwo rozdziału w monografii w j. angielskim	6	
autorstwo rozdziału w monografii w j. niemieckim	2	
	<u>Ogółem</u>	<u>80</u>
doniesienia konferencyjne		107

### PROJEKTY BADAWCZE

#### Finansowane przez:

– źródła zagraniczne	4
– NCN/NCBiR	23
– Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi	12
– Program Wieloletni („Polskie białko”)	1
– inne podmioty	6

### UDZIAŁ W KONFERENCJACH NAUKOWYCH

(Szczegóły: strony 61-63)

#### Konferencje, warsztaty i seminaria zorganizowane przez Instytut:

krajowe i międzynarodowe – 7

#### Udział pracowników w konferencjach:

krajowe – 10 konferencji, 36 osób

międzynarodowe – 26 konferencji, 53 osoby

## WSPÓŁPRACA Z ZAGRANICĄ (Szczegóły: strony 56-59)

Realizowano: 5 tematów w ramach umów międzynarodowych,  
38 tematów z 46 instytucjami w ramach współpracy bezumownej.

Przyjęto 9 gości zagranicznych, 10 pracowników IGR PAN wyjeżdżało na krótkoterminowe pobyty zagraniczne, 2 osoby przebywały na stażu długoterminowym.

## KONSORCJA I SIECI

### **Konsorcjum BIOTRIGEN**

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

### **Konsorcjum EPITRAITS**

Celem konsorcjum jest koordynacja i współpraca w zakresie wykonania projektu „Epigenetic regulation of economically important plant traits”. Jednostki tworzące: University of Amsterdam, PRI Wageningen, Max Planck Gesellschaft, INIA, Dusseldorf University, Biomol, Nottingham University, INRA, Diagenode, KeyGene, Phytowelt oraz IGR PAN.

### **Konsorcjum FLOWPLAST**

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

### **Konsorcjum GENSEC**

Ogólnopolskie Konsorcjum Naukowo-Przemysłowe Genomiki i Biotechnologii Żyta zostało powołane w celu inicjowania, koordynowania i prowadzenia badań nad żytem w obszarach genomiki i biotechnologii. Konsorcjum tworzą: SGGW, IHAR-PIB, IUNG-PIB, DANKO Hodowla Roślin sp. z o.o. oraz IGR PAN.

### **Konsorcjum „GrassMargins”**

Konsorcjum GrassMargins “Enhancing biomass production from marginal lands with perennial grasses” tworzą: Teagasc Carlow; The College of The Holly 7 Undivided Trinity of Queen Elizabeth, Dublin; Sveriges Lantbruksuniversitet, Uppsala; Aarhus University, Aarhus; Timplant Biotechnik und Pflanzenvermehrung GmbH, Wanzleben Boerde; Shanghai Institutes for Biological Sciences, Shanghai; The Establishment of The Russian Academy of Sciences Institute of Cytology and Genetics, Novosibirsk; Knowledge Now Limited, Sheffield; Dlf-Trifolium A/S, Roskilde; The University of Sheffield; The Circa Group Europe Limited, Dublin oraz IGR PAN.

### **Konsorcjum PLANTOVAC**

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

### **Konsorcjum SEGENMAS**

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

### **Konsorcjum SORMISOL**

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

### **Konsorcjum LEGATO**

Konsorcjum LEGATO “LEGumes for the Agriculture of TOMorrow” (Consortium Agreement no: 613551 LEGATO - umowa konsorcjum w ramach projektu FP7 KBBE.2013.1.2-02), w skład którego wchodzi 29 jednostek z 12 krajów Europy powstało w celu promocji roślin strączkowych w Europie poprzez określenie głównych czynników ograniczających ich uprawę oraz opracowanie rozwiązań dla wytwarzania nowych odmian, praktyk rolniczych i zastosowań w żywieniu. Wynikiem LEGATO będzie dostarczenie narzędzi i zasobów, które będą podstawą nowoczesnej metodyki hodowli oraz pełnego wykorzystania dostępnych źródeł zmienności genetycznej.

### **Wielkopolskie Centrum Zaawansowanych Technologii**

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

## **OCHRONA WŁASNOŚCI INTELEKTUALNEJ**

Zgłoszenie patentowe: Kozłowska E., Dymarska M., Kostrzewa-Susłow E., Grzeszczuk J., Płaskowska E., Urbaniak M., Stępień Ł., Janeczko T.  $3\beta,11\alpha$ -dihydroksyandrost-5-en-7,17-dion oraz sposób wytwarzania  $3\beta,11\alpha$ -dihydroksyandrost-5-en-7,17-dionu. P-417198 (16 maja 2016)

Zgłoszenie patentowe: Kozłowska E., Dymarska M., Kostrzewa-Susłow E., Grzeszczuk J., Płaskowska E., Urbaniak M., Stępień Ł., Janeczko T. Sposób wytwarzania  $3\beta,7\beta$ -dihydroksyandrost-5-en-17-onu. P-417200 (16 maja 2016)

Zgłoszenie patentowe: Kozłowska E., Dymarska M., Kostrzewa-Susłow E., Grzeszczuk J., Płaskowska E., Urbaniak M., Stępień Ł., Janeczko T. Sposób wytwarzania  $3\beta,7\alpha$ -dihydroksyandrost-5-en-17-onu. P-417201 (16 maja 2016)

Zgłoszenie patentowe: Kozłowska E., Dymarska M., Kostrzewa-Susłow E., Grzeszczuk J., Płaskowska E., Urbaniak M., Stępień Ł., Janeczko T. 7-O-P-D-4"-metoksyglukopiranozylo-4'-hydroksyizoflawon oraz sposób wytwarzania 7-O-P-D-4"-metoksyglukopiranozylo-4'-hydroksyizoflawonu. P-416996 (15 maja 2016)

Zgłoszenie wynalazku P 412 994 pt. „Sekwencja starterów, sposób identyfikacji ekspresji genu HvZIP1, sposób identyfikacji odmian jęczmienia, zastosowanie genu HvZIP1 oraz zestaw

testowy” jest aktualnie rozpatrywane przez Urząd Patentowy Rzeczypospolitej Polskiej. Autorzy: T. Rorat, M. de Mezer, A. Kiełbowicz-Matuk.

Zgoda warunkowa EPO z dn. 9.05.2016 na udzielenie patentu europejskiego na wynalazek "Expression cassette, T-DNA molecule, plant expression vector, transgenic plant cell as well as their use in the manufacturing of a vaccine" EP08779135.6.

## NAGRODY I WYRÓŻNIENIA

mgr Monika Urbaniak, II nagroda za najlepszy poster w kategorii „Genetyka Mikroorganizmów”, V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

mgr Piotr Walerowski, II nagroda za prezentację ustną w kategorii „Genetyka roślin”, V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016

dr Dawid Perlikowski, nagroda ufundowana przez Swiss National Science Foundation (SNF) w ramach grantu SCOPES na podstawie oceny dotychczasowego dorobku naukowego badacza, celem pokrycia częściowych kosztów uczestnictwa w 20<sup>th</sup> Eucarpia General Congress of Eucarpia, Zurich, Szwajcaria, 29 sierpnia - 1 września 2016

mgr Joanna Majka, nagroda ufundowana przez Swiss National Science Foundation (SNF) w ramach grantu SCOPES na podstawie oceny dotychczasowego dorobku naukowego badacza, celem pokrycia częściowych kosztów uczestnictwa w 20<sup>th</sup> Eucarpia General Congress of Eucarpia, Zurich, Szwajcaria, 29 sierpnia - 1 września 2016

Nagroda zbiorowa Polskiego Towarzystwa Genetycznego za najlepszą oryginalną pracę z zakresu genetyki, z dziedziny genetyki roślin, opublikowaną w roku 2015: Przysiecka Ł., Książkiewicz M., Wolko B., Naganowska B. „Structure, expression profile and phylogenetic inference of chalcone isomerase-like genes from the narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.) genome” w *Frontiers in Plant Science*

## ROZWÓJ KADRY NAUKOWEJ

### *Stopień naukowy doktora habilitowanego*

dr Katarzyna Głowacka uzyskała stopień naukowy doktora habilitowanego w dziedzinie nauk rolniczych w dyscyplinie agronomii nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 26 września 2016; „Fizjologiczne i genetyczne badania nad zwiększeniem tolerancji na chłód roślin energetycznych z rodzaju *Miscanthus* i *Saccharum*”

dr Karolina Krystkowiak uzyskała stopień naukowy doktora habilitowanego w dziedzinie nauk rolniczych w dyscyplinie agronomii nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 14 grudnia 2016; „Wykorzystanie metod biometrycznych i biotechnologicznych w badaniach nad genetycznym uwarunkowaniem wybranych cech użytkowych pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.)”

### *Stopień naukowy doktora*

mgr Mariusz Czyżniejewski uzyskał stopień doktora nauk rolniczych nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 26 września 2016 r. na podstawie pracy „Zmiany profili metabolitów wybranych traw z kompleksu *Lolium-Festuca* w odpowiedzi na stresy abiotyczne”, wykonanej pod kierunkiem prof. dr hab. P. Kachlickiego

mgr Dawid Perlikowski uzyskał stopień doktora nauk rolniczych nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 14 grudnia 2016 r. na podstawie rozprawy „Fizjologiczne i molekularne

podstawy tolerancji deficytu wody u form introgresywnych życicy wielokwiatowej (*Lolium multiflorum* Lam.) i kostrzewy trzcinowej (*Festuca arundinacea* Schreb.)”, wykonanej pod kierunkiem dr hab. A. Kosmali

#### *Doktoranci*

mgr Adam Augustyniak, opiekun naukowy: dr hab. A. Kosmala, od 1 listopada 2014 r.

mgr Aneta Basińska-Barczak, opiekun naukowy: dr L. Błaszczyk, od 1 listopada 2014 r.

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

mgr Joanna Ceraży-Waliszewska, opiekun naukowy: prof. dr hab. S. Jeżowski, od 1 listopada 2012 r.

mgr Jagoda Czarnecka, opiekun naukowy: dr A. Kiełbowicz-Matuk, prof. dr hab. T. Rorat, od 1 stycznia 2013 r.

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

mgr Marta Kasprowicz, opiekun naukowy prof. dr hab. M. Jędrzycka, do 31 lipca 2016 r.

mgr Michał Kempa, opiekun naukowy: dr hab. A. Kuczyńska, od 5 listopada 2015 r.

mgr Joanna Majka, promotor: dr hab. A. Kosmala, promotor pomocniczy: dr T. Książczyk, od 1 października 2013 r.

mgr Maciej Majka, opiekun naukowy: prof. dr hab. H. Wiśniewska, od 1 października 2013 r.

mgr Katarzyna Masajada, opiekun naukowy: dr I. Pawłowicz, dr hab. A. Kosmala, od 1 grudnia 2014 r.

mgr Karolina Sobańska, opiekun naukowy: dr hab. T. Pniewski, od 1 listopada 2012 r.

mgr inż. Piotr Plewiński, opiekun naukowy: dr M. Książkiewicz, od 6 czerwca 2016 r.,

mgr inż. Marcin Pyrski, opiekun naukowy: dr hab. T. Pniewski, od 1 listopada 2013 r.

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

mgr Elżbieta Rudy, opiekun naukowy: prof. dr hab. B. Wolko, do 31 marca 2016 r.

mgr Sandra Rychel, opiekun naukowy: prof. dr hab. B. Wolko, od 1 października 2011 r.

mgr Paweł Serbiak, opiekun naukowy: prof. dr hab. M. Jędrzycka, od 1 listopada 2012 r.

mgr Urszula Talar, opiekun naukowy: dr A. Kiełbowicz-Matuk, prof. dr hab. T. Rorat, od 1 grudnia 2014 r.

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

mgr Monika Urbaniak, opiekun naukowy: dr hab. Ł. Stępień, od 1 października 2013 r.

mgr inż. Natalia Witaszak, opiekun naukowy: prof. dr hab. Piotr Kachlicki, od 1 stycznia 2016

#### *Magistranci*

1 osoba z Uniwersytetu Przyrodniczego wykonywała w IGR PAN prace doświadczałne w celu uzyskania stopnia magistra, a 2 osoby z Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu wykonywały prace doświadczałne w celu uzyskania stopnia inżyniera; pracownicy IGR PAN byli promotorami lub opiekunami tych prac.

*Praktykanci i stażyści*

26 studentów 7 jednostek naukowych (Uniwersytet im. A. Mickiewicza w Poznaniu, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Politechnika Poznańska, Politechnika Wrocławska, Zachodniopomorski Uniwersytet w Szczecinie, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Państwowy Instytut Badawczy w Poznaniu) odbywało 1-6 miesięczne staże w IGR PAN.

UCZESTNICTWO W KOMITETACH REDAKCYJNYCH  
CZASOPISM NAUKOWYCH

- Acta Agrobotanica – prof. dr hab. M. Jędrzycka – członek komitetu redakcyjnego
- Acta Societatis Botanicorum Poloniae – prof. dr hab. B. Wolko – członek komitetu redakcyjnego
- Biodiversity Research and Conservation – prof. dr hab. Z. Kaczmarek – członek komitetu redakcyjnego
- Biohelikon – dr A. Kuczyńska – członek komitetu redakcyjnego
- Biometrical Letters – dr A. Kuczyńska – członek komitetu redakcyjnego
- Frontiers in Plant Science – dr hab. A. Kosmala – członek komitetu redakcyjnego (Review Editor)
- Genetic Resources and Crop Evolution – prof. dr hab. W.K. Świącicki – członek komitetu redakcyjnego
- Journal of Applied Biotechnology – dr A. Kuczyńska – członek komitetu redakcyjnego
- Journal of Applied Genetics – dr hab. A. Górny, prof. IGR PAN – redaktor działu „Plant Genetics”, prof. dr hab. Z. Kaczmarek, prof. dr hab. P. Krajewski, prof. dr hab. M. Surma – członkowie komitetu redakcyjnego
- Journal of Integrated OMICS – dr hab. A. Kosmala – członek komitetu redakcyjnego
- Legume Perspectives – prof. dr hab. W.K. Świącicki – członek komitetu redakcyjnego
- Polish Botanical Journal – prof. dr hab. Z. Kaczmarek – członek komitetu redakcyjnego
- Polish Journal of Microbiology – prof. dr hab. M. Jędrzycka – członek komitetu redakcyjnego
- Rośliny Oleiste – prof. dr hab. M. Jędrzycka – członek rady programowej
- Frontiers in Plant Science – dr F. Gregory - członek komitetu redakcyjnego (Guest Associate Editor)
- Scientifica – dr F. Gregory - członek komitetu redakcyjnego
- Frontiers in Plant Science – dr J. Paiva - członek komitetu redakcyjnego (Guest Associate Editor)
- „Rozprawy i Monografie” Instytutu Genetyki Roślin PAN – prof. dr hab. T. Adamski, prof. dr hab. P. Krajewski, prof. dr hab. B. Salmanowicz, prof. dr hab. Z. Zwierzykowski – członkowie komitetu redakcyjnego



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

- dr L. Błaszczyk  
przewodnicząca Komisji Rewizyjnej Oddziału Poznańskiego Polskiego Towarzystwa Genetycznego w latach 2010-2013 oraz w latach 2013-2016
- prof. dr hab. M. Jędrzycka  
członek Zarządu Oddziału Poznańskiego Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego  
członek Zarządu Oddziału Poznańskiego Polskiego Towarzystwa Genetycznego w latach 2013-2016  
sekretarz Zarządu Głównego Polskiego Towarzystwa Genetycznego w latach 2013-2016  
członek Zarządu Polskiego Towarzystwa Genetycznego w latach 2016-2020  
członek Rady Naukowej Instytutu Ochrony Roślin – PIB w Poznaniu w latach 2015-2016  
Convenor of the Working Group on Integrated Control in Oilseed Crops (ICOC),  
International Organisation for Biological Control/West Palaearctic Regional Section  
członek Rady Programowej ds. Studium Doktoranckiego na Wydziale Rolniczym  
Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu
- prof. dr hab. Piotr Kachlicki  
członek Zarządu Polskiego Towarzystwa Spektrometrii Mas w latach 2014-2018
- dr J. Kaczmarek  
członek Komisji Rewizyjnej Poznańskiego Oddziału Polskiego Towarzystwa Genetycznego w latach 2013-2016
- prof. dr hab. Z. Kaczmarek  
członek Rady Naukowej Instytutu Fizjologii Roślin PAN w Krakowie,
- dr A. Kiełbowicz-Matuk  
członek Zarządu Oddziału Poznańskiego Polskiego Towarzystwa Genetycznego od 2009 roku, 2013-2016 – skarbnik,
- dr hab. A. Kosmała  
sekretarz Zarządu Oddziału Poznańskiego Polskiego Towarzystwa Genetycznego w latach 2013-2016,
- prof. dr hab. P. Krajewski  
członek Rady Konsorcjum Naukowo-Przemysłowego Genetyki i Genomiki Stosowanej POLAPGEN,
- dr T. Książczyk  
skarbnik Zarządu Głównego Polskiego Towarzystwa Genetycznego w latach 2013-2016,
- dr hab. R. Malinowski  
członek Komitetu Biotechnologii Polskiej Akademii Nauk, od 2016 do chwili obecnej
- mgr K. Masajada  
członek Samorządu Doktorantów przy Środowiskowym Studium Doktoranckim Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN (od grudnia 2015 r.),
- prof. dr hab. B. Naganowska  
prezes Zarządu Głównego Polskiego Towarzystwa Genetycznego w latach 2013-2016,
- dr J. Paiva  
delagat na Polskę COST ACTION CA15223  
członek International Legume Society
- prof. dr hab. T. Rorat  
członek panelu recenzentów NCBiR  
członek Komitetu Fizjologii, Genetyki i Hodowli Roślin Wydziału II PAN
- prof. dr hab. W. Rybiński  
członek Zarządu Oddziału Poznańskiego Polskiego Towarzystwa Agrofizycznego
- dr hab. Ł. Stępień

członek Komisji Rewizyjnej Poznańskiego Oddziału Polskiego Towarzystwa Genetycznego w latach 2013-2016

prof. dr hab. W.K. Świącicki

członek korespondent Polskiej Akademii Nauk i Rady Kuratorów II Wydziału

wiceprzewodniczący Rady Naukowej ISRiL PAN w Poznaniu

członek Rady Naukowej IFR PAN w Krakowie, OB PAN w Powsinie i IHAR-PIB w Radzikowie

członek prezydium Komitetu Fizjologii, Genetyki i Hodowli Roślin PAN

członek Rady Konsultacyjnej COBORU w Słupi Wielkiej,

członek Zarządu *Pisum* Genetics Association i Komitetu dla Genomu *Pisum*

członek założyciel „Legume Society”

przewodniczący Rady ds. Ochrony Zasobów Genowych Roślin Uprawnych

prof. dr hab. B. Wolko

członek Komitetu Fizjologii, Genetyki i Hodowli Roślin PAN

członek Rady Naukowej Międzynarodowego Towarzystwa Łubinowego

prof. dr hab. Z. Zwierzykowski

członek Zarządu Grupy Roboczej *Festulolium* w ramach Sekcji Roślin Pastewnych i Traw Gazonowych EUCARPIA (Festulolium Working Group under the Fodder Crops and Amenity Grasses Section of EUCARPIA)

członek Komitetu Koordynacyjnego Wielkopolskiego Centrum Zaawansowanych Technologii

członek Komisji Nagród Polskiego Towarzystwa Genetycznego w latach 2013-2016

## DZIAŁALNOŚĆ DYDAKTYCZNA, POPULARYZATORSKA I DORADCZA

„Noc Biologów” – ogólnopolskie warsztaty dla młodzieży gimnazjalnej i licealnej, Poznań, 15 stycznia 2016

Ćwiczenia: "Matematyka" dla studentów Uniwersytetu Przyrodniczego (120 godzin) – A. Sawikowska

Ćwiczenia: "Technologie informacyjne" dla studentów Uniwersytetu Przyrodniczego (40 godzin) - A. Sawikowska

Wykład: „Zróżnicowanie gatunkowe grzybów *Trichoderma* wyizolowanych z różnych biotopów w Polsce i ich właściwości antagonistyczne w stosunku do fitopatogenów *Fusarium*” oraz „Obserwacje mikroskopowe oddziaływań grzybów *Trichoderma* z fitopatogenami *Fusarium* i roślinami pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.)” dla magistrantów (II roku studiów) Katedry Agronomii w ramach konwersatoriów dla studentów Wydziału Rolnictwa i Bioinżynierii, Katedra Agronomii, UP w Poznaniu, 22 marca 2016 (L. Błaszczyk, A. Basińska-Barczak – łącznie 2 godziny)

Wykład: „Szczepy *Clonostachys* i *Trichoderma* jako potencjalne czynniki kontroli biologicznej grzybów patogenicznych roślin uprawnych” oraz „Analiza interakcji grzybów *Trichoderma* z patogenicznymi gatunkami *Fusarium* w warunkach *in vitro*” dla studentów I roku studiów magisterskich różnych specjalizacji w ramach przedmiotu: „Innowacje w naukach rolniczych”, Wydział Rolnictwa i Bioinżynierii, Katedra Agronomii UP w Poznaniu, 7 kwietnia 2016 (L. Błaszczyk, A. Basińska-Barczak – łącznie 2 godziny)

Wykład: "Zróżnicowanie gatunkowe grzybów *Trichoderma* wyizolowanych z różnych biotopów w Polsce oraz ich właściwości antagonistyczne w stosunku do fitopatogenów



*Fusarium*” w ramach zebrań Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego, UP w Poznaniu, 18 marca 2016 (L. Błaszczyk, A. Basińska-Barczak – łącznie 1 godzina)

Wykład: „Technika HPLC-MS – podstawy i zastosowania w chemii związków naturalnych” dla studentów IV roku Chemii w ramach przedmiotu Chemia analityczna II wygłoszony na Wydziale Chemii Uniwersytetu im. A. Mickiewicza 17 marca 2016 r. (2 godz.; P. Kachlicki)

Warsztaty dla studentów kierunku Biologia roślin użytkowych, Wydział Biologii, Uniwersytet im Adama Mickiewicza, 9 i 10 maja 2016

Wykład „Fizjologiczno-molekularne wskaźniki tolerancji stresów środowiskowych u traw”. Seminarium hodowlano-naukowe organizowane przez Związek Twórców Odmian Roślin Uprawnych, A. Kosmała, 8 listopada 2016

Wykład „Badania fizjologiczne i molekularne na rzecz poprawy tolerancji stresów środowiskowych traw kompleksu *Lolium-Festuca*”.. Spotkanie Sekcji Traw i Motylkowatych Drobnonasiennych PIN, Racot, A. Kosmała, 25 lutego 2016

Wykład „Odmiany *Festulolium*”. Spotkanie Sekcji Traw i Motylkowatych Drobnonasiennych PIN; Z. Zwierzykowski; Racot, 25 lutego 2016

Wykłady i ćwiczenia w Państwowej Wyższej Szkole Zawodowej w Sulechowie, „Genetyka roślin” 45 godzin, „Biotechnologia roślin” 30 godzin, „Mikrorozmnażanie roślin” 45 godzin; T. Adamski

Skrypt dla studentów SGGW "Wykorzystanie biomasy traw do produkcji bioetanolu", Biblioteka SGGW (T. Pniewski)

„Mapy genetyczne i lokalizacja QTL związanych z kształtowaniem się cech plonotwórczych u zbóż” (6 godzin) – wykłady i ćwiczenia w Państwowej Wyższej Szkole Zawodowej w Sulechowie (A. Kuczyńska)

„Markery molekularne w hodowli roślin. Podstawy teoretyczne i praktyczne zastosowanie” (6 godzin) – wykłady i ćwiczenia w Państwowej Wyższej Szkole Zawodowej w Sulechowie; K. Krystkowiak

## DZIAŁALNOŚĆ WYDAWNICZA

Journal of Applied Genetics – kwartalnik w języku angielskim, od 2006 roku na liście czasopism wyróżnionych przez Journal Citation Reports. Od 2011 r. wydawcą jest Springer Verlag. Aktualny IF=1,929

## INFORMACJE O DZIAŁALNOŚCI NAUKOWEJ

### WAŻNIEJSZE OSIĄGNIĘCIA

1. Udowodniono, że w roślinach *Solanum tuberosum* odm. Desiree z wyłączoną ekspresją genu *StZPR1*, występuje zakłócenie dobowej regulacji ekspresji niektórych genów *BBX*, w tym genu *StBBX24*, w porównaniu do roślin typu dzikiego. Wykazano zatem, że białko StZPR1 reguluje ekspresję genów *StBBX* zależnych od zegara biologicznego w fazie świetlnej cyklu okołodobowego. **ZAKŁAD BIOLOGII STRESÓW ŚRODOWISKOWYCH**
2. Wykazano, że poziom regeneracji form introgresywnych *Lolium multiflorum/Festuca arundinacea* po ustąpieniu deficytu wody, związany m.in. z potencjałem regeneracji błon biologicznych u tych form, może mieć związek z: (i) poziomem akumulacji proliny, celobiozy i kwasu galaktarowego w warunkach deficytu wody; (ii) wydajnością sygnalizacji stresowej, opartej o akumulację *mio*-inozytolu i jego pochodnych, w tym fosfatydyloinozytolu oraz (iii) szybkością zainicjowania przemian w poziomie akumulacji glicerolipidów błonowych i w poziomie nasycenia wiązań w łańcuchach kwasów tłuszczowych tych lipidów w warunkach stresowych. **ZAKŁAD BIOLOGII STRESÓW ŚRODOWISKOWYCH**
3. Opracowanie metodyki charakteryzacji odczytów NGS, z wykorzystaniem „mapy drogowej” nieredukujących syntaz poliketydowych, poprzez filogenetyczne umiejscowianie zrekonstruowanych fragmentów genów-kandydatów. **ZAKŁAD BIOMETRII I BIOINFORMATYKI**
4. Na opracowanej mapie genetycznej jęczmienia, na chromosomie 2HS, zlokalizowano gen *Ppd-H1*, oznaczono 5 markerów dla tego *locus*. **ZAKŁAD BIOTECHNOLOGII**
5. Wykazano, że chromosomy I i VI grupy homologicznej *T. dicoccoides* mogą być źródłem genów w hodowli pszenicy o korzystnych cechach jakościowych. **ZAKŁAD BIOTECHNOLOGII**
6. Otrzymano bioetanol z biomasy miskanta oraz potwierdzono uzyskanie transgenicznego miskanta. **ZAKŁAD BIOTECHNOLOGII**
7. Potwierdzono immunogenność 'roślinnych' cząstek HBcAg oraz wykorzystano je do otrzymywania superparamagnetycznych bionanocząstek. **ZAKŁAD BIOTECHNOLOGII**
8. Wykazano, że 38% uzyskanych w Polsce izolatów pierwotniaka *Plasmodiophora brassicae*, sprawcy kiły kapusty, przełamuje odporność aktualnie uprawianych odmian rzepaku zawierających gen *Crr1*. **ZAKŁAD GENETYKI PATOGENÓW I ODPORNOŚCI ROŚLIN**
9. Metodami spektrometrii mas zidentyfikowano nowe pochodne toksyn z grupy cyklicznych peptydów (bowerycyna i bassianolidy) wytwarzane przez szczepy *Fusarium concentricum*, *Beauveria bassiana* i *Lecanicillium lecanii*. **ZAKŁAD GENETYKI PATOGENÓW I ODPORNOŚCI ROŚLIN**
10. Stwierdzono, że u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.) loci metabolicznych cech ilościowych (mQTL) odpowiadające metabolitom wtórnym o zawartości istotnie zmieniającej się w wyniku stresu suszy są sprzężone z licznymi genami odpowiedzi na różne stropy abiotyczne, lecz nie z genami biosyntezy analizowanych związków. **ZAKŁAD GENETYKI PATOGENÓW I ODPORNOŚCI ROŚLIN**

11. Scharakteryzowano zasoby genowe łubinu wąskolistnego i białego pod kątem zawartości ogólnej i składu jakościowego alkaloidów w nasionach w czterech klasach pochodzenia obiektów (linie dzikie, rasy miejscowe, materiały udomowione, odmiany uprawne). Porównano dwie metody oznaczania zawartości alkaloidów – kolorymetryczną (zalecaną przez UPOV i COBORU) dla wstępnego podziału na formy nisko- i wysokoalkaloidowe i chromatografię gazową dla oceny precyzyjnej i bezpiecznej w żywieniu. **ZAKŁAD GENOMIKI**
12. Poznano molekularne podłoże cechy termoneutralności łubinu wąskolistnego, które polega na delecji w regionie promotorowym jednej z kopii genu Flowering locus T (*FT*) w miejscu przyłączenia się czynników transkrypcyjnych ze szlaku wernalizacyjnego. Dokonano rekonstrukcji przebiegu ewolucji genów z grupy FT u roślin bobowatych, z uwzględnieniem wpływu duplikacji całych genomów na ustalenie liczby kopii tych genów. **ZAKŁAD GENOMIKI**
13. Wykorzystano zjawisko fragmentacji chromosomów będące efektem ekspresji genów gametocydalnych (*Gc*) zlokalizowanych na chromosomie 4M *Aegilops ovata* do tworzenia translokacyjnych lub telosomicznych form pszenżyta uprawnego za pomocą manipulacji chromosomowych w oparciu o krzyżowania oddalone i wyprowadzenie linii podwojonych haploidów. **ZAKŁAD GENOMIKI**
14. Wykazano, że w trakcie rozwoju guzów po infekcji *P. brassicae* następuje przeprogramowanie rozwoju floemu oraz wzrost ekspresji genów z rodziny SWEET (Sugar Will be Eventually Transported) co pozwala na sprawne dostarczenie cukrów dla patogena. W ten sposób pokazano jak patogen wykorzystuje endogenne mechanizmy gospodarza do przekierowania i zdobycia substancji odżywczych. **ZAKŁAD ZINTEGROWANEJ BIOLOGII ROŚLIN**

## SPRAWOZDANIE Z REALIZACJI BADAŃ

### ZAKŁAD BIOLOGII STRESÓW ŚRODOWISKOWYCH

Kierownik Zakładu	dr hab. A. Kosmala
Zespół Regulacji Ekspresji Genów (REG)	prof. dr hab. T. Rorat - 50% etatu dr A. Kiełbowicz-Matuk mgr inż. M. Biegańska mgr inż. J. Czarnecka (doktorantka) mgr U. Talar (doktorantka urlop macierzyński od 08.2016)
Zespół Cytogenetyki i Fizjologii Molekularnej Traw (FMiCR)	dr hab. Arkadiusz Kosmala prof. dr hab. Zbigniew Zwierzykowski dr Danuta Babula-Skowrońska (urlop macierzyński 10.05.2016 do 26.09.2016; urlop rodzicielski 27.09.2016 do 8.05.2017) dr Tomasz Książczyk dr Izabela Pawłowicz dr Dawid Perlikowski (doktor od 14.12.2016) mgr inż. Włodzimierz Zwierzykowski mgr Adam Augustyniak (doktorant) mgr Joanna Majka (doktorantka) mgr Katarzyna Masajada (doktorantka)
Liczba publikacji ogółem	13
w tym z „listy A MNiSW”	11
w innych czasopismach	0
monografii i rozdziałów	2
Liczba kierowanych projektów ogółem	2
w tym Unii Europejskiej	0
NCN/NCBiR/POIG	1
MRiRW	1
inne	0

## Temat: Mechanizmy adaptacji roślin do stresowych warunków środowiska

Głównym kierunkiem badań Zakładu Biologii Stresów Środowiskowych są mechanizmy adaptacji roślin do zmiennych warunków środowiska w okresie rozwoju wegetatywnego i generatywnego. Badania Zespołu Fizjologii Molekularnej i Cytogenetyki Roślin były głównie związane z poznaniem fizjologiczno-molekularnych podstaw tolerancji stresów abiotycznych takich jak niska temperatura, deficyt wody i zasolenie oraz odporności na choroby, w tym pleśń śniegową u traw pastewnych kompleksu *Lolium-Festuca*. Prowadzone były również prace z zakresu cytogenetyki molekularnej, w tym analizy związane z identyfikacją chromosomów *F. pratensis*. Badania Zespołu Regulacji Ekspresji Genów były głównie związane z poznaniem roli białek typu BBX (białka zawierające palce cynkowe typu B-box), w tym białka BBX24, w mechanizmach regulacji procesów wzrostu i rozwoju kontrolowanych przez światło, zegar okołodobowy, regulatory wzrostu oraz w odpowiedzi na czynniki stresowe. Badania prowadzone były w oparciu o uprawny gatunek ziemniaka (*Solanum tuberosum*).

### Zespół Fizjologii Molekularnej i Cytogenetyki Roślin

Badania związane z poznaniem wybranych mechanizmów tolerancji deficytu wody i regeneracji po jego ustąpieniu prowadzono w oparciu o wyselekcjonowane wcześniej formy introgresywne *L. multiflorum/ F. arundinacea* pokolenia BC<sub>4</sub> – *Lm/Fa-7/6* i *Lm/Fa-4/10*. W roku 2016 badania obejmowały głównie analizę zmian w metabolomie pierwotnym liści oraz analizę architektury systemu korzeniowego u tych form. Ponadto, sklonowano cDNA dla genów kodujących syntazę MGDG i syntazę DGDG, celem dalszych prac związanych z gospodarką lipidową w warunkach stresu. Wyselekcjonowano również genotypy *F. glaucescens* o różnym stopniu regeneracji po ustąpieniu deficytu wodnego.

Zidentyfikowano 66 metabolitów pierwotnych. Forma *Lm/Fa-7/6* charakteryzowała się wyższym poziomem akumulacji większości z nich w warunkach kontrolnych oraz w warunkach deficytu wodnego. Natomiast po powtórnym nawodnieniu proporcje te uległy odwróceniu między analizowanymi formami. W warunkach kontrolnych obserwowano wyższy poziom akumulacji glukozy-6-fosforanu, fruktozy-1,6-bisfosforanu i glukozy u formy *Lm/Fa-7/6*. Nie stwierdzono natomiast różnic w poziomie akumulacji sacharozy i fruktozy pomiędzy badanymi formami w tych warunkach. Z kolei w 11 dniu deficytu wodnego wykazano wyższy poziom akumulacji glukozy u formy *Lm/Fa-7/6*. W warunkach rehydratacji, u formy *Lm/Fa-4/10* obserwowano wyższy poziom akumulacji wszystkich tych metabolitów. W każdym punkcie czasowym eksperymentu obserwowano wyższy poziom akumulacji mio-inozytolu i jego pochodnych u formy *Lm/Fa-4/10*. Poziom akumulacji proliny obniżył się na początkowych etapach narastania deficytu wodnego u obu badanych form, jednak po 11 dniach deficytu wodnego akumulacja tego aminokwasu powróciła do poziomu obserwowanego w kontroli u formy *Lm/Fa-7/6*, a u formy *Lm/Fa-4/10* osiągnęła poziom wyższy. Poziom akumulacji melibiozy był wyższy w 11 deficytu wodnego i po rehydratacji, a kwasu galaktarowego – we wszystkich punktach czasowych stresu, u formy *Lm/Fa-4/10*.

Po 63 dniach narastających warunków deficytu wodnego w wazonach, obie badane formy istotnie obniżyły parametry wymiany gazowej w liściach. Po 10 dniach od powtórnego nawodnienia parametry te wykazywały wyższy poziom u formy *Lm/Fa-4/10*. Poziom wycieku elektrolitów zarówno w warunkach stresowych, jak i po ich ustąpieniu był wyższy u formy *Lm/Fa-7/6*. W trakcie narastającego deficytu wody obie formy ograniczyły wzrost części nadziemnej. Pod względem tej cechy nie obserwowano różnic pomiędzy badanymi formami. Masa systemu korzeniowego była zarówno w warunkach kontrolnych, jak i w warunkach stresu wyższa u formy *Lm/Fa-4/10*. W zaawansowanych punktach czasowych stresu obserwowano głębszą penetrację gleby przez najdłuższe korzenie tej formy.

Mechanizmy tolerancji zasolenia u traw analizowano w oparciu o wyselekcjonowane wcześniej genotypy *F. arundinacea*: *Fa-14* – genotyp o niskim potencjale tolerancji i *Fa-18* – genotyp o wyższym poziomie tolerancji. Wyższy poziom odwodnienia tkanek oraz wycieku elektrolitów obserwowano u genotypu *Fa-14*. Natomiast u obu genotypów obserwowano podobny spadek przewodnictwa szparkowego oraz asymilacji CO<sub>2</sub> w trakcie stresu. Akumulację jonów sodu obserwowano u obu genotypów, natomiast jonów potasu – tylko u genotypu *Fa-14*. U genotypu *Fa-18* obserwowano stopniowy spadek zawartości jonów wapnia, natomiast u genotypu *Fa-14* jego podwyższony poziom w 24 dniu stresu.

Mechanizmy tolerancji niskiej temperatury analizowano w oparciu o gatunek *F. pratensis* i formy introgressywne *L. multiflorum*/*F. arundinacea* pokolenia BC<sub>5</sub>. Przeprowadzono selekcję diploidalnych i tetraploidalnych form *F. pratensis* o zróżnicowanym poziomie mrozoodporności. Natomiast wyselekcjonowane wcześniej formy introgressywne: *Lm/Fa-138* – o wysokim potencjale mrozoodporności i *Lm/Fa-19* – o niskim poziomie mrozoodporności analizowano pod kątem wybranych parametrów fizjologicznych w warunkach hartowania na mróz. Forma *Lm/Fa-138* wykazała wyższą stabilność błon biologicznych. Nie obserwowano różnic w poziomie asymilacji CO<sub>2</sub> pomiędzy badanymi formami. U formy *Lm/Fa-19* nastąpił spadek przewodnictwa szparkowego i poziomu transpiracji w trakcie hartowania. Ponadto, u obu badanych form występowały różnice w wybranych parametrach fluorescencji chlorofilu.

Rozpoczęto prace związane z oszacowaniem stopnia odporności wybranych gatunków i form traw kompleksu *Lolium-Festuca* na *Microdochium nivale* (inokulacja roślin w polu).

Przeprowadzono selekcję i mapowanie wybranych sekwencji DNA, pochodzących z biblioteki BAC oraz biblioteki sekwencji powtarzających się w genomie *F. pratensis*, w chromosomach *F. pratensis*. W formie diploidalnej tego gatunku zmapowano 131 klonów BAC oraz 61 klonów z biblioteki sekwencji powtarzających się w genomie. Na podstawie uzyskanych sygnałów hybrydyzacyjnych opracowano pierwszą mapę cytogenetyczną *F. pratensis*. Wykonano krzyżowania międzyrodzajowe pomiędzy tetraploidalnymi formami *F. glaucescens* i diploidalnymi formami *F. pratensis* przy wykorzystaniu kultur *in vitro* niedojrzałych zarodków. W rezultacie tych prac otrzymano 126 mieszańców pokolenia F<sub>1</sub>. Mieszańcowość uzyskanych roślin potwierdzono przy użyciu techniki GISH. Z uzyskanych podkombinacji krzyżowań wybrano rośliny do dalszych etapów pracy, związanej z podwojeniem liczby chromosomów. Prace prowadzono we współpracy z dr Aurelią Ślusarkiewicz-Jarziną (Zespół Genomiki Porównawczej Roślin Strączkowych).

### Zespół Regulacji Ekspresji Genów

Zidentyfikowano 30 genów *BBX* w genomie *S. tuberosum* odm. Desiree, kodujących białka zawierające domeny palca cynkowego typu B-box. Ustalono, że wyizolowane geny są zlokalizowane we wszystkich chromosomach w genomie ziemniaka, z wyjątkiem chromosomu 11. Analiza ekspresji genów *StBBX* w fazie świetlnej i ciemnej cyklu okołodobowego w liściach ujawniła, że większość genów *StBBX* wykazuje 24-godzinny periodycyzm poziomu ekspresji. Trzy wzory ekspresji genów *BBX* były specyficzne dla fazy jasnej z maksimum ekspresji po 1, 6 lub 12 godzinach od włączenia światła, a dwa były specyficzne dla fazy ciemnej z maksimum ekspresji po 4 lub 10 godzinach od wyłączenia światła. Wykazano również, że ekspresja dużej liczby genów *StBBX* jest kontrolowana przez zegar okołodobowy. Ekspresja niektórych z nich jest związana z procesami prowadzącymi do etiolacji, a innych z procesami prowadzącymi do de-etiolacji tkanek.



Scharakteryzowano zmiany fenotypowe mutantów *bbx24* *S. tuberosum* odm. Desiree z wyłączoną ekspresją genu *StBBX24* oraz roślin typu dzikiego w warunkach optymalnych, w świetle czerwonym i w dalekiej czerwieni, podczas etiolacji i de-etiolacji oraz w odpowiedzi na stres solny, chłód, suszę i ABA. Badania ujawniły, że linie transgeniczne kwitną około 3 tygodnie wcześniej w porównaniu do roślin typu dzikiego. Przeprowadzono analizę transkryptomu mutantów *bbx24* (linia amiRBBX24.1.11) oraz roślin typu dzikiego, rosnących w warunkach normalnych w fazie świetlnej cyklu okołodobowego (8 godzin po włączeniu światła, gdy ekspresja genu *StBBX24* jest najwyższa). Wykazano, że wśród genów o podwyższonej ekspresji u mutantu *bbx24* występują: *FT* (*Flowering Locus T*), *FKF1* (*Flavin-binding, Kelch repeat, F box 1*) i *GID1* (*Gibberellin Insensitive Dwarf1*). Analiza ekspresji tych genów, jak również genów *HY5* (*LONG HYPOCOTYL 5*), *API* (*APETALA1*), *SOCI* (*Suppressor of Overexpression of CO 1*), *SVP* (*Short Vegetative Phase*), *EBS* (*Early Bolting in Short days*) oraz 11 genów *StBBX*, dla których maksimum ekspresji odnotowano w fazie świetlnej rytmu okołodobowego, w warunkach normalnego wzrostu (48h, 14-godzinny fotoperiod), wykazała istotne różnice w profilach ich ekspresji u mutantu *bbx24* (linie amiRBBX24.1.11 i amiRBBX24.1.17) i formy dzikiej.

Wykazano, że białko StZPR (czynnik transkrypcyjny należący do rodziny palca cynkowego typu C4) jest obecne w jądrze komórkowym, gdzie wchodzi w skład białek frakcji chromatynowej. Ponadto wykazano, że w wiązaniu białka StZPR1 do DNA zasadniczą rolę odgrywają aminokwasy zlokalizowane w rejonie pierwszej i drugiej domeny ZPR1, podczas gdy koniec N- i C- cząsteczki białka nie mają wpływu na wiązanie z DNA. Udowodniono, że w roślinach *S. tuberosum* odm. Desiree z wyłączoną ekspresją genu *StZPR1* występuje zakłócenie dobowej regulacji ekspresji niektórych genów *BBX*, w tym genu *StBBX24*, w porównaniu do roślin typu dzikiego. Badania dowodzą, że StZPR1 jest białkiem związanym z zegarem dobowym, którego obecność jest niezbędna do prawidłowej ekspresji niektórych genów regulowanych przez zegar biologiczny u roślin.

#### *Lista projektów badawczych Zakładu*

##### *NCN*

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

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

##### *MRiRW*

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

Lista publikacji Zakładu wydanych w 2016 r.

- Bzdega K., Janiak A., Książczyk T., Lewandowska A., Gancarek M., Sliwiska E., Tokarska-Guzik B. (2016). A Survey of Genetic Variation and Genome Evolution within the Invasive Fallopi Complex. *PlosOne* 11(8): e0161854. DOI: 10.1371/journal.pone.0161854. IF<sub>2015</sub>=3,057; MNiSW<sub>2016</sub>=35
- Cieśla A., Mituła F., Misztal L., Fedorowicz-Strońska O., Janicka S., Zajdel-Zielińska M., Marczak M., Janicki M., Ludwików A., Sadowski J. (2016). A Role for Barley Calcium-Dependent Protein Kinase CPK2a in the Response to Drought. *Frontiers in Plant Science* 7:1550. DOI: 10.3389/fpls.2016.01550. IF<sub>2015</sub>=4,495; MNiSW<sub>2016</sub>=40
- Fedorowicz-Strońska O., Kapusta J., Czyż M., Kaczmarek M., Pniewski T. (2016). Immunogenicity of parenterally delivered plant-derived small and medium surface antigens of Hepatitis B Virus. *Plant Cell Reports* 35: 1209-1212. IF<sub>2015</sub>=3,088; MNiSW<sub>2016</sub>=35
- Górna K., Pawłowicz I., Waśkiewicz A., Stępień Ł. (2016). *Fusarium proliferatum* strains change fumonisin biosynthesis and accumulation when exposed to host plant extracts. *Fungal Biology* 120: 884-893. IF<sub>2015</sub>=2,244; MNiSW<sub>2016</sub>=30
- Kiełbowicz-Matuk A., Banachowicz E., Turska-Tarska A., Rey P., Rorat T. (2016). Expression and characterization of a barley phosphatidylinositoltransfer protein structurally homologous to the yeast Sec14p protein. *Plant Science* 246: 98-111. IF<sub>2015</sub>=3,362; MNiSW<sub>2016</sub>=35
- Kwiatek M., Majka M., Majka J., Belter J., Suchowilska E., Wachowska U., Wiwart M., Wiśniewska H. (2016). Intraspecific Polymorphisms of Cytogenetic Markers Mapped on Chromosomes of *Triticum polonicum* L. *PlosOne* 11(7): e0158883. DOI: 10.1371/journal.pone.0158883. IF<sub>2015</sub>=3,057; MNiSW<sub>2016</sub>=35
- Majka J., Majka M., Kwiatek M., Wiśniewska H. (2016). Similarities and differences in the nuclear genome organization within Pooideae species revealed by comparative genomic in situ hybridization (GISH). *Journal of Applied Genetics*. DOI:10.1007/s13353-016-0369-y. IF<sub>2015</sub>=1,929; MNiSW<sub>2016</sub>=20
- Perlikowski D., Czyżniejewski M., Marczak Ł., Augustyniak A., Kosmala A (2016). Water deficit affects primary metabolism differently in two *Lolium multiflorum* / *Festuca arundinacea* introgression forms with a distinct capacity for photosynthesis and membrane regeneration. *Frontiers in Plant Science* 7: 1063. DOI: 10.3389/fpls.2016.01063. IF<sub>2015</sub>=4,495; MNiSW<sub>2016</sub>=40
- Perlikowski D., Kierszniowska S., Sawikowska A., Krajewski P., Rapacz M., Eckhardt Ä., Kosmala A. (2016). Remodeling of leaf cellular glycerolipid composition under drought and re-hydration conditions in grasses from the *Lolium-Festuca* complex. *Frontiers in Plant Science* 7: 1027. DOI: 10.3389/fpls.2016.01027. IF<sub>2015</sub>=4,495; MNiSW<sub>2016</sub>=40
- Perlikowski D., Wiśniewska H., Kaczmarek J., Góral T., Ochodzki P., Kwiatek M., Majka M., Augustyniak A., Kosmala A. (2016). Alterations in kernel proteome after infection with *Fusarium culmorum* in two triticale cultivars with contrasting resistance to *Fusarium* head blight. *Frontiers in Plant Science* 7: 1217. DOI: 10.3389/fpls.2016.01217. IF<sub>2015</sub>=4,495; MNiSW<sub>2016</sub>=40



- Stočas Š., Ruttink T., Bartoš J., Studer B., Yates S., Zwierzykowski Z., Abrouk M., Roldán-Ruiz I., Książczyk T., Rey L., Doležel J., Kopecký D. (2016). Orthology guided transcriptome assembly of Italian ryegrass and meadow fescue for single nucleotide polymorphisms discovery. *The Plant Genome* 9 (3): 1-14. IF<sub>2015</sub>=3,509; MNiSW<sub>2016</sub>=45
- Kiełbowicz-Matuk A., Talar U., Czarnecka J., Rorat T. (2016). Regulation of Plant Growth and Acclimation to Low Temperature in Diurnal Cycle. *Proceedings of the 19<sup>th</sup> Cold Hardiness Seminar in Poland*, Ed. P.S. Pukacki. ISBN 978-83-60591-13-0, pp. 13-22
- Ghesquière M., Baert J., Barth S., Černoč V., Grogan D., Humphreys M.W., Murray P., Østrem L., Sokolović D., Paszkowski E., Zwierzykowski Z. (2016). Enhancing the Productivity in Forage Grasses on the European Scale using Interspecific Hybridization. In: I. Roldán-Ruiz, J. Baert, D. Reheul (Eds), *Breeding in a World of Scarcity*, Proceedings of the 2015 Meeting of the Section “Forage Crops and Amenity Grasses” of Eucarpia, pp.199-204. ISBN 978-3-319-28930-4, ISBN 978-3-319-28932-8 (eBook). DOI 10.1007/978-3-319-28932-8. Springer International Publishing Switzerland

## ZAKŁAD BIOMETRII I BIOINFORMATYKI

Kierownictwo Zakładu	prof. dr hab. Paweł Krajewski	
Zespół Biometrii i Bioinformatyki	prof. dr hab. P. Krajewski prof. dr hab. Z. Kaczmarek (prof. emerytowany) dr A. Sawikowska Dimitris Zisis, MSc. (do 31.09.2016) mgr inż. H. Ćwiek-Kupczyńska mgr inż. W. Frohmberg (prace zlecone)	
Zespół Ewolucji Funkcji Systemów Biologicznych	dr Grzegorz Koczyk dr Katarzyna Wyrwa	
Liczba publikacji ogółem	10	
w tym z „listy A MNiSW”	10	
w innych czasopismach	0	
monografii i rozdziałów	0	
Liczba kierowanych projektów ogółem	4	
w tym Unii Europejskiej	2	
NCN/NCBiR/POIG	1	
MRiRW	1	
inne	0	

### Temat: Informatyczna i statystyczna analiza białek i DNA

#### Zespół Biometrii i Bioinformatyki

ITN EPITRAITS: Kontynuowano prace związane z badaniami na temat analizy danych NGS. Opracowano całościową metodologię analizy danych uzyskiwanych wg protokołu Circular Chromatin Conformation Capture (4C). Metodologia zawiera estymację liczb odczytów DNA reprezentujących fragmenty restrykcyjne metodą eXpress (Roberts i Pachter, 2013) oraz normalizację tych liczb ze względu na charakterystyki fragmentów restrykcyjnych takich jak długość, długość końców oraz obecność miejsca restrykcyjnego dla enzymu wtórnego. Opracowaną metodologię zastosowano do danych pochodzących z doświadczenia, w którym badano kontakty genu *FLC Arabidopsis thaliana* odpowiedzialnego za wernalizację za pomocą protokołu 4C wykorzystującego enzymy restrykcyjne BglII i NlaIII oraz sekwencjonowanie wysokoprzepustowe na urządzeniu Illumina 2000. Wyniki analizy danych porównano z wynikami uzyskanymi za pomocą opublikowanych narzędzi 4Cseqpipe (van de Werken et al., 2012), foursig (Williams i in., 2014), FourCseq (Ghavi-Helm i in., 2014) i 4Cker (Raviram i in., 2016). Wykazano korzystne cechy metodologii własnej względem metod opublikowanych w odniesieniu do powiększenia estymowanych wartości pokrycia fragmentów restrykcyjnych, szczególnie dla regionów genomu odległych od badanego genu.

ERA-CAPS FLOWPLAST: Celem projektu jest zbadanie podstaw molekularnych plastyczności kontroli czasu kwitnienia u *Arabidopsis thaliana* w reakcji na czynniki środowiskowe (temperaturę i długość dnia). Kontynuowano analizy danych opisujących zachodzące pod wpływem zmiany długości dnia zmiany modyfikacji H3K4me3, H3K9me2 i H3K27me3 chromatyny oraz równoczesne zmiany ekspresji genów w merystemie oraz

rozpoczęto analizy analogicznych danych dla prób pochodzących z floemu oraz z całych siewek.

Rozpoczęto rozwiązywanie zagadnienia wyjaśniania zmian alternatywnego splicingu (AS) transkryptów *A. thaliana* pod wpływem zmiany temperatury na podstawie danych uzyskanych przez partnerów projektu. W badaniach do estymacji częstości zdarzeń AS wykorzystywany jest model mieszania izoform MISO (Katz i in., 2010). Prace dotyczyły znalezienia różnic w AS pomiędzy zastosowanymi wariantami doświadczalnymi oraz wyjaśnienia tych różnic za pomocą charakterystycznych motywów sekwencji RNA lub różnic pomiędzy izoformami. Aktualnym efektem badań jest opracowanie podstaw metody analizy danych.

MNiRW MR47: Celem projektu jest opracowanie metody jedno- i wielocechowej oceny zdolności kombinacyjnej linii męskosterylnych i restorerów rzepaku ozimego i interakcji ze środowiskiem na podstawie analizy statystyczno-genetycznej ich mieszańców oraz weryfikacja eksperymentalna opracowanych metod na podstawie danych z jednopowtórzeniowych doświadczeń polowych. Opracowane metody statystyczne bazują na liniowym modelu mieszanym, w którym parametr dotyczący rodów traktowany był jako stały, natomiast parametr dotyczący środowisk jako losowy. Szczególny nacisk w opracowaniu położono na możliwości oceny zdolności kombinacyjnej form rodzicielskich (linii męskosterylnych MS i restorerów) i interakcji tych form ze środowiskiem na podstawie obserwacji mieszańców. Uwzględniono sytuację najczęściej występującą w doświadczeniach z mieszańcami rzepaku ozimego a mianowicie sytuację, gdy krzyżowanie linii MS z restorerami znacznie odbiegało od klasycznego schematu krzyżowania linia  $\times$  tester. Weryfikację metod wykonano na podstawie szerokiego zestawu danych pochodzących z doświadczeń populacyjnych i wstępnych z rodami i mieszańcami rzepaku ozimego i wzorcami, przeprowadzonych w wielu stacjach hodowli roślin (Borowo, Kończewice, Małyszyn, Bąków, Strzelce).

Ponadto, w ramach badań własnych, rozpoczęto prace nad konstrukcją platformy internetowej PlantPhenoDB (<http://cropnet.pl/plantphenodb/>) przeznaczonej do składowania i publikowania danych fenotypowych oraz udostępniania narzędzi analizy takich danych. Myślą przewodnią tych prac jest wdrożenie do praktyki zarządzania danymi doświadczalnymi wyników uzyskanych w poprzednich latach w projekcie FP7 transPlant i opublikowanych w pracach Krajewskiego i in. (2015) i Ćwiek-Kupczyńskiej i in. (2016). Pozwoli to na spełnienie warunku zapewnienia trwałości wyników projektu. Platforma jest oparta na rekomendacjach MIAPPE dotyczących opisu obiektów, warunków, protokołów i cech oraz na zastosowaniu specyfikacji ISA-TAB do formatowania danych. Opracowano narzędzie administracyjne służące do składowania nowych zbiorów danych oraz interfejs użytkownika pozwalający na przeglądanie, filtrowanie i przeszukiwanie zasobów. W bazie danych umieszczono wybrane zbiory danych związane z publikacjami IGR PAN. Opracowano i wdrożono metodę indeksowania zasobów PlantPhenoDB pozwalającą na ich uwzględnianie przez specjalistyczne wyszukiwarki internetowe prowadzone przez platformy transPlant ([www.transplantdb.eu](http://www.transplantdb.eu)) i WheatIS ([www.wheatis.org](http://www.wheatis.org)).

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

Celem realizowanych badań jest opracowanie i zastosowanie w praktyce metod obliczeniowych pozwalających na analizowanie danych dotyczących białek i DNA roślin oraz grzybów. Rozwijano, oparte na miarach teorii informacyjnych, narzędzia dla potrzeb porównywania sekwencji i adnotacji funkcjonalnej. Jednocześnie kontynuowano prace nad rozwijaniem opartych na rekonstrukcjach filogenetycznych rozwiązań („mapy drogowe”)

ułatwiających przewidywanie funkcji genów biosyntezy/obróbki wtórnych metabolitów poprzez odniesienie do ewolucyjnych źródeł ich zmienności.

W roku bieżącym, większość wykonywanych badań miała charakter analiz „in silico” danych zgromadzonych w ramach współpracy w latach poprzednich. W ramach prowadzonych badań statutowych zakończono testy algorytmów oceny podobieństwa sekwencji, niezależnych od dopasowania, jako metod przewidywania funkcji genu na podstawie odpowiadającej mu sekwencji białkowej. Testy przeprowadzono z wykorzystaniem zróżnicowanych zbiorów testowych wykorzystujących wielogenowe rodziny reprezentowane w bazach danych SwissProt i Transporter Classification Data Base poprzez przewidywanie klasyfikacji funkcjonalnej (klasyfikacja enzymatyczna Enzyme Commission, klasyfikacja klasy transportera TCDB) osiągając około 90% jakość. W testach z wykorzystaniem przybliżonych reprezentacji częstości k-merów osiągnięto gorsze wyniki (czułość i specyficzność między w zakresie 80-90%).

W ramach zakończonego w roku 2016 projektu NCN SONATA (2011/03/D/NZ2/01435) „Stworzenie hybrydowej, bazującej na metagenomie metodyki oceny różnorodności biologicznej i potencjału toksykogenicznego grzybów środowisk antropogenicznych” opracowano i przetestowano autorskie podejście do charakteryzacji fragmentów nieznanych, genów kodujących białka NR-PKS (nieredukujące syntazy poliketydowe) u grzybów. W tym celu zaadaptowano metodykę „umiejscawiania filogenetycznego” (phylogenetic placement), oraz autorskie filtry obliczeniowe dla efektywnej analizy odczytów pochodzących z wysokoprzepustowego sekwencjonowania preamplifikowanego DNA (wyizolowanego z próbek środowiskowych). W opracowanym podejściu unikalne fragmenty genów-kandydatów są pozycjonowane względem uprzednio stworzonej „mapy drogowej” obrazującej ewolucję NR-PKS (Koczyk i in. 2015).

Oczekiwanym efektem praktycznym prowadzonych analiz jest stworzenie i przetestowanie nowych markerów molekularnych, umożliwiających diagnostykę patogenów roślin, ze szczególnym uwzględnieniem gatunków toksynotwórczych, jak i rozwinięcie stworzonego zasobu „mapy drogowej” nieredukujących syntaz poliketydowych dla szerszego zakresu rodzin genowych oraz upublicznienie stworzonych zasobów umożliwiających podmiotom zewnętrznym analizę własnych danych (sekwencji DNA, także z sekwencjonowania wysokoprzepustowego).

#### *Lista projektów badawczych Zakładu*

##### *Zagraniczne*

ERA-CAPS FLOWPLAST "Plasticity of flowering time in response to environmental signals in *Arabidopsis thaliana*", 1.09.2014 - 31.08.2017, projekt koordynowany przez Max Planck Institute for Developmental Biology, Tübingen; **P. Krajewski**, A. Sawikowska

EU FP7, Marie Curie Action Initial Training Network EpiTraits “Epigenetic regulation of economically important plant traits”, proj. nr 316965, 1.10.2012-31.09.2016; **P. Krajewski**, D. Zisis

##### *NCN*

SONATA2 “Stworzenie hybrydowej, bazującej na metagenomie metodyki oceny różnorodności biologicznej i potencjału toksykogenicznego grzybów środowisk antropogenicznych”; nr 2011/03/ D/NZ2/01435; 14.08.2012 –13.06.2016; **G. Koczyk**, A. Dawidziuk, D. Popiel, M. Basińska (Politechnika Poznańska)

MRiRW

„Jedno i wiele-zmienne modele analizy wariancji i kowariancji dla doświadczeń populacyjnych i mieszańcowych z rzepakiem ozimym”; nr MR 47/2014; 2014-2016; **Z. Kaczmarek**, E. Adamska, T. Adamski, T. Caliński (UP Poznań), R. Trzeciak, T. Cegielska-Taras, L. Szała (IHAR-PIB Poznań)

Lista publikacji Zakładu wydanych w 2016 r.

- Chmielewska K., Rodziewicz P., Swarczewicz B., Sawikowska A., Krajewski P., Marczak Ł., Ciesiołka D., Kuczyńska A., Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Krystkowiak K., Surma M., Adamski T., Bednarek P., Stobiecki M. (2016). Analysis of drought-induced proteomic and metabolomic changes in barley (*Hordeum vulgare* L.) leaves and roots unravels some aspects of biochemical mechanisms involved in drought tolerance. *Frontiers in Plant Science* 7: 1108. DOI: 10.3389/fpls.2016.01108. IF<sub>2015</sub>=4,495; MNiSW<sub>2015</sub>=40
- Ćwiek Kupczyńska H., Altmann T., Arend D., Arnaud E., Chen D., Cornut G., Fiorani F., Frohberg W., Junker A., Klukas Ch., Lange M., Mazurek C., Nafissi A., Neveu P., van Oeveren J., Pommier C., Poorter H., Rocca-Serra Ph., Sansone S-A., Scholz U., van Schriek M., Seren Ú., Usadel B., Weise S., Kersey P., Krajewski P. (2016). Measures for interoperability of phenotypic data: minimum information requirements and formatting. *Plant Methods* 12: 44. DOI: 10.1186/s13007-016-0144-4. IF<sub>2015</sub>=3,449; MNiSW<sub>2015</sub>=40
- Dawidziuk A., Koczyk G., Popiel D. (2016). Adaptation and response to mycotoxin presence in pathogen-pathogen interactions within the *Fusarium* genus. *World Mycotoxin Journal* 9(4): 565-575. DOI: 10.3920/WMJ2015.2010. IF<sub>2015</sub>=2,091; MNiSW<sub>2015</sub>=25
- Dawidziuk A., Popiel D., Lubońska M., Grzebyk M., Wiśniewski M., Koczyk G. (2016). Assessing contamination of microalgal astaxanthin producer *Haematococcus* cultures with high-resolution melting curve analysis. *Journal of Applied Genetics* 60: 755-768. DOI: 10.1007/s13353-016-0378-x. IF<sub>2015</sub>=1,929; MNiSW<sub>2015</sub>=20
- Kamel K.A., Święcicki W., Kaczmarek Z., Barzyk P. (2016). Quantitative and qualitative content of alkaloids in seeds of a narrow-leafed lupin (*Lupinus angustifolius* L.) collection. *Genetic Resources and Crop Evolution* 63: 711-719. IF<sub>2015</sub>=1,258; MNiSW<sub>2015</sub>=30
- Magdziak Z., Mleczek M., Gąsecka M., Drzewiecka K., Kaczmarek Z., Siwulski M., Goliński P. (2016). *Agaricus bisporus* compost improves the potential of *Salix purpurea* × *viminalis* hybrid for copper accumulation. *International Journal of Phytoremediation* 18(8): 768-776. DOI: 10.1080/15226514.2015.1131238. IF<sub>2015</sub>=1,739; MNiSW<sub>2015</sub>=25
- Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Gudyś K., Krystkowiak K., Sawikowska A., Frohberg W., Górny A., Kędziora A., Jankowiak J., Józefczyk D., Karg G., Andrusiak J., Krajewski P., Szarejko I., Surma M., Adamski T., Guzy-Wróbelska J., Kuczyńska A. (2016). Quantitative trait loci for yield and yield-related traits in spring barley populations derived from crosses between European and Syrian cultivars. *PlosOne* 11(5): e0155938. DOI: 10.1371/journal.pone.0155938. IF<sub>2015</sub>=3,234; MNiSW<sub>2015</sub>=35

- Perlikowski D., Kierszniowska S., Sawikowska A., Krajewski P., Rapacz M., Eckhardt Ä., Kosmala A. (2016). Remodeling of leaf cellular glycerolipid composition under drought and re-hydration conditions in grasses from the *Lolium-Festuca* complex. *Frontiers in Plant Science* 7: 1027. DOI: 10.3389/fpls.2016.01027. IF<sub>2015</sub>=4,495; MNiSW<sub>2015</sub>=40
- Surma M., Adamski T., Wiśniewska H., Kaczmarek Z., Mejza I., Mejza S., Kuczyńska A., Krystkowiak K., Mikołajczak K., Ogrodowicz P. (2016). Uni- and Multivariate Approaches to Evaluating the Susceptibility of Wheat Hybrids to *Fusarium* Head Blight. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding* 52(4): 132-138. DOI: 10.17221/86/2016-CJGPB. IF<sub>2015</sub>=0,476; MNiSW<sub>2015</sub>=20
- Wiśniewska H., Surma M., Krystkowiak K., Adamski T., Kuczyńska A., Ogrodowicz P., Mikołajczak K., Belter J., Majka M., Kaczmarek Z., Krajewski P., Sawikowska A., Lenc L., Baturo-Cieśniewska A., Łukanowski A., Góral T., Sadowski Cz. (2016). Simultaneous selection for yield-related traits and susceptibility to *Fusarium* head blight in spring wheat RIL population. *Breeding Science* 66: 281-292. DOI: 10.1270/jsbbs.66.281. IF<sub>2015</sub>=1,543; MNiSW<sub>2015</sub>=30



## ZAKŁAD BIOTECHNOLOGII

Kierownictwo Zakładu	dr hab. T. Pniewski
Zespół Fenotypowania i Genotypowania Zbóż	prof. dr hab. M. Surma prof. dr hab. T. Adamski dr hab. A. Kuczyńska dr hab. K. Krystkowiak dr K. Mikołajczak dr P. Ogrodowicz mgr M. Kempa (doktorant) mgr R. Trzeciak A. Anioła R. Holewińska
Zespół Biochemii i Technologii Zbóż	prof. dr hab. B. Salmanowicz dr M. Langner
Zespół Bioinżynierii	dr hab. Tomasz Pniewski, prof. IGR PAN prof. dr hab. Stanisław Jeżowski dr hab. Katarzyna Głowacka (Stany Zjednoczone) dr Aurelia Ślusarkiewicz-Jarzina mgr Aleksandra Gryciuk (od 5.05.2016) mgr inż. Joanna Ceraży-Waliszewska (doktorantka) mgr Karolina Sobańska (doktorantka) mgr inż. Marcin Pyrski (doktorant) mgr Hanna Pudelska Teresa Szcześniak
Liczba publikacji ogółem	14
w tym	z „listy A MNiSW” 12
	w innych czasopismach 0
	monografii i rozdziałów 2
Liczba kierowanych projektów ogółem	8
w tym	Unii Europejskiej 0
	NCN/NCBiR/POIG 3
	MRiRW 3
	inne 2

### Temat: **Biotechnologiczne narzędzia w zwiększaniu potencjału użytkowego roślin**

Celem prac badawczych prowadzonych w Zakładzie Biotechnologii jest ulepszenie naturalnych właściwości użytkowych oraz wprowadzanie nowych cech do roślin uprawnych z wykorzystaniem metod biotechnologicznych, obejmujących techniki modyfikacji genetycznych oraz tradycyjnych, jak kultury *in vitro*, markery molekularne i białkowe oraz metody reologiczne.

## Zespołu Fenotypowania i Genotypowania Zbóż

Tematem badań jest poszukiwanie markerów molekularnych dla cech użytkowych jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.) i pszenicy (*Triticum aestivum* L.), związanych z plonowaniem oraz reakcją roślin na stropy biotyczne i abiotyczne. Prace Zespołu obejmują też opracowanie technik umożliwiających skrócenie czasu potrzebnego do wytworzenia linii rekombinacyjnych i DH z heterozygotycznych mieszańców, stosowanych następnie w genetyce i hodowli.

W ramach badań nad odpornością pszenicy na fuzariozę kłosów (FHB) wykazano, że QTL-e związane z FHB odpowiadają także za niektóre cechy struktury plonu, co wskazuje na możliwość równoczesnej selekcji na plon i odporność. Badania nad jęczmieniem koncentrują się nad efektami plejotropowymi genów *Ppd-H1* i *Ppd-H2*. Skonstruowano mapę genetyczną dla populacji RIL jęczmienia oraz oceniono zmienność 200 linii RIL pod względem porażenia kłosa oraz zawartości mikotoksyn, co umożliwi poszukiwanie markerów związanych z odpornością jęczmienia na FHB.

Prowadzone są badania nad ekspresją genu *nsLTP2* w warunkach deficytu wody, zasolenia i wysokiej temperatury w połączeniu z analizą lipidomu w wybranych liniach jęczmienia. Przeprowadzono doświadczenie z liniami uprawianymi w warunkach stresowych, w trakcie którego pobierano próby do analiz qRT-PCR. Zaprojektowano startery dla genu *LTP2* oraz we współpracy z Uniwersytetem w Bolonii opracowano przeciwciało swoiste względem kodowanego białka.

Ponadto kontynuowano badania nad: (i) opracowaniem metodyki hodowli pszenicy o skróconym źdźble z wykorzystaniem markerów molekularnych dla genów *Rht1*, *Rht2* i *Rht8*, stosowanych na poziomie haploidalnym w systemie DH; (ii) efektami genu *Ppd-D1* związanego z odpowiedzią na długość dnia na kształtowanie się parametrów użytkowych pszenicy ozimej; (iii) wpływem translokacji pszenno-żytnich u pszenicy na efektywność uzyskiwania haploidów oraz cechy technologiczne linii DH i SSD. Wykazano, że obecność translokacji 1B/1R nie powoduje zaburzeń w segregacji alleli w loci *Glu-1*, natomiast w przypadku locus *Pin-b-D1* przeważały allele warunkujące ziarno miękkie.

Rozpoczęto prace nad skróceniem czasu potrzebnego do otrzymania form homozygotycznych mieszańców łubinu białego i bobiku, w których wykorzystano technikę SSD w połączeniu z kulturami *in vitro* zarodków. Ustalono optymalne warunki dla rozwoju zarodków.

## Zespół Biochemii i Technologii Zbóż

Zespół prowadzi badania w dwóch kierunkach. Pierwszym jest określenie wpływu substytucji chromosomowych na cechy jakościowe ziarna pszenicy w warunkach stresowych. W roku 2016 celem badań była analiza wpływu niedoboru azotu (ND) i wody (WD) w liniach substytucyjnych LDN(DIC), tj. pszenicy twardej (*T. durum*) z podstawionymi chromosomami genomów A i B z dzikiej pszenicy *T. dicoccoides* na cechy jakościowe ziarna oraz parametry reologiczne ciasta.

W ziarnie określono: zawartość białka (GPC), mokrego glutenu (WGC) i skrobi (SC) oraz liczbę sedymentacji (ZSV), zmienność składu ilościowego białek gliadynowych i obu podfrakcji gluteninowych (HMW-GS i LMW-GS) oraz oznaczono parametry reologiczne ciasta. Stwierdzono, że pięć linii substytucyjnych LDN(DIC): 1A, 2A, 3A, 6A i 6B, rosnących w warunkach WD i CT ma znacząco wyższe wartości GPC, WGC i ZSV niż odmiana wyjściowa, natomiast w warunkach ND tylko linia 6B miała wyższe parametry jakościowe ziarna. Stosunek HMW-GS/LMW-GS dla poszczególnych linii LDN(DIC) w warunkach ND był niższy niż w warunkach WD i CT (kontrolnych). Jednocześnie w liniach LDN (DIC) stosunek HMW-GS/LMW-GS oraz parametry miksograficzne były znacząco wyższe w



porównaniu z odmianą wyjściową. U wszystkich linii LDN(DIC) w warunkach ND obserwowano znacznie niższe wartości parametrów reologicznych ciasta ( $R_{max}$ , Ext oraz  $W_{max}$ ) w porównaniu z warunkami CT, natomiast w warunkach WD linie te posiadały korzystniejsze parametry reologiczne. Uzyskane dane wskazują na możliwość wykorzystania potencjału genetycznego *T. dicoccoides* do poprawy cech jakościowych ziarna w hodowli pszenic uprawnych.

Drugim kierunkiem badawczym jest ocena efektywności selekcji mieszańców pszenicy o korzystnych cechach jakościowych na podstawie markerów funkcjonalnych na wczesnym etapie hodowli roślin. Obiektem badań w 2016 r. było 150 linii DH uzyskanych z czterech kombinacji krzyżówkowych o zróżnicowanym składzie jakościowym HMW- oraz LMW-GS. Stosując SDS-PAGE i wolnostrefową elektroforezę kapilarną oraz allelo-specyficzne markery molekularne zweryfikowano profil HMW- i LMW-GS tych linii. Określono parametry jakościowe ziarna/mąki uzyskanych z doświadczeń polowych za pomocą NIR oraz analiz mikroreologicznych. Przeprowadzone badania wykazały znaczne zróżnicowanie w loci *Glu-1* i *Glu-3*, warunkujących siłę i elastyczność ciasta oraz parametry miesienia. Najkorzystniejsze właściwości reologiczne ciasta stwierdzono dla alleli: *Glu-D1d*, *Glu-A3f* i *Glu-B3b*. W wyniku tych badań opracowano instrukcję wdrożeniową efektywnej selekcji mieszańców pszenicy na wczesnym etapie hodowli, która jest stosowana w polskich spółkach hodowlanych.

### Zespół Bioinżynierii

Zespół prowadzi badania w dwóch zasadniczych dziedzinach: bioenergetyce – nad wykorzystaniem naturalnego potencjału oraz modyfikacją miskanta do produkcji bioenergii i biopaliw oraz biofarmingu – nad otrzymywaniem w roślinach cząstek wiruso- i kapsydopodobnych do zastosowań biomedycznych. W roku 2016 kontynuowano prace nad selekcją genotypów miskanta pod względem wysokości plonu biomasy i jej składu chemicznego oraz odporności na stres suszy i niskich temperatur. Badanie te rozszerzono o doświadczenia nad odpornością na suszę sadzonek rizomowych i otrzymanych w kulturze *in vitro* wybranych gatunków i genotypów miskanta, w trakcie których wstępnie wykazano równocześnieść obu typów sadzonek. Kontynuowano prace nad wykorzystaniem biomasy miskanta do produkcji bioetanolu, w wyniku których przeprowadzono udane próby fermentacji. Rozszerzeniem tego kierunku badawczego jest kontynuacja prac nad modyfikacją roślin w kierunku zmiany składu i/lub struktury ścian komórkowych przez wprowadzenie do genomu sekwencji antysens wybranych genów szlaku syntezy ligniny oraz genów enzymów rozkładających niektóre wiązania sieciujące w kompleksie ligninocelulozowym. Prace te prowadzono głównie na tytoniu jako gatunku modelowym, gdzie wykonano większość analiz molekularnych. We współpracy z IChB PAN rozpoczęto też prace nad uzyskaniem modyfikowanego miskanta z wykorzystaniem opracowanej uprzednio metodyki mikrobombardowania.

W ramach prac nad otrzymywaniem i zastosowaniem 'roślinnych' cząstek wiruso- i kapsydopodobnych zrealizowano kilka zadań. Kontynuowano prace nad oczyszczaniem cząstek HBcAg. Określono ich ogólną immunogenność w doświadczeniach na myszach, a także we współpracy z WCZT z powodzeniem wykorzystano te cząstki do otrzymywania złożonych bionanocząstek magnetycznych typu rdzeń (tlenek żelaza) – otoczka (HBcAg). Istotnym nowym etapem w ramach tego kierunku badawczego było otrzymanie, na podstawie wyjściowego pEAQ (udostępnionego przez prof. G. Lomonossoffa, John Innes Centre), wektorów zawierających sekwencję HBcAg oraz pochodnego białka HBcAg-epitop 'a'-SHBsAg, co umożliwi opanowanie nowej platformy biotechnologicznej tj. ekspresji przejściowej. Ponadto wykonano analizy podklas przeciwciał w odpowiedzi immunologicznej myszy na iniekcyjno-doustną szczepionkę roślinną S-HBsAg.

Oprócz ww. opisanych zasadniczych kierunków badań, w 2016 zakończono wieloletnie prace nad optymalizacją otrzymywania linii DH pszenżyta opracowaniem kilkakrotnie bardziej wydajnej (w porównaniu do danych literaturowych) metodologii, która może być zastosowana w programach hodowlanych.

#### *Lista projektów badawczych Zakładu*

##### *NCN*

OPUS „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, 1 stycznia 2016 – 31 grudnia 2018, **A. Kuczyńska**, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, K. Krystkowiak, M. Kempa, H. Ćwiek-Kupczyńska, R. Trzeciak

##### *NCBiR*

BIOTRIGEN „Opracowanie i wdrożenie modelu przyspieszania hodowli pszenicy (*Triticum aestivum* L.) z wykorzystaniem metod biotechnologicznych”, zad. 2. „Wykorzystanie metod biotechnologicznych do selekcji pszenicy o podwyższonej odporności na fuzariozę kłosów powodowaną przez grzyby z rodzaju *Fusarium*.”, nr PBS2/B8/0/2013, 1 października 2013 – 30 marca 2016

Zad. 5 „Ocena efektywności selekcji na poziomie haploidalnym z wykorzystaniem markerów molekularnych w otrzymywaniu linii podwojonych haploidów pszenicy ozimej o zmniejszonej wysokości roślin”, **T. Adamski**, M. Surma, Z. Kaczmarek, K. Krystkowiak, A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak; J. Nawracała, D. Kurasiak-Popowska, A. Tomkowiak, D. Weigt (UP Poznań); Z. Banaszak, B. Ługowska (Danko Sp. z o.o., Choryń); T. Drzazga (MHR, Kobierzyce)

Zad. 6 „Ocena efektywności selekcji mieszańców pszenicy o korzystnych cechach jakościowych na podstawie markerów funkcjonalnych identyfikujących wybrane geny”, **B. Salmanowicz**, Z. Kaczmarek, M. Langner, A. Anioła, R. Holewińska

SORMISOL „Opracowanie innowacyjnej technologii produkcji bioetanolu II generacji z biomasy sorgo (*Sorghum* sp.) i miskanta (*Miscanthus* sp.)” - nr PBS1/A8/0/2012, 01 października 2012 - 31 marca 2016, koordynator projektu R. Słomski, temat realizowany w IGR PAN: Zwiększenie potencjału plonotwórczego i ocena parametrów biochemicznych miskanta jako surowca do produkcji bioetanolu, zadania 4-6, wykonawcy w IGR PAN: **S. Jeżowski**, **T. Pniewski**, A. Ślusarkiewicz-Jarzina, A. Ponitka, J. Cerazy, K. Malec, H. Pudelska

#### *Finansowane przez inne podmioty*

Rządowy Program Wieloletni: „Zwiększenie wykorzystania krajowego białka paszowego dla produkcji wysokiej jakości produktów zwierzęcych w warunkach zrównoważonego rozwoju”, uchwała RM nr 222/2015 z dnia 15.12.2015 r, 2016-2020, obszar badawczy 2 „Nowe metody i techniki dla ulepszenia wartości odmian roślin strączkowych”.

Zadanie nr 2.3 „Zastosowanie metod biotechnologicznych dla zwiększenia i przyspieszenia postępu biologicznego w hodowli roślin strączkowych”, 1 stycznia 2016 – 31 grudnia 2020, **M. Surma**, T. Adamski, H. Ćwiek, Z. Kaczmarek, K. Krystkowiak, A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak

Zadanie 2.4 „Krzyżowania oddalone w obrębie rodzajów *Lupinus*, *Pisum* i *Vicia* – poszukiwanie nowej zmienności genetycznej i sposobu skrócenia cyklu hodowlanego z wykorzystaniem kultur *in vitro*”, 1 stycznia 2016 – 31 grudnia 2020, **A. Ślusarkiewicz-Jarzina**, H. Pudelska.

*MRiRW*

„Efekty plejotropowe genów *Ppd-H1* i *Ppd-H2* a podatność roślin jęczmienia jarego na fuzariozę kłosów i akumulację mikotoksyn”, 1 stycznia 2016 – 31 grudnia 2016, **A. Kuczyńska**, H. Ćwiek, T. Adamski, M. Surma, K. Krystkowiak, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak

„Badania nad wpływem translokacji 1B/1R na efektywność uzyskiwania linii DH pszenicy oraz ich wartość technologiczną”, 1 stycznia 2016 – 31 grudnia 2016, **T. Adamski**, M. Surma, K. Krystkowiak, A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak

„Badania nad zwiększeniem efektywności uzyskiwania haploidów w procesie androgenezy oraz optymalizacja parametrów otrzymywania podwojonych haploidów pszenżyta ozimego i jarego”. 1 stycznia 2016 – 31 grudnia 2016, **A. Ślusarkiewicz-Jarzina**, H. Pudelska, J. Woźna.

*Lista publikacji Zakładu wydanych w 2016 r.*

- Chmielewska K., Rodziewicz P., Swarczewicz B., Sawikowska A., Krajewski P., Marczak Ł., Ciesiołka D., Kuczyńska A., Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Krystkowiak K., Surma M., Adamski T., Bednarek P., Stobiecki M. (2016). Analysis of drought induced proteomic and metabolomic changes in barley (*Hordeum vulgare* L.) leaves and root unravels some aspects of biochemical mechanisms involved in drought tolerance. *Frontiers in Plant Science* 7: 1108. IF<sub>2015</sub>=4,495; MNiSW<sub>2016</sub>=40
- Czyż M., Dembczyński R., Marecik R., Pniewski T. (2016). Stability of S-HBsAg in long-term stored lyophilised plant tissue. *Biologicals* 44: 69-72. IF<sub>2015</sub>=1,690; MNiSW<sub>2016</sub>=20
- Fedorowicz-Strońska O., Kapusta J., Czyż M., Kaczmarek M., Pniewski T. (2016) Immunogenicity of parenterally delivered plant-derived small and medium surface antigens of Hepatitis B Virus. *Plant Cell Reports* 35: 1209-1212. IF<sub>2015</sub>=3,088; MNiSW<sub>2016</sub>=35
- Głowacka K., Ahmed A., Sharma S., Abbott T., Comstock J.C., Long S.P., Sacks E.J. (2016). Can chilling tolerance of C4 photosynthesis in *Miscanthus* be transferred to sugarcane? *GCB Bioenergy* 8: 407-418. IF<sub>2015</sub>=6,151; MNiSW<sub>2016</sub>=45
- Głowacka K., Kromdijk J., Leonelli L., Niyogi K.K., Clemente T.E., Long S.P. (2016). An evaluation of new and established methods to determine T-DNA copy number and homozygosity in transgenic plants. *Plant, Cell and Environment* 39: 908-917. IF<sub>2015</sub>=6,169; MNiSW<sub>2016</sub>=45
- Jiao X., Kørup K., Andersen N.M., Petersen K.K., Prade T., Jeżowski S., Ornatowski Sz., Góryniewicz B., Spitz I., Lærke P.E., Jørgensen U. (2016). Low-temperature leaf photosynthesis of a *Miscanthus* germplasm collection correlates positively to shoot growth rate and specific leaf area. *Annals of Botany* 117: 1229-1239. IF<sub>2015</sub>=3,982; MNiSW<sub>2016</sub>=40
- Kromdijk J., Głowacka K., Leonelli L., Gabilly S.T., Iwai M., Niyogi K.K., Long S.P. (2016). Improving photosynthesis and crop productivity by accelerating recovery from photoprotection. *Science* 354: 857-861. IF<sub>2015</sub>=34,661; MNiSW<sub>2016</sub>=50

- Kwiatek M., Majka M., Ślusarkiewicz-Jarzina A., Pudelska H., Ponitka A., Belter J., Wiśniewska H. (2016). Transmission of the *Aegilops ovata* chromosomes carrying gametocidal factors in hexaploid triticale ( $\times$ *Triticosecale* Wittm.) hybrids. *Journal of Applied Genetics* 57: 305-315. IF<sub>2015</sub>=1,929; MNiSW<sub>2016</sub>=20
- Mikołajczak K., Ogradowicz P., Gudyś K., Krystkowiak K., Sawikowska A., Frohmberg W., Górny A., Kędziora A., Jankowiak J., Józefczyk D., Karg G., Andrusiak J., Krajewski P., Szarejko I., Surma M., Adamski T., Guzy-Wróbelska J., Kuczyńska A. (2016). Quantitative trait loci for yield and yield-related traits in spring barley populations derived from crosses between European and Syrian cultivars. *PlosOne* 11(5): e0155938, DOI: 10.1371/journal.pone.0155938. IF<sub>2015</sub>=3,057; MNiSW<sub>2016</sub>=35
- Mikołajczak K., Ogradowicz P., Surma M., Adamski T., Kuczyńska A. (2016). Introgression of *LTP2* gene through marker assisted backcross in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Electronic Journal of Biotechnology* 24: 9-11. IF<sub>2015</sub>=1,403; MNiSW<sub>2016</sub>=15
- Surma M., Adamski T., Wiśniewska H., Kaczmarek Z., Mejza I., Mejza S., Kuczyńska A., Krystkowiak K., Mikołajczak K., Ogradowicz P. (2016). Uni- and multivariate approaches to evaluating the susceptibility of wheat hybrids to Fusarium head blight. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding* 52: 132-138. IF<sub>2015</sub>=0,476; MNiSW<sub>2016</sub>=20
- Wiśniewska H., Surma M., Krystkowiak K., Adamski T., Kuczyńska A., Ogradowicz P., Mikołajczak K., Belter J., Majka M., Kaczmarek Z., Krajewski P., Sawikowska A., Lenc L., Baturo-Ciesniewska A., Łukanowski A., Góral T., Sadowski C. (2016). Simultaneous selection for yield-related traits and susceptibility to Fusarium head blight in spring wheat RIL population. *Breeding Science* 66: 281-292. IF<sub>2015</sub>=1,543; MNiSW<sub>2016</sub>=30
- Czyż M., Pniewski T. (2016). Thermostability of Freeze-Dried Plant-Made VLP-Based Vaccines. In: *Sustainable Drying Technologies*, Del Real Olvera J. (Ed.), InTech, Rijeka, Croatia, pp.7-36.
- Jeżowski S., Ornatowski S., Finnan J., Kaczmarek Z., Ceraży J. (2016). Moisture Loss Rate in Grass Cut at Anthesis: Variation Among Selected Traditional Species. In: *Perennial Biomass Crops for a Resource-Constrained World*. Barth S., Murphy-Bokern D., Kalinina O., Taylor G., Jones M. (Eds.), Springer International Publishing, Cham, Switzerland, pp. 199-206.

## ZAKŁAD GENETYKI PATOGENÓW I ODPORNOŚCI ROŚLIN

Kierownictwo Zakładu	Prof. dr hab. Piotr Kachlicki
Zespół Fitopatologii Molekularnej (ZFM)	prof. dr hab. M. Jędryczka dr J. Kaczmarek mgr inż. W. Irzykowski (biochemik) R. Wawrzyniak (technik) M. Właszczyk (technik) mgr inż. P. Serbiak (doktorant) mgr M. Kasprowicz (doktorantka do 31.07.2016) mgr N. Ramzi (doktorantka od 12.12.2016)
Zespół Interakcji Roślina-Mikroorganizm (ZIRM)	dr hab. Ł. Stępień dr L. Błaszczyk dr J. Strakowska (do 31 maja 2016) mgr K. Górna (specjalista od września 2016) mgr inż. M. Urbaniak (doktorant) mgr A. Basińska-Barczak (doktorant)
Zespół Metabolomiki (ZM)	prof. dr hab. P. Kachlicki dr M. Czyżniewski dr A. Piasecka (1/2 etatu) mgr N. Witaszak (doktorantka)
Liczba publikacji ogółem	30
w tym z „listy A MNiSW”	22
w innych czasopismach	3
monografii i rozdziałów	5
Liczba kierowanych projektów ogółem	14
w tym Unii Europejskiej	1
NCN/NCBiR/POIG	6
MRiRW	1
inne (ekspertyzy)	6

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

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

#### **Zespół Interakcji Roślina-Mikroorganizm**

Zespół koncentruje swoje prace na grupie grzybów związanych ze środowiskiem rolniczym i leśnym. Mają one zdolność do antybiozy i nadpasożytnictwa (*Trichoderma* spp.), są oportunistycznymi patogenami roślin i zwierząt (*Fusarium* spp., *Beauveria*, *Isaria*, *Metarhizium*, *Cordyceps*). Badane jest naturalne zróżnicowanie genetyczne populacji patogenów, częstości poszczególnych gatunków, profile metabolitów wtórnych, analizowane



są szlaki biosyntezy metabolitów i enzymów, związane ściśle z trybem życia, bądź środowiskiem bytowania.

Wykazano zależność aktywności enzymów celulolitycznych i ksylanolitycznych wytwarzanych przez szczep *Fusarium oxysporum* infekujący osie zarodkowe łubinu żółtego od źródeł węgla dostępnych w podłożu oraz zbadano zależności tych aktywności z innymi cechami fizjologicznymi patogena. W kulturach szczepów *Isaria farinosa* zidentyfikowano analogi bowerycyny syntetyzowane naturalnie, dotychczas znane jedynie jako produkt biotransformacji przez izolat *Acremonium* poprzez dodanie prekursorów aminokwasów. Wykryto także bowerycynę F/A,B,C,D, w kulturze *Fusarium concentricum* bowerycynę J i dwa nieznane analogi z dwoma i trzema resztami tyrozynowymi, oraz bassianolid w kulturach *Beauveria bassiana* i *Lecanicillium lecanii*. Spośród ponad 60 par starterów wytypowano po kilka pozwalających na analizę sekwencji syntazy bowerycynowej oraz syntazy bassianolidowej w zróżnicowanej grupie szczepów *Hypocreales*. Zbadano także efektywność syntezy bowerycyn/eniatyn przez te szczepy na podłożu stałym.

Głównym celem drugiego nurtu prac jest zbadanie wpływu grzybów *Trichoderma* na wzrost i rozwój oraz odporność pszenicy na choroby grzybowe. Materiał stanowiły dwie odmiany pszenicy: jara Bombona i ozima Legenda hodowane *in vitro*. Siedem dni po inokulacji stwierdzono stymulujący wpływ szczepu *T. cremeum* AN329 na wzrost i rozwój liści (dłuższe o 32% i o 55% większej powierzchni) i systemu korzeniowego (korzenie dłuższe o 45% i liczniejsze korzenie boczne). Ponadto u roślin traktowanych *T. cremeum* AN392 odnotowano wyższe o 38% parametry fizjologiczne liści (pomiar fluorescencji chlorofilu w liściach). W warunkach *in vitro* u roślin traktowanych szczepem *T. atroviride* AN35 zaobserwowano nienaturalny kierunek wzrostu korzeni. Przypuszcza się, iż jest to wpływ 6-PAP (6-n-pentyl-6H-pyran-2-one), jednego z metabolitów lotnych.

Na mikrografiach SEM zaobserwowano, że oba szczepy mogą wchodzić w interakcje z korzeniami pszenicy bowiem wytwarzają struktury podobne do appresoriów. Zauważono strzępki obu szczepów rosnące w świetle komórek korzenia pszenicy. Ponadto szczep *T. atroviride* AN35 wytwarzał zarodniki na korzeniach pszenicy, a jego grzybnia owijała się wokół korzeni włóśnikowych.

### Zespół Fitopatologii Molekularnej

Głównym kierunkiem prac Zespołu było poszukiwanie źródeł odporności na kiłę kapusty, wywoływaną przez pierwotniaka *Plasmodiophora brassicae*. Oceniono odporność 310 form *Brassica*, pochodzących z: Banku Genów IPK w Gatersleben, Niemcy (47 form), Brassica Database, Centre for Genetic Resources w Holandii (130), Banku Genów w Saskatoon, Kanada (109), Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu (20) oraz własnej kolekcji form o znanej odporności (4). Znalezione 20 genotypów cechujących się odpornością rasowo-specyficzną (*B. oleracea* – 12, *B. rapa* – 7, *B. napus* – 1). Materiały wykazujące odporność poddano jarowizacji i procesowi rozmnażania. Planowane jest przeniesienie tej do rzepaku i wykorzystanie w procesie hodowlanym oraz badania nad istotą tej odporności.

W celu scharakteryzowania aktualnej populacji patogena w Polsce przeprowadzono testy odpornościowe z wykorzystaniem 50 izolatów *P. brassicae*. Na ich podstawie wykazano, że 38% izolatów, w tym 22% z patotypu P1 oraz 16% z patotypu P3 przełamało odporność występującą w odmianie ‘Mendel’, która jest pierwszą odmianą rzepaku odporną na kiłę kapusty. Zsekwencjonowano fragmenty ITS1-5,8S-ITS2 22 izolatów *P. brassicae*. Nie stwierdzono żadnego polimorfizmu sekwencji w regionach rybosomalnych – całym 5,8S oraz uzyskanych fragmentach 18S i 28S. Niewielki polimorfizm występował w sekwencjach ITS1 i ITS2, lecz tylko częściowo pokrywał się z podziałem na patotypy.

Formy mieszańcowe *B. napus*, uzyskane głównie na drodze resyntezy z gatunków diploidalnych *B. oleracea* i *B. rapa* (współpraca z Katedrą Genetyki i Hodowli Roślin UP w Poznaniu) scharakteryzowano pod względem cytogenetycznym. Pomędzy badanymi liniami obserwowano zmienność liczby i dystrybucji loci 5S i 35S rDNA. Stwierdzone zmiany liczby chromosomów wskazują na niestabilność genomów obu gatunków ancestralnych. Wykazano, że przemianom chromosomowym ulegał tylko genom A.

Wykonano test polowy i dwie serie testów szklarniowych w celu oceny odporności 110 linii łubinu wąskolistnego na antraknozę (*Colletotrichum lupini*) oraz dwie serie testów odpornościowych na fuzariozę (4 gatunki *Fusarium* spp.). Wyniki posłużą do mapowania asocjacyjnego, w celu wygenerowania markerów molekularnych sprzężonych z odpornością oraz poznania molekularnych i genetycznych podstaw odporności łubinu wąskolistnego na porażenie przez grzyby, a także do wyboru materiałów do badań nad zmianami w transkryptomie łubinu wąskolistnego podczas interakcji roślina-patogen (współpraca z Zakładem Genomiki).

Na zlecenie firmy Agrii oceniono skuteczność 32 wariantów zapraw nasiennych w ochronie rzepaku przed kiłą kapusty. Oceniono także odporność odmian rzepaku z portfolio firmy Limagrain na kiłę kapusty oraz na suchą zgniliznę kapustnych. W ramach wieloletniego projektu finansowanego przez firmę DuPont Poland kontynuowano monitoring aerobiologiczny, prowadzony w celu optymalizacji ochrony chemicznej rzepaku przed suchą zgnilizną kapustnych (detekcja askospor grzybów *Leptosphaeria maculans* i *L. biglobosa*) w ośmiu lokalizacjach w Polsce. W kulturach in vitro badano wrażliwość wybranych izolatów tych grzybów na fungicydy i ich mieszaniny, opracowane przez firmę Innvigo.

### **Zespół Metabolomiki**

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

We współpracy z Zespołem Biometrii i Bioinformatyki identyfikowano metabolity wtórne wytwarzane w liściach jęczmienia, w odpowiedzi na stres suszy u roślin 100 linii wsobnych populacji Maresi×CamB1. Wykazano, że 98 metabolomicznych cech ilościowych podlegało istotnym zmianom w wyniku tego stresu. Metabolity o podobnym profilu zmian zawartości zgrupowano w moduły i wykryto różnice pomiędzy badanymi RIL i genotypami rodzicielskimi zarówno we wczesnym jak i na późniejszym etapie wystąpienia suszy. Najbardziej istotnym zmianom pod wpływem stresu ulegała zawartość pochodnych kwasów ferulowego i sinapinowego oraz acylowanych glikozydów flawonów. Tendencja do akumulacji związków metylowanych była głównym zaobserwowanym zjawiskiem. Stwierdzono ponadto, że także takie związki jak pochodne poliaminowe – hordatyny oraz terpenoid blumenol C są związane z odpowiedzią roślin na stres. Korelacja zmian metabolitów wtórnych z polimorfizmem markerów molekularnych doprowadziła do zdefiniowania loci metabolomicznych cech ilościowych (mQTL) w regionach genomu związanych z markerami SNP 3101-111 i SSR Bmag0692. Znaleziono asocjacje mQTL głównie z genami związanymi z procesami oksydacyjno-redukcyjnymi, wiązaniem histonów z jądrowym DNA, genami białek wiążących cynk, lecz nie z genami związanymi z biosyntezą metabolitów.

Metodami chromatograficznymi oraz spektrometrii mas zidentyfikowano również 44 saponiny obecne w korzeniach buraka czerwonego (*Beta vulgaris* L.) oraz 26 związków w korzeniach buraka cukrowego. Wiele spośród tych związków (27 u buraka czerwonego i 17 u cukrowego) nie było dotychczas opisanych w literaturze.

Kontynuowano prace związane z profilowaniem metabolitów wtórnych i identyfikowaniem związków mających wpływ na właściwości farmakologiczne roślin zielarskich. Na różnych etapach prac laboratoryjnych i edytorskich znalazły się w roku 2016 badania dotyczące roślin różnych gatunków wierzbownicy (*Epilobium* spp.) szaławii (*Salvia* spp.), rozwaru (*Platycodon* spp.). U wszystkich badanych roślin przy użyciu komplementarnych systemów chromatografii cieczerwowej i spektrometrii mas wykrywano obecność nowych związków.

#### Lista projektów badawczych Zakładu

##### Zagraniczne

EU FP7, ERA Chairs-Pilot Call-2013 “The creation of the Department of Integrative Plant Biology” projekt nr 611321, 1 września 2014 – 31 sierpnia 2019, **M. Jędrzycka**, R. Malinowski, A. Stachowiak-Szrejbrowska

##### NCN

PRELUDIUM 7: „Flawonoidy i inne metabolity w liściach traw oraz rola zmian ich zawartości w aklimatyzacji roślin do stresów abiotycznych”, 2013/09/N/NZ9/01944 6 lutego 2014 – 5 lutego 2016. **M. Czyżniejewski**

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

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

OPUS 8: „Genetyczne podstawy biosyntezy cyklicznych peptydów przez patogeniczne grzyby z rzędu *Hypocreales*” nr 2014/15/B/NZ9/01544; 13 lipca 2015 – 12 lipca 2018, **Ł. Stępień**, M. Urbaniak, G. Koczyk, A. Waśkiewicz (UP Poznań), A. Perczak (UP Poznań)

OPUS 9: „Roślinne związki bioaktywne indukujące odpowiedź na stres u patogenicznego grzyba *Fusarium proliferatum*” nr 2015/17/B/NZ9/03577; 18 stycznia 2016 – 17 stycznia 2019, **Ł. Stępień**, K. Górna, A. Waśkiewicz (UP Poznań)

OPUS 10: „Molekularne podstawy reakcji pszenicy (*Triticum aestivum* L.) na kolonizację korzeni przez gatunki *Trichoderma*” nr 2015/19/B/NZ9/03083, 23 lipca 2016 – 22 lipca 2019, **Ł. Błaszczyk**, A. Basińska-Barczak, A. Kosmala, A. Piasecka, A. Sawikowska, N. Witaszak

##### MRiRW

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



*Ekspertyzy finansowane przez podmioty gospodarcze*

Innvigo Sp. z o.o.: „Oceny wrażliwości grzybów na wybrane fungicydy w warunkach *in vitro*” okres realizacji: 20 lutego – 20 kwietnia 2016, **J. Kaczmarek**, M. Jędrzycka

Innvigo Sp. z o.o.: „Oceny wrażliwości grzybów na wybrane fungicydy w warunkach *in vitro*” okres realizacji: 30 kwietnia – 31 lipca 2016, **J. Kaczmarek**, M. Jędrzycka

Agromor Sp. jawna: „Oceny żywotności i zdrowotności prób zbóż”, okres realizacji: 15 czerwca – 30 września 2016, **M. Jędrzycka**, J. Kaczmarek

Agrii Polska Sp. z o.o.: „Ocena skuteczności stosowania 32 wariantów zapraw nasiennych w ochronie rzepaku przed kiłą kapusty powodowana przez *Plasmodiophora brassicae*”, okres realizacji: 22 lipca – 21 października 2016, **M. Jędrzycka**, J. Kaczmarek

Limagrain Central Europe Societe Europeenne Spółka Europejska, Oddział w Polsce „Ocena odporności odmian rzepaku z portfolio firmy Limagrain na suchą zgniliznę kapustnych i kiłę kapusty” okres realizacji: 1 marca – 30 grudnia 2016, **M. Jędrzycka**, J. Kaczmarek

DuPont Poland; „Optymalizacja terminu ochrony chemicznej rzepaku przed suchą zgnilizną kapustnych w Polsce”, 1 marca-30 listopada 2016, **M. Jędrzycka**, J. Kaczmarek

*Lista publikacji Zakładu wydanych w 2016 r.*

Błaszczyk L., Strakowska J., Chełkowski J., Gąbka-Buszek A., Kaczmarek J. (2016). *Trichoderma* species occurring on wood with decay symptoms in mountain forests in Central Europe: genetic and enzymatic characterization. *Journal of Applied Genetics* 57: 397-407. IF<sub>2015</sub>=1,929; MNiSW<sub>2016</sub>=20

Brachaczek A., Kaczmarek J., Jędrzycka M. (2016). Monitoring blackleg (*Leptosphaeria* spp.) ascospore release timing and quantity enables optimal fungicide application to improved oilseed rape yield and seed quality. *European Journal of Plant Pathology* 145: 643-657. IF<sub>2015</sub>=1,494; MNiSW<sub>2016</sub>= 30

Dawidziuk A., Popiel D., Kaczmarek J., Strakowska J., Jędrzycka M. (2016). Morphological and molecular properties of *Trichoderma* species help to control stem canker of oilseed rape. *BioControl* 61(6): 755-768. IF<sub>2015</sub>=1,767; MNiSW<sub>2016</sub>= 40

Górna K., Pawłowicz I., Waśkiewicz A., Stępień Ł. (2016). *Fusarium proliferatum* strains change fumonisin biosynthesis and accumulation when exposed to host plant extracts. *Fungal Biology* 120: 884-893. IF<sub>2015</sub>=2,244; MNiSW<sub>2016</sub>=30

Grinn-Gofroń A., Sadyś M., Kaczmarek J., Bednarz A., Pawłowska S., Jędrzycka M. (2016). Back trajectory modelling and DNA-based species-specific detection methods allow tracking of fungal spore transport in air masses. *Science of the Total Environment* 571: 658-669. IF<sub>2015</sub>=3,976; MNiSW<sub>2016</sub>= 40

Gromadzka K., Górna K., Chełkowski J., Waśkiewicz A. (2016). Mycotoxins and related *Fusarium* species in preharvest maize ear rot in Poland. *Plant, Soil and Environment* 62: 348-354. IF<sub>2015</sub>=1,039; MNiSW<sub>2016</sub>=20

Jędrzycka M., Sadyś M., Gilski M., Grinn-Gofron A., Kaczmarek J., Strzelczak A., Kennedy R. (2016). Contribution of *Leptosphaeria* species ascospores to autumn asthma in areas of oilseed rape production. *Annals of Allergy, Asthma & Immunology* 117(5): 495-501. IF<sub>2015</sub>=3,475; MNiSW<sub>2016</sub>= 30

- Kachlicki P., Piasecka A., Stobiecki M., Marczak Ł. (2016) Structural characterization of flavonoid glycoconjugates and their derivatives with mass spectrometric techniques. *Molecules* 21: 1494. doi:10.3390/molecules21111494 . IF<sub>2015</sub>=2,465; MNiSW<sub>2016</sub>=30
- Kaczmarek J., Kedziora A., Brachaczek A., Latunde-Dada A.O., Dakowska S., Karg G., Jędryczka M. (2016). Effect of climate change on sporulation of the teleomorphs of *Leptosphaeria* species causing stem canker of brassicas. *Aerobiologia* 32: 39-51. IF<sub>2015</sub>=1,452; MNiSW<sub>2016</sub>= 25
- Kasprzyk I., Kaszewski B.M., Weryszko-Chmielewska E., Nowak M., Sulborska A., Kaczmarek J., Szymańska A., Haratym W., Jędryczka M. (2016). Warm and dry weather accelerates and elongates *Cladosporium* spore seasons in Poland. *Aerobiologia* 32: 3-22. IF<sub>2015</sub>=1,452; MNiSW<sub>2016</sub>= 25
- Mikołajczyk-Bator, K., Błaszczuk, A., Czyżniewski, M., Kachlicki, P. (2016). Characterisation and identification of triterpene saponins in the roots of red beets (*Beta vulgaris* L.) using two HPLC-MS systems. *Food Chemistry* 192: 979-990. IF<sub>2015</sub>=3,391; MNiSW<sub>2016</sub>= 40
- Mikołajczyk-Bator K., Błaszczuk A., Czyżniewski M., Kachlicki P. (2016) Identification of saponins from sugar beet (*Beta vulgaris*) by low and high-resolution HPLC-MS/MS. *Journal of Chromatography B* 1029: 36-47. IF<sub>2015</sub>=2,687; MNiSW 30
- Mikołajczyk-Bator K., Czyżniewski M. (2016) Triterpene saponins of red beet (*Beta vulgaris* L.) as a source of compounds with antioxidant capacity. *Przemysł Chemiczny* 95(11): 1000-1004. DOI: 10.15199/62.2016.11.XX. IF=0,367; MNiSW<sub>2016</sub>=15
- Najda A., Błaszczuk L., Winiarczyk K., Dyduch J., Tchórzewska D. (2016). Comparative studies of nutritional and health-enhancing properties in the “garlic-like” plant *Allium ampeloprasum* var. *ampeloprasum* (GHG-L) and *A. sativum*. *Scientia Horticulture* 201: 247-255. IF<sub>2015</sub>=1,365; MNiSW<sub>2016</sub>=35
- Ozarowski M., Mikołajczak P.L., Piasecka A., Kachlicki P., Szulc M., Kaminska E., Bogacz A., Kujawski R., Bartkowiak-Wieczorek J., Kujawska M., Jodynis-Liebert J., Gryszczynska A., Lowicki Z., Seremak-Mrozikiewicz A., Czerny B. (2016). Influence of the *Melissa officinalis* leaf extract on long-term memory in scopolamine animal model with assessment of mechanism of action. *Evidence-Based Complementary and Alternative Medicine*, article: 9729818. DOI: 10.1155/2016/9729818. IF<sub>2015</sub>=1,931; MNiSW<sub>2016</sub>=30
- Perlikowski D., Czyżniewski M., Marczak Ł., Augustyniak A., Kosmala A. (2016). Water deficit affects primary metabolism differently in two *Lolium multiflorum*/*Festuca arundinacea* introgression forms with a distinct capacity for photosynthesis and membrane regeneration. *Frontiers in Plant Science* 7: 1063. IF<sub>2015</sub>=4,495; MNiSW<sub>2016</sub>= 40
- Perlikowski D., Wiśniewska H., Kaczmarek J., Góral T., Ochodzki P., Kwiatek M., Majka M., Augustyniak A., Kosmala A. (2016). Alterations in kernel proteome after infection with *Fusarium culmorum* in two triticale cultivars with contrasting resistance to Fusarium head blight. *Frontiers in Plant Science* 7: 1217. DOI: 10.3389/fpls.2016.01217. IF<sub>2015</sub>=4,495; MNiSW<sub>2016</sub>= 40
- Ričařová V., Kaczmarek J., Strelkov S.E., Kazda J., Lueders W., Rysanek P., Manolii V., Jędryczka M. (2016). Pathotypes of *Plasmiodiophora brassicae* causing damage to oilseed rape in the Czech Republic and Poland. *European Journal of Plant Pathology* 145: 559-572. IF<sub>2015</sub>=1,494; MNiSW<sub>2016</sub>= 30

- Skjøth C.A., Damialis A., Belmonte J., De Linares C., Fernández-Rodríguez S., Grinn-Gofroń A., Jędrzycka M., Kasprzyk I., Magya D., Myszkowska D., Oliver G., Páldy A., Pashley C.H., Rasmussen K., Satchwell J., Thibaudon M., Tormo-Molina R., Vokou D., Ziemianin M, Werner M. (2016). *Alternaria* spores in the air across Europe: abundance, seasonality and relationships with climate, meteorology and local environment. *Aerobiologia* 32: 109-126. IF<sub>2015</sub>=1,452; MNiSW<sub>2016</sub>=25
- Song P.L., Jędrzycka M., Yan M.Y., Irzykowski W., Huangfu H.F., Hao L.F., Bao Y.Y., Yang Y.S., Li Z.Q. (2016). Efficient detection of *Leptosphaeria maculans* from infected seed lots of oilseed rape. *Journal of Phytopathology* 164(11-12): 1097-1104. IF<sub>2015</sub>= 0,945; MNiSW<sub>2016</sub>=20
- Stępień Ł., Waśkiewicz A., Urbaniak M. (2016). Wildly growing asparagus (*Asparagus officinalis* L.) hosts pathogenic *Fusarium* species and accumulates their mycotoxins. *Microbial Ecology* 71: 927-937. IF<sub>2015</sub>=3,232; MNiSW<sub>2016</sub>=35
- Vinale F., Strakowska J., Mazzei P. Piccolo A., Marra R., Lombardi N., Manganiello G., Pascale A., Woo S.L., Lorito M. (2016). Cremenolide, a new antifungal, 10-member lactone from *Trichoderma cremeum* with plant growth promotion activity. *Natural Product Research* 4: 1-7. IF<sub>2015</sub>=1,057; MNiSW<sub>2016</sub>=20
- Niemann J., Kaczmarek J., Wojciechowski A., Jędrzycka M. (2016). Resistance to stem canker (*Leptosphaeria* spp.) in interspecific *Brassica* hybrids [Odporność mieszańców międzygatunkowych rodzaju *Brassica* na suchą zgniliznę kapustnych (*Leptosphaeria* spp.)] *Progress in Plant Protection/Postępy w Ochronie Roślin* 56(2): 245-250. MNiSW<sub>2016</sub>=12
- Kaczmarek J., Brachaczek A., Jędrzycka M. (2016). The effect of the selected active substances of fungicides on the growth of *Leptosphaeria maculans* and *Leptosphaeria biglobosa* [Wpływ wybranych substancji czynnych fungicydów na wzrost *Leptosphaeria maculans* i *Leptosphaeria biglobosa*] *Progress in Plant Protection/Postępy w Ochronie Roślin* 56(2): 180-185. MNiSW<sub>2016</sub>=12
- Kalembasa D., Jaremko D., Bik B., Kaczmarek J., Jędrzycka M. (2016). Effect of infection of *Virginia mallow* shoots by fungus *Sclerotinia sclerotiorum* on the contents and distribution of aluminium, manganese and iron. *Acta Scientiarum Polonorum Agricultura* 15(4): 39-47. MNiSW<sub>2016</sub>=11
- Kaczmarek J., Jędrzycka M. (2016). Prognoza SPEC na rok 2016: sucha zgnilizna jeszcze może zaatakować. *Przedsiębiorca Rolny* 1(15): 72-73
- Kaczmarek J., Jędrzycka M., Brachaczek A. (2016). Optymalny termin zwalczania zgnilizny twardzikowej. *Farmer* 4: 132-134
- Kaczmarek J., Jędrzycka M. (2016). Zgnilizna twardzikowa- nauka dla praktyki rolniczej. *Przedsiębiorca Rolny* 3(17): 91.
- Jędrzycka M., Kaczmarek J. (2016). Kiła kapusty: zarodniki w rowach i stawach. *Przedsiębiorca Rolny* 5(19): 80
- Jędrzycka M. (2016). Rozpoznawanie najważniejszych chorób grzybowych rzepaku oraz możliwość zapobiegania i zwalczania z uwzględnieniem zasad integrowanej ochrony roślin. Materiały szkoleniowe dla uczestników warsztatów „Wybrane problemy integrowanej ochrony zbóż i rzepaku na obszarze województwa lubuskiego: Miejsce szkolenia: Lubuski Ośrodek Doradztwa Rolniczego w Kalsku i SDOO w Świebodzinie, 16 czerwca 2016

## ZAKŁAD GENOMIKI

Kierownictwo Zakładu	prof. dr hab. Barbara Naganowska
Zespół Genomiki Porównawczej Roślin Strączkowych	prof. dr hab. Wojciech Święcicki prof. dr hab. Wojciech Rybiński dr hab. Andrzej Górny, prof. IGR PAN (od 01. 2016, 1/3 etatu) dr Magdalena Gawłowska dr Magdalena Kroc mgr Katarzyna Czepiel (od 05. 2016) mgr Anna Durska (doktorantka, od 24.10.2016) mgr inż. Barbara Górniewicz (od 10. 2016 urlop macierzyński) mgr Katarzyna Kamel (całoroczne zwolnienie chorobowe) mgr Dominika Ratajczak (od 1.01.2016) inż. Czesława Nawrot (od 07. 2016, ½ etatu) Paulina Wilczura Katarzyna Beczek (od 1.03.2016)
Zespół Struktury i Funkcji Genów	prof. dr hab. Barbara Naganowska prof. dr hab. Bogdan Wolko dr Michał Książkiewicz dr Karolina Susek mgr Wojciech Bielski (doktorant) mgr inż. Piotr Plewiński (od 6.06.2016) mgr Sandra Rychel (doktorantka) mgr Elżbieta Rudy (do 31.03.2016) mgr Waldemar Ułaszewski (doktorant, od 24.10.2016) mgr inż. Magdalena Tomaszewska (20% etatu inż.-tech.)
Zespół Genomiki Zbóż	prof. dr hab. Halina Wiśniewska dr Michał Kwiatek mgr Maciej Majka (doktorant) mgr inż. Jolanta Belter Joanna Maszner
Liczba publikacji ogółem	19
w tym z „listy A MNiSW”	18
w innych czasopismach	1
monografii i rozdziałów	0
Liczba kierowanych projektów ogółem	19
w tym Unii Europejskiej	1
NCN/NCBiR/POIG	7
MRiRW	6
inne	5

## Temat: Analiza genomów roślinnych na poziomie struktury i funkcji genów

Badania prowadzone w Zakładzie Genomiki dotyczą analiz genomów roślinnych na poziomie struktury i funkcji genów. Celem badań jest charakteryzowanie i poszerzanie zmienności genetycznej, poznanie ewolucyjnych przemian genomów i ich mechanizmów, jak również generowanie markerów związanych z cechami użytkowymi.

### Zespół Genomiki Porównawczej Roślin Strączkowych

Prace dotyczyły parametrów fizjologicznych jako istotnego elementu determinowania plonu i cech nasion u grochu i łubinu. Celem było poznanie zakresu zmienności parametrów, ich interakcji ze środowiskiem, wzajemnej korelacji, zmian pod wpływem postępu hodowlanego. Mierzono efektywność wykorzystania azotu u grochu (NUtE), uzupełnioną o aktywność nitrogenazy jako wskaźnika aktywności bakterii *Rhizobium*, oraz zróżnicowanie NUtE zależnie od zaopatrzenia w azot, w warunkach polowych i kontrolowanych. Zależności pomiędzy plonem nasion, efektywnością wykorzystania wody i azotu były znacznie silniejsze w warunkach niedoboru azotu. Badano możliwości zwiększenia produktywności łubinu wąskolistnego i grochu poprzez ulepszenie wskaźników fizjologicznych, takich jak fluorescencja, zawartość chlorofilu i potencjał wodny liści. Analizowano przebieg procesów fotosyntezy liści i rozwój korzeni w zróżnicowanych warunkach środowiskowych, badania uzupełniono o aspekt funkcjonalny głównych genów uczestniczących w tych procesach.

Ponadto prowadzono badania ekspresji genów warunkujących metabolizm cukrowców i odporność na askochytozę u grochu. Ich celem było potwierdzenie współwystępowania tych genów ze zidentyfikowanymi wcześniej QTL, odpowiedzialnymi za badane cechy. Natomiast badania łubinów miały na celu identyfikację genów szlaku syntezy alkaloidów i odporności na fuzariozę. Zostało przeprowadzone sekwencjonowanie transkryptomu linii łubinu białego znacznie różniących się ogólną zawartością alkaloidów w nasionach oraz analiza różnicowej ekspresji genów dla identyfikacji genów uczestniczących w szlaku biosyntezy alkaloidów chinolizydynowych. Zsekwencjonowano RNA liści i strąków, co pozwoli na wytypowanie genów tkankowo specyficznych. Przetestowano również 6 genów kandydatów związanych z odpornością na fuzariozę łubinu żółtego, wytypowanych po analizie różnicowej ekspresji genów (qPCR). Wykazano udział tych genów w procesie odporności na wędnięcie fuzaryjne.

W ramach waloryzacji zasobów genowych w materiałach o różnym pochodzeniu charakteryzowano zmienność na poziomie fenotypowym i biochemicznym, ze szczególnym uwzględnieniem związków antyżywnościowych w nasionach. W łubinie białym i wąskolistnym prowadzono badania dla piramidyzacji genów takich cech, jak odporność na antraknozę, wczesność dojrzewania, niska zawartość alkaloidów i wysoka zawartość tłuszczu. Porównanie metod oznaczania zawartości alkaloidów (kolorymetryczna i chromatografia gazowa) wykazało ich odmienną przydatność, odpowiednio do wstępnego testowania i charakterystyki szczegółowej z uwzględnieniem wymagań bezpieczeństwa żywności.

### Zespół Struktury i Funkcji Genów

Prace obejmują zagadnienia z dziedziny genetyki strukturalnej i funkcjonalnej (analiza genów związanych z procesami lub cechami ważnymi dla rolnictwa) oraz filogenezy (zmienność genomów w aspekcie ewolucji rodzaju *Lupinus* i rodziny Fabaceae). Badania genetyczne prowadzono na 3 gatunkach łubinów: wąskolistnym (*L. angustifolius*), białym (*L. albus*) i żółtym (*L. luteus*). Celem analiz łubinu wąskolistnego była ocena polimorfizmu DNA odmian i linii poprzez wygenerowanie puli markerów zakotwiczonych w sekwencjach genów, z wykorzystaniem innowacyjnej techniki genotypowania przez sekwencjonowanie końców cDNA (MACE). Markery posłużą do selekcji genotypów w programach hodowlanych oraz do mapowania asocjacyjnego cech użytkowych.



Równocześnie prowadzono prace nad utworzeniem konsensusowej mapy genetycznej tego gatunku, poprzez integrację mapy dla populacji Emir × LAE-1 z referencyjną mapą genetyczną 83A:476 × P27255. Wykonano genotypowanie populacji mapującej 83A:476 × P27255 przy pomocy markerów typu DArT z mapy Emir × LAE-1 i zlokalizowano 19 z nich na mapie konsensusowej. Badania z zakresu genetyki funkcjonalnej łąbinu wąskolistnego dotyczyły powiązań szlaku fotoperiodycznego i wernalizacyjnego. Przeprowadzono profilowanie ekspresji wybranych homologów w odpowiedzi na indukcyjny fotoperiod i wernalizację.

W ramach analiz łąbinu białego wygenerowano zestaw markerów molekularnych metodą genotypowania przez sekwencjonowanie (RAD-seq). Zostały one wykorzystane do skonstruowania referencyjnej mapy genetycznej zawierającej ~4000 markerów, w tym ponad 3500 sekwencyjnie zdefiniowanych. Analizy dotyczące molekularnego podłoża regulacji procesu kwitnienia u tego gatunku obejmowały identyfikację sekwencji i liczby kopii wybranych genów uczestniczących w procesie indukcji kwitnienia, mapowanie genetyczne, wnioskowanie bayesowskie i konstrukcję filogenetycznych drzew genowych. Dokonano także oceny zmienności terminu kwitnienia w liniach kolekcyjnych w warunkach kontrolowanych. W przypadku łąbinu żółtego określono zmienność terminu kwitnienia w materiałach kolekcyjnych i otrzymano linie pokolenia F<sub>3</sub> populacji mapującej.

Badania cytogenetyczne skupione były na prześledzeniu ewolucyjnego zróżnicowania genomów 12 gatunków łąbinów Starego Świata. W analizach wykorzystano pulę 55 klonów BAC, stanowiących markery chromosomów *L. angustifolius*, gatunku referencyjnego dla badanej grupy. Porównawcze mapowanie z wykorzystaniem fluorescencyjnej hybrydyzacji *in situ* z użyciem klonów BAC (BAC-FISH) pozwoliło na opracowanie markerów dla wybranych chromosomów badanych gatunków. Na podstawie szeregu przeprowadzonych reakcji BAC-FISH zidentyfikowano rearanżacje chromosomów. Wyniki te dostarczyły przesłanek do wnioskowania o zmianach ewolucyjnych w obrębie łąbinów Starego Świata w kierunku redukcji liczby chromosomów.

### Zespół Genomiki Zbóż

Celem badań jest poszerzenie zmienności genetycznej uprawnych form pszenżyta poprzez transfer chromatyny z gatunków pokrewnych, z wykorzystaniem krzyżowań międzyrodzajowych, dających możliwość wytworzenia nowych genotypów z podwyższoną odpornością na choroby wywołane przez grzyby. Zespół zajmuje się również poszukiwaniem markerów fenotypowych, metabolicznych i molekularnych do badania typów odporności.

Analizowano organizację chromosomów di- i tetraploidalnych gatunków rodzaju *Aegilops* przy użyciu klonów BAC pszenicy, zawierających sekwencje powtarzalne. Hybrydyzacja *in situ* pozwoliła na identyfikację poszczególnych chromosomów oraz analizę ich organizacji. Wyniki te, wraz z wykorzystaniem chromosomowo-specyficznych markerów typu SSR, pozwoliły na identyfikację chromosomów (lub ich fragmentów) *Aegilops* przeniesionych do pszenżyta za pomocą manipulacji chromosomowych. Analizowano proces tworzenia się kompleksu synaptonemalnego pomiędzy koniugującymi chromosomami form mieszańcowych. Zaobserwowano różnice w tempie tworzenia się tego kompleksu, zidentyfikowano szereg konfiguracji chromosomowych, złożonych z chromosomów należących do różnych genomów. W rezultacie w kolejnym pokoleniu obserwowano aberracje chromosomowe.

Zidentyfikowano markery sprzężone z genami odporności na rdzę brunatną, mączniaka prawdziwego, fuzariozę kłosa i łamliwość podstawy źdźbła w formach mieszańcowych pszenżyta i pszenicy. Wykonano szereg krzyżowań między wybranymi formami mieszańcowymi celem piramidyzacji genów odporności, krzyżując addycyjne formy pszenżyta z chromosomem 2D (*Ae. tauschii*) z substytucyjnymi formami pszenżyta z chromosomem 2S



(*Ae. kotschyi*). Stopień porażenia roślin określano mikroskopowo i makroskopowo. Badano także zjawisko fragmentacji chromosomów będące efektem ekspresji genów gametocydalnych zlokalizowanych w chromosomie 4M *Ae. ovata*, które wykorzystano do tworzenia translokacyjnych lub telosomicznych form pszenżyta uprawnego za pomocą manipulacji chromosomowych i wyprowadzania linii podwojonych haploidów. Analizowano również mieszańce pszenżyta i pszenicy pod kątem odporności na fuzariozę. Ustalono skład chromosomowy mieszańców oraz selekcjonowano rośliny posiadające marker sprzężony z genem *Fhb1*. Ponadto, przeprowadzono szereg krzyżowań wstecznych z pszenżytem. Badano ekspresję genów odporności oraz typy odporności w inokulowanych roślinach mieszańcowych. Uzyskano formy pszenżyta i pszenicy posiadające gen lub geny warunkujące odporność na rdzę brunatną, łamliwość podstawy źdźbła, fuzariozę kłosa i mączniaka prawdziwego, których działanie zweryfikowano mikro- i makroskopowo.

#### *Lista projektów badawczych Zakładu*

##### *Zagraniczne*

EU FP7, LEGATO Consortium “LEGumes for the Agriculture of TOMorrow”, projekt nr 613551, 1 stycznia 2014 – 31 grudnia 2017, **B. Wolko**, M. Książkiewicz, B. Naganowska, S. Rychel

##### *Finansowane przez inne podmioty*

Rządowy Program Wieloletni: „Zwiększenie wykorzystania krajowego białka paszowego dla produkcji wysokiej jakości produktów zwierzęcych w warunkach zrównoważonego rozwoju”, uchwała RM nr 222/2015 z dnia 15.12.2015 r., 2016-2020, obszar badawczy 2 „Nowe metody i techniki dla ulepszenia wartości odmian roślin strączkowych”.

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-żywniowych oligosacharydów rodziny rafinozy oraz obniżenie podatności grochu na askochytozę”, **M. Gawłowska**, W. Święcicki, A. Durska, L. Boros L. (IHAR Radzików) Lahuta L. (UWM, Olsztyn).

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

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

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”, **A. Górny**, D. Ratajczak, K. Beczek.

Rządowy Program Wieloletni IHAR-PIB „Tworzenie naukowych podstaw postępu biologicznego i ochrona roślinnych zasobów genowych źródłem innowacji i wsparcia zrównoważonego rolnictwa oraz bezpieczeństwa żywnościowego kraju” Uchwała RM nr 104/205. 2016-2020. Umowa nr 8/PW 1.2 – IGR Poznań/2016 „Prowadzenie kolekcji zasobów genowych marginalnych roślin strączkowych gruboziarnistych”. 01 stycznia 2016 – 30 listopada 2016, **W. Rybiński**.

## NCN

PRELUDIUM: „Profile ekspresji wybranych genów warunkujących biosyntezę alkaloidów chinolizydynowych w różnych organach łubinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.)”, nr 2014/13/N/NZ9/03943, 27 stycznia 2015 – 26 stycznia 2017, **K. Kamel**, D. Ciesiołka, W. Święcicki.

PRELUDIUM 8: „Wpływ wzajemnych powiązań szlaków fotoperiodycznego i wernalizacyjnego na regulację terminu kwitnienia u łubinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.)”, nr 2014/15/N/NZ9/03919, 5 sierpnia 2015 – 4 sierpnia 2017. **S. Rychel**, opiekun B. Wolko.

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

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

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

SONATA 9: „Profilowanie transkryptomu łubinu wąskolistnego podczas interakcji roślina-patogen: poznanie molekularnych i genetycznych podstaw odporności na grzyby patogeniczne: *Colletotrichum lupini* i *Diaporthe toxica*” nr 2015/17/D/NZ9/02112, 3 marca 2016 - 2 marca 2019. **M. Książkiewicz**, J. Kaczmarek, S. Rychel i in.

## NCBiR

SEGENMAS „Sekwencjonowanie nowej generacji i mapowanie asocjacyjne jako metody generowania markerów molekularnych cech użytkowych łubinu wąskolistnego” nr PBS 3/A8/28/2015; 1 marca 2015 - 28 lutego 2018. Koordynator: **B. Wolko**, lider zad. 6: **B. Naganowska**; W. Święcicki, M. Książkiewicz, M. Kroc, E. Rudy, S. Rychel, W. Bielski.

## MRiRW

„Identyfikacja rejonów w genomie grochu, warunkujących wybrane parametry sprawności fizjologicznej, jako istotnego elementu odporności na stresy abiotyczne”. HORhn-801-PB-9/16 Zad. nr 40/2016, 1 stycznia 2016 – 31 grudnia 2016, **W. Święcicki**, M. Gawłowska, A. Górny, A. Niewiadomska (UP Poznań), L. Boros, A. Wawer, D. Ratajczak.

„Identyfikacja i sposób dziedziczenia genów warunkujących odporność na choroby grzybowe i niską zawartość alkaloidów w doskonaleniu wartości użytkowej łubinów, ze szczególnym uwzględnieniem łubinu żółtego”. Postęp Biologiczny Zad. nr 41/2016, 1 stycznia 2016 – 31 grudnia 2016, **W. Święcicki**, M. Kroc, K. Kamel, P. Barzyk, P. Wilczura, G. Koczyk.

„Analiza zmienności genetycznej i piramidyzacja genów warunkujących cechy użytkowe łubinu białego”. Postęp Biologiczny Zad. nr 42/2016, 1 stycznia 2016 – 31 grudnia 2016, **W. Rybiński**, W. Święcicki, P. Barzyk, P. Wilczura, Cz. Nawrot.

„Cecha wczesności kwitnienia u łubinu białego i łubinu żółtego – podstawy genetyczne i molekularne”. Postęp Biologiczny Zad. nr 39/2016, 1 stycznia 2014 – 31 grudnia 2020. **M. Książkiewicz**, B. Naganowska, B. Wolko, S. Rychel, W. Bielski, E. Rudy, M. Tomaszewska.

„Badanie typów odporności pszenżyta ozimego na fuzariozę kłosów za pomocą markerów fenotypowych i metabolicznych”. HORhn 078/PB/29/15, 3 stycznia 2015 – 31 grudnia 2020; **H. Wiśniewska**, M. Kwiatek, M. Majka.

„Wykorzystanie markerów molekularnych i fenotypowych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła powodowaną przez *Oculimacula yallundae* i *Oculimacula aciformis*”. HORhn 078/PB/29/15, 3 stycznia 2015 – 31 grudnia 2020; **H. Wiśniewska**, M. Gawłowska, M. Kwiatek, M. Majka.

#### Lista publikacji Zakładu wydanych w 2016 r.

Bocianowski J., Górczak K., Nowosad K., Rybiński W., Piesik D. (2016). Path analysis and estimation of additive and epistatic gene effects of barley SSD lines. *Journal of Integrative Agriculture* 15 (9): 1983-1990. DOI: 10.1016/S2095-3119(15)61243-6. IF<sub>2015</sub>=0,724; MNiSW<sub>2016</sub>=25

Gawłowska M., Świącicki W. (2016). The *fa2* gene and molecular markers mapping in the *gp* segment of the *Pisum* linkage group V. *Journal of Applied Genetics* 57(3): 317-322. IF<sub>2015</sub>=1,929; MNiSW<sub>2015</sub>=20

Książkiewicz M., Rychel S., Nelson M.N., Wyrwa K., Naganowska B., Wolko B. (2016). Expansion of the phosphatidylethanolamine binding protein family in legumes: a case study of *Lupinus angustifolius* L. *FLOWERING LOCUS T* homologs, *LanFTc1* and *LanFTc2*. *BMC Genomics* 17: 820. DOI 10.1186/s12864-016-3150-z. IF<sub>2015</sub>=3,867; MNiSW<sub>2016</sub>=40

Kwiatek M., Belter J., Majka M., Wiśniewska H. (2016). Allocation of the S-genome chromosomes of *Aegilops variabilis* Eig. carrying powdery mildew resistance genes in triticale (*X Triticosecale* Wittmack). *Protoplasma* 253(2): 329-343. IF<sub>2015</sub>=2,343; MNiSW<sub>2015</sub>=30

Kwiatek M., Majka M., Chojnicka J., Suchowilska E., Wiwart M., H. Wiśniewska (2016). Interspecific polymorphism of cytogenetic markers mapped of chromosomes *Triticum polonicum* L. *PlosOne* 11(7): e0158883. DOI: 10 1371/journal pone 0158883. IF<sub>2015</sub>=3,057; MNiSW<sub>2015</sub>=35

Kwiatek M., Majka M., Ślusarkiewicz-Jarzina A., Ponitka A., Pudelska H., Belter J., Wiśniewska H. (2016). Inheritance of the *Aegilops ovata* chromosomes carrying gametocidal factors in hexaploid triticale (*X Triticosecale* Wittm.) hybrids. *Journal of Applied Genetics* 57(3): 305-315. IF<sub>2015</sub>=1,929; MNiSW<sub>2015</sub>=20

Majka J., Majka M., Kwiatek M., Wiśniewska H. (2016). Similarities and differences in the nuclear genome organization within Pooideae species revealed by comparative genomic in situ hybridization (GISH). *Journal of Applied Genetics* DOI 10.1007/s13353-016-0369-y. IF<sub>2015</sub>=1,929; MNiSW<sub>2015</sub>=20

Majka M., Kwiatek M., Belter J., Wiśniewska H. (2016). Characterisation of morphology and resistance to *Blumeria graminis* of winter triticale monosomic addition lines with 2D of *Aegilops tauschii*. *Plant Cell Reports* 35(10):2125-35. IF<sub>2015</sub>=3,088; MNiSW<sub>2015</sub>=35

Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Gudyś K., Krystkowiak K., Sawikowska A., Frohmberg W., Górny A., Kędziora A., Jankowiak J., Józefczyk D., Karg G., Andrusiak J., Krajewski P.,

- Szarejko I., Surma M., Adamski T., Guzy-Wróbelska J., Kuczyńska A. (2016). Quantitative trait loci for yield and yield-related traits in spring barley populations derived from crosses between European and Syrian cultivars. *PlosOne* 11(5): e0155938, DOI: 10.1371/journal.pone.0155938. IF<sub>2015</sub>=3,057; MNiSW<sub>2016</sub>=35
- Perlikowski D., Wiśniewska H., Kaczmarek Z., Góral T., Ochodzki P., Kwiatek M., Majka M., Augustyniak A., Kosmala A. (2016). Alterations in kernel proteome after infection with *Fusarium culmorum* in two triticale cultivars with contrasting resistance to *Fusarium* head blight. *Frontiers in Plant Science* 7: 1217. DOI 10.3389/fpls.2016.011217. IF<sub>2015</sub>=4,495; MNiSW<sub>2015</sub>=40
- Podyma W., Boczkowska M., Wolko B., Dostatny D.F. (2016). Morphological, isoenzymatic and ISSRs-based description of diversity of eight sand oat (*Avena strigosa* Schreb.) landraces. *Genetic Resources and Crop Evolution* 36: 49-60. DOI 10.1007/s10722-016-0464-2. IF<sub>2015</sub>=1,258; MNiSW<sub>2015</sub>=30
- Góral T., Wiśniewska H., Ochodzki P., Walentyn-Góral D. (2016). Higher Fusarium Toxin Accumulation in Grain of Winter Triticale Lines Inoculated with *Fusarium culmorum* as Compared with Wheat. *Toxins* 8(10): 301 DOI: 10.3390/toxins8100301. IF<sub>2015</sub>=3,571; MNiSW<sub>2016</sub>=35
- Kamel K.A., Święcicki W., Kaczmarek Z., Barzyk P. (2016). Quantitative and qualitative content of alkaloids in seeds of a narrow-leafed lupin (*Lupinus angustifolius* L.) collection. *Genetic Resources and Crop Evolution* 63: 711-719. IF<sub>2015</sub>=1,258; MNiSW<sub>2015</sub>=30
- Surma M., Adamski T., Wiśniewska H., Kaczmarek Z., Mejza I., Mejza S., Kuczyńska A., Krystkowiak K., Mikołajczak K., Ogrodowicz P. Uni- and multivariate approaches to evaluating the susceptibility of wheat hybrids to *Fusarium* head blight. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding* 52(2016): 132-138. IF<sub>2015</sub>=0,476; MNiSW<sub>2015</sub>=15
- Susek K., Bielski W., Hasterok R., Naganowska B., Wolko B. (2016). A first glimpse of wild lupin karyotype variation as revealed by comparative cytogenetic mapping. *Frontiers in Plant Science* 7: 1152. DOI 10.3389/fpls.2016.01152. IF<sub>2015</sub>=4,495; MNiSW<sub>2015</sub>=40
- Wiśniewska H., Surma M., Krystkowiak K., Adamski T., Kuczynska A., Ogrodowicz P., Mikołajczak K., Belter J., Majka M., Kaczmarek Z., Krajewski P., Sawikowska A., Lenc L., Batura-Ciesniewska A., Łukanowski A., Góral T., Sadowski Cz. (2016). Simultaneous selection for yield-related traits and susceptibility to *Fusarium* head blight in spring wheat RIL population. *Breeding Science* 66(2): 281–292. IF<sub>2015</sub>=1,543; MNiSW<sub>2015</sub>=30
- Wyrwa K., Książkiewicz M., Szczepaniak A., Susek K., Podkowiński J., Naganowska B. (2016). Integration of *Lupinus angustifolius* L. (narrow-leafed lupin) genome maps and comparative mapping within legumes. *Chromosome Research* 24 (3): 355–378. DOI 10.1007/s10577-016-9526-8. IF<sub>2015</sub>=2,590; MNiSW<sub>2015</sub>=25
- Zawieja B., Rybiński W., Nowosad K., Piesik D., Bocianowski J. (2016). Testing of uniformity of seven *Lathyrus* species using Bennett's and Miller's methods. *Euphytica* 208: 123-128. IF<sub>2015</sub>=1,618; MNiSW<sub>2015</sub>=35
- Kwiatek M., Wiśniewska H., Korbas M., Gawłowska M., Belter J., Majka M., Danielewicz J. (2016). How do eyespot resistance genes transferred into winter wheat breeding lines affect their yield? *Journal of Plant Protection Research* 56(4): 319-322. MNiSW<sub>2015</sub>=15

## ZAKŁAD ZINTEGROWANEJ BIOLOGII ROŚLIN

Kierownictwo Zakładu	dr hab. Robert Malinowski	
Zespół Biologii Systemów Roślinnych	dr hab. Robert Malinowski dr William Truman dr Karolina Stefanowicz mgr inż. Fatema Bakro mgr inż. Sara Blicharz mgr inż. Marcin Olszak mgr inż. Piotr Walerowski mgr Soham Mukhopadhyay	
Zespół Nanobiotechnologii i Biosyntezy Metabolitów Wtórnych	dr Franklin Gregory mgr Preeti Shakya	
Zespół Inżynierii Ściany Komórkowej Roślin	dr Jorge Paiva mgr Carolina Gomes	
Liczba publikacji ogółem	10	
w tym z „listy A MNiSW”	8	
w innych czasopismach	0	
monografii i rozdziałów	2	
Liczba kierowanych projektów ogółem	4	
w tym Unii Europejskiej	1	
NCN/NCBiR/POIG	4	
MRiRW	0	
inne	0	

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

### Zespół Biologii Systemów Roślinnych

Badano molekularne, komórkowe oraz biochemiczne aspekty interakcji między chorobotwórczym pierwotniakiem *Plasmodiophora brassicae* a modelową rośliną *Arabidopsis thaliana*. W tym zakresie sporządzono model przeprogramowania postępu cyklu komórkowego oraz różnicowania komórek prowadzący do powstania guzów oraz wykonano opis przeprogramowania rozwoju floemu i aktywności białek odpowiedzialnych za rozładunek cukrów z floemu do pobliskich skupisk patogena, zlokalizowanych w powstałych guzach. Rozpoczęto badania w zakresie proteomiki przemian ścian komórkowych po infekcji *A. thaliana* przez *P. brassicae* oraz molekularnych aspektów detekcji patogena.

Praca dotyczy też modyfikacji architektury roślin grochu oraz przeprogramowania rozwoju floemu w odpowiedzi na stresi abiotyczne z zastosowaniem odwrotnej genetyki. Uzyskano pokolenie M2 po mutagenезie. Wykazano, że w trakcie suszy następują zmiany ekspresji transporterów osmotycznie czynnych form cukru.



### **Zespół Inżynierii Ściany Komórkowej Roślin**

Prace Zespołu dotyczą poznania genetycznych oraz biochemicznych mechanizmów odpowiedzialnych za przemiany ściany komórkowej u wierzby purpurowej (*Salix purpurea*). Opracowano metodę regeneracji wierzby purpurowej w kulturze *in vitro*. Wytypowano geny referencyjne do ilościowych badań zmian transkryptu oraz scharakteryzowano zmiany aktywności niektórych genów zaangażowanych w produkcję metabolitów wtórnych oraz regulację alokacji biomasy poprzez zmiany wtórnej ściany komórkowej. Ponadto badano wpływ czynników związanych metylacją i demetylacją DNA na kiełkowanie nasion *Medicago truncatula*.

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

Rozpoczęto badania w zakresie biologicznych aspektów wykorzystania nanocząsteczek metalicznych. Wyizolowano geny odpowiedzialne za zjawisko oporności na transformację *Agrobacterium* i transfer T-DNA do genomu dziurawca (*Hypericum* sp.). We współpracy z Zakładem Genetyki Patogenów i Odporności Roślin oraz Instytutem Ochrony Roślin – PIB przetestowano wpływ nanocząsteczek metalicznych na regenerację roślin *in vitro* oraz odporność roślin tytoniu na wirusa mozaiki tytoniu.

#### *Lista projektów badawczych Zakładu*

##### *Zagraniczne*

EU FP7, ERA Chairs-Pilot Call-2013 “The creation of the Department of Integrative Plant Biology” projekt nr 611321, 1 września 2014 – 31 sierpnia 2019, **M. Jędrzycka**, R. Malinowski, A. Stachowiak-Szrejbrowska

##### *NCN*

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

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

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

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



*Lista publikacji Zakładu wydanych w 2016 r.*

- Franklin G., Beerhues L., Cellárová E. (2016). Molecular and biotechnological advancements in *Hypericum* species. *Frontiers in Plant Science* 7: 1687. DOI: 10.3389/fpls.2016.01687. IF<sub>2016</sub>=4,495; MNiSW<sub>2016</sub>=40
- Hou W., Shakya P., Franklin G. (2016). A Perspective on *Hypericum perforatum* genetic transformation. *Frontiers in Plant Science* 7: 879. DOI: 10.3389/fpls.2016.00879. IF<sub>2016</sub>=4,495; MNiSW<sub>2016</sub>=40
- Malinowski R., Novak O., Borhan MH, Spichal L., Strnas M., Rolfe SA. (2016). The role of cytokinins in clubroot disease. *European Journal of Plant Pathology* 145(3): 543-557. DOI: 10.1007/s10658-015-0845-y. IF<sub>2016</sub>=1,494; MNiSW<sub>2016</sub>=30
- Marslin G., Sarmiento B.F.C.C., Franklin G., Martins J.A.R., Silva C.J.R., Gomes A.F.C., Sárria M.P., Coutinho O.M.F.P., Dias A.C.P. (2016). Curcumin Encapsulated into Methoxy Poly(Ethylene Glycol) Poly(ε-Caprolactone) Nanoparticles Increases Cellular Uptake and Neuroprotective Effect in Glioma Cells. *Planta Medica* 82: 1-11. DOI: <http://dx.doi.org/10.1055/s-0042-112030>. IF<sub>2016</sub>=2,152; MNiSW<sub>2016</sub>=25
- Ribeiro T.M., Barrela R.M., Berges H., Marques C., Loureiro J., Morais-Cecilio L., Paiva J.A.P. (2016). Advancing Eucalyptus Genomics: Cytogenomics Reveals Conservation of Eucalyptus Genomes. *Frontiers in Plant Science* 7:510. DOI: 10.3389/fpls.2016.00510. IF<sub>2016</sub>=4,495; MNiSW<sub>2016</sub>=40
- Rolfe S.A., Strelkov S., Links M., Clarke W.E., Robinson S., Djavaheri M., Malinowski R., Haddadi P., Kagale S., Parkin I., Taheri A., Borhan M.H. (2016). The compact genome of the plant pathogen *Plasmodiophora brassicae* is adapted to intracellular interactions with host *Brassica* spp. *BMC Genomics* 17: 272. DOI: 10.1186/s12864-016-2597-2. IF<sub>2016</sub>=3,867; MNiSW<sub>2016</sub>=35
- Siram K., Marslin G., Raghavan Ch. V., Balakumar K., Rahman H., Franklin G. (2016). A brief perspective on the diverging theories of lymphatic targeting with colloids. *International Journal of Nanomedicine* 11: 2867-2872. IF<sub>2016</sub>=4,320; MNiSW<sub>2016</sub>=35
- Siram K., Raghavan C.V., Marslin G., Rahman H., Divakar S., Balakumar K. Franklin G. (2016). Quillaja saponin: A prospective emulsifier for the preparation of solid lipid nanoparticles. *Colloids and surfaces B: Biointerfaces* 147: 274-280. DOI: 10.1016/j.colsurfb.2016.07.065. IF<sub>2016</sub>=3,902; MNiSW<sub>2016</sub>=35
- Parreira J.R., Branco D., Almeida A.M., Czubačka A., Agacka-Moldoch M., Paiva J.A.P., Tavares-Cadete F., Araújo S.S. (2016). Systems Biology approaches to improve drought stress in plants: State of the art and future challenges in Drought Tolerance in Plants, Vol 2: Molecular and Genetic Perspectives”. Springer.
- Singh RK, Hou W., Franklin G. (2016). Construction of Hypericin Gland-Specific cDNA Library via Suppression Subtractive Hybridization in *Methods Molecular Biology*, Vol. 1391, S.Mohan Jain (Eds): *Protocols for In Vitro Cultures and Secondary Metabolite Analysis of Aromatic and Medicinal Plants*, Second Edition, 978-1-4939-3330-3, 326657\_2\_En, (22).

## WSPÓLPRACA KRAJOWA

### Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

- Analiza sekwencji aminokwasowej białek alergicznych tworzonych przez grzyby rodzaju *Leptosphaeria* (publikacja)
- Monitoring aerobiologiczny grzybów rodzaju *Cladosporium* (publikacja)
- Analizy bioinformatyczne genomu *L. angustifolius* (publikacja)
- Molekularne podstawy tolerancji rzepaku na stres solny (projekt badawczy)
- Rola tlenu azotu (NO) w metabolizmie roślinnym (projekt badawczy, publikacje)
- Analiza mikroskopowa przebiegu somatycznej embriogenezy miskanta (publikacja)
- Analiza mechanizmów dywergencji strukturalnej i funkcjonalnej homeologów wybranych genów należących do rodziny PP2C (kodujących fosfatazy białkowej) u gatunków rodzaju *Brassica* (publikacja, projekt badawczy)
- Uzyskanie roślin ziemniaka *S. tuberosum* odm. Desiree z wyłączoną ekspresją genu *SsBBX24* (projekt badawczy)
- Przewidywanie struktury drugorzędowej i trzeciorzędowej białek StZPR1 i StBBX24 z *S. tuberosum* w oparciu o modelowanie porównawcze (publikacje)
- Otrzymywanie superparamagnetycznych bionanocząstek typu rdzeń/otoczka na przykładzie tlenu żelaza i HBcAg (projekt badawczy)
- Funkcjonalna adnotacja sekwencji końców klonów BAC z biblioteki genomu *L. angustifolius* w celu identyfikacji genów kandydujących dla ważnych cech użytkowych (projekt badawczy)

### Uniwersytet Ekonomiczny w Poznaniu

- Saponiny buraka jako czynnik wpływający na jakość produktów żywnościowych (publikacja)

### Uniwersytet Medyczny w Poznaniu

- Monitoring aerobiologiczny zarodników grzybów rodzaju *Cladosporium* (publikacja)

### Uniwersytet Jagielloński w Krakowie

- Pan-europejski monitoring zarodników grzybów rodzaju *Alternaria* (publikacja)
- Analiza fizycznego rozmieszczenia wybranych sekwencji powtarzalnych (FISH) w chromosomach agamicznych, poliploidalnych przedstawicieli sekcji *Palustria* (projekt badawczy)

### Uniwersytet Łódzki

- Identyfikacja molekularna mikroorganizmów o zdolnościach do degradacji ksenobiotyków o właściwościach endokrynych (projekt badawczy)

### Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu

- Fizjologiczna i genetyczna kontrola rozwoju kwiatów i owoców u roślin strączkowych (projekt badawczy - Program Wieloletni)

### Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

- Udział w konsorcjum NCBiR SEGENMAS

### Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

#### Wydział Budownictwa i Inżynierii Środowiska

- Charakteryzacja środowisk antropogenicznych dla sekwencjonowania grzybowych próbek środowiskowych (projekt badawczy)

- Badania nad metabolitami wtórnymi w produktach żywnościowych pochodzenia roślinnego (publikacje)
- Metabolity lotne produkowane w kulturach grzybów z rodzaju *Trichoderma* (publikacja)

#### **Wydział Nauk o Żywności i Żywieniu**

- Otrzymanie szczepionki doustnej przeciwko HBV (publikacja)
- Badania nad metabolitami wtórnymi w produktach żywnościowych pochodzenia roślinnego (publikacje)
- Metabolity lotne produkowane w kulturach grzybów z rodzaju *Trichoderma* (publikacja)
- Udział w konsorcjum NCBiR SEGENMAS i w pracach na rzecz MRiRW (projekty badawcze)

#### **Wydział Ogrodnictwa i Architektury Krajobrazu**

- Zastosowanie metod aerobiologicznych w systemach wspierania decyzji w ochronie roślin (projekt badawczy, publikacje)
- Identyfikacja gatunkowa izolatów grzybów z rodzaju *Trichoderma* infekujących *Agaricus bisporus* i *Pleurotus* sp. (publikacje)

#### **Wydział Rolnictwa i Bioinżynierii**

- Analiza statystyczna doświadczeń jednopowtórzeniowych (projekty badawcze)
- Poznanie sekwencji i organizacji wybranych genów kodujących enzymy szlaku fenylopropanoidów oraz ich lokalizacja genetyczna i fizyczna w genomie jądrowym łubinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.) (projekt badawczy, złożona publikacja)
- Współpraca w ramach realizacji zadań projektu NCBiR BIOTRIGEN (projekt badawczy)
- Identyfikacja źródeł odporności genetycznej na kiłę kapusty i suchą zgniliznę kapustnych u mieszańców międzygatunkowych w obrębie rodzaju *Brassica* (projekt badawczy, doniesienia konferencyjne, publikacja)
- Analiza serii doświadczeń w celu określenia interakcji genotypowo-środowiskowej (publikacje)

#### **Wydział Technologii Drewna**

- Analiza zawartości mykotoksyn w próbach ziarna zbóż i kulturach grzybów oraz ocena zdolności do rozkładu mykotoksyn fuzaryjnych przez gatunki *Trichoderma* i *Clonostachys* (projekt badawczy, publikacje, złożone wnioski o finansowanie projektów badawczych)
- Badania nad metabolitami wtórnymi w produktach żywnościowych pochodzenia roślinnego (publikacje, projekty badawcze)
- Ocena podatności nowych, chlebowych odmian pszenicy ozimej na fuzariozę kłosa i akumulację mykotoksyn w ziarnie w aspekcie przydatności w określonych gałęziach przemysłu zbożowego (młynarstwo, piekarstwo) jak i ochrony zdrowia konsumentów (projekt badawczy, publikacja)
- Metody wyboru najlepszych genotypów rzepaku ozimego na podstawie analizy genetycznej ich potomstwa porównywanego serii doświadczeń populacyjnych i mieszańcowych (projekt badawczy)
- Modelowanie statystyczne cech jęczmienia (projekt badawczy)

#### **Uniwersytet Przyrodniczy w Wrocławiu**

- Identyfikacja grzybów entomopatogenicznych z kopalń i jaskiń (zgłoszenie patentowe)

### **Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie**

- Monitoring aeropalinologiczny (publikacja)
- Identyfikacja molekularna i analiza filogenetyczna wybranych gatunków roślin (publikacja)
- Zastosowanie metod aerobiologicznych w systemach wspierania decyzji w ochronie roślin (projekt badawczy, publikacje)
- Opracowanie jednolitej metodyki oznaczania substancji antyżywnościowych w rodzaju *Lathyrus*, ze szczególnym uwzględnieniem zawartości neurotoksyn (ODAP) oraz ocena zmienność składu chemicznego nasion materiałów kolekcyjnych roślin bobowatych (publikacje)

### **Uniwersytet Przyrodniczo-Humanistyczny w Siedlcach**

- Wpływ porażenia grzybem *Sclerotinia sclerotiorum* na skład chemiczny, plon oraz wartość opałową słomy rzepaku i ślazuwca pensylwańskiego (publikacje)

### **Uniwersytet Rolniczy w Krakowie**

- Tolerancja stresów abiotycznych u traw kompleksu *Lolium-Festuca* (publikacje, projekt badawczy, projekt badawczy)
- Udział w konsorcjum NCBiR SEGENMAS (projekt badawczy)

### **Uniwersytet Rzeszowski**

- Zastosowanie metod aerobiologicznych w systemach wspierania decyzji w ochronie roślin (projekt badawczy, publikacje)

### **Uniwersytet Śląski w Katowicach**

- Analizy genomu *Lupinus* w kontekście rearanżacji chromosomowych i zmian epigenetycznych (projekty badawcze, publikacja)
- Genotypowanie linii RIL jęczmienia jarego i konstrukcja mapy genetycznej (publikacje, projekt badawczy)
- Analiza fizycznego rozmieszczenia wybranych sekwencji powtarzalnych (FISH) w chromosomach gatunków inwazyjnych z rodzaju *Fallopia* (publikacja)

### **Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy w Bydgoszczy**

- Współpraca w zakresie cytometrii przepływowej (publikacja, doniesienie konferencyjne)
- Identyfikacja i analiza ilościowa mykotoksyn fuzaryjnych w ziarniakach pszenicy (publikacja)

### **Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie**

- Badania nad zawartością oligosacharydów w nasionach roślin strączkowych (projekt badawczy)
- Mechanizmy determinacji płci u wątrobowców (projekt badawczy)
- Współpraca w ramach projektu NCN Purple Walls (konsultacje w projekcie badawczym)

### **Politechnika Poznańska**

- Stworzenie hybrydowej, bazującej na metagenomie metodyki oceny różnorodności biologicznej i potencjału toksykogenicznego grzybów środowisk antropogenicznych (projekt badawczy)
- Identyfikacja gatunkowa grzybów izolowanych z bibliotek, muzeów, archiwów i garbarni (publikacje)

### **Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie**

- Współpraca w zakresie mikroskopii elektronowej (publikacja, doniesienie konferencyjne)
- Określenie tkankowej lokalizacji białka DHN24 przy zastosowaniu metod immunofluorescencyjnych (publikacja)

### **Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie**

- Modelowanie matematyczne zależności pomiędzy obfitością zarodnikowania grzybów a warunkami klimatycznymi (publikacje)

### **Instytut Agrofizyki PAN w Lublinie**

- Widma hiperspektralne i termoobrazowanie roślin porażonych przez grzyby (publikacja)
- Detekcja oraz charakterystyka molekularna i metaboliczna toksynotwórczych grzybów termoopornych (*Neosartorya fischeri* i *Byssochlamys fulva*) (projekt badawczy)
- Opracowanie parametrów geometrycznych i właściwości mechanicznych (fizycznych) nasion roślin strączkowych pod względem ich odporności na obciążenia mechaniczne (publikacje)

### **Instytut Biotechnologii i Antybiotyków w Warszawie**

- Otrzymanie szczepionki doustnej i iniekcyjnej przeciwko HBV (publikacja)

### **Instytut Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu**

- Wykorzystanie spektrometrii mas do identyfikacji białek uczestniczących w ekspresji odporności na mróz u *Lolium perenne* (projekt badawczy)
- Analizy HPLC/MS bioaktywnych metabolitów wtórnych roślin uprawnych (publikacje, doniesienia konferencyjne, projekty badawcze)
- Mapowanie genomu łubinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.), analizy liczby kopii genów zaangażowanych w proces biologicznego wiązania azotu atmosferycznego (projekt badawczy, publikacja)
- Analiza akumulacji metabolitów pierwotnych w warunkach deficytu wody u traw kompleksu *Lolium-Festuca* (publikacja)
- Analiza zmienności form jęczmienia jarego w warunkach deficytu wody (publikacja)
- Analizy bioinformatyczne sekwencji genów COMT i CCoAOMT pod kątem ich skuteczności w trakcie wyciszania genów biorących udział w szlaku syntezy ligniny (projekt badawczy)
- Badanie zależności pomiędzy profilem fenolowych metabolitów wtórnych oraz poziomem ekspresji genów szlaku fenylopropanoidów w siewkach łubinu wąskolistnego podczas oceny odporności na infekcję patogenem grzybowym (projekt badawczy)
- Współpraca w ramach Programu Wieloletniego (projekt badawczy)

### **Instytut Ekologii Terenów Przemysłowych w Katowicach**

- Zastosowanie innowacyjnej metody mikropropagacji in vitro do produkcji sadzonek różnych gatunków miskanta dla potrzeb bioenergetyki, fitoremediacji i rekultywacji (projekt badawczy)

### **Instytut Fizjologii Roślin PAN w Krakowie**

- Określenie fizjologicznych wskaźników odporności na suszę odmian i materiałów hodowlanych roślin strączkowych (projekt badawczy)
- Udział w konsorcjum NCBI R SEGENMAS (projekt badawczy)

### **Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB w Radzikowie (oraz Oddziały w Poznaniu i Krakowie)**

- Koordynacja bazy danych zasobów genowych *Lupinus* i *Pisum* (projekty badawcze)
- Badanie odporności genotypów pszenżyta na fuzariozę kłosów i akumulację mykotoksyn fuzaryjnych w ziarnie (projekt badawczy, publikacja)
- Identyfikacja białek związanych z odpornością na fuzariozę kłosów u pszenicy i pszenżyta (publikacje)



- Poszukiwanie, tworzenie, ocena i gromadzenie źródeł odporności na fuzariozę kłosów u pszenicy (projekt badawczy, publikacja)
- Molekularna identyfikacja gatunków i chemotypów *Fusarium* w próbach pszenicy (publikacja)
- Statystyczne opracowanie doświadczeń z rzepakem ozimym (publikacja)
- Analiza funkcji wybranych genów należących do rodziny PP2C (kodujących fosfatazy białkowe) u rzepaku (publikacje)
- Ocena zmienności składu chemicznego nasion gatunków z rodzaju *Lathyrus*, *Cicer*, *Vicia* i *Lupinus* (publikacje)

#### **Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN we Wrocławiu**

- Opracowanie metodyki immunizacji doustnej przeciwko HBV z użyciem szczepionki pochodzenia roślinnego (publikacja)

#### **Instytut Ogrodnictwa w Skierniewicach:**

- Cytogenetyczna identyfikacja mieszańców *Brassica oleracea* × *Brassica napus* (projekt badawczy)

#### **Instytut Środowiska Rolniczego i Leśnego PAN w Poznaniu**

- Modelowanie matematyczne zależności pomiędzy obfitością zarodnikowania grzybów a zmianami klimatu (publikacja)

#### **Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich w Poznaniu**

- Analizy HPLC/MS aktywnych biologicznie komponentów roślin zielarskich (publikacja, doniesienia konferencyjne)

#### **Poznańska Hodowla Roślin Spółka z o.o.**

- Koordynacja krajowej kolekcji rodzaju *Pisum* i *Lupinus* (projekty badawcze)
- Opracowanie metod skracania cyklu hodowlanego roślin strączkowych (projekt badawczy, publikacje)
- 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 badawczy)
- Identyfikacja genów warunkujących zawartość alkaloidów oraz zawiązywanie i utrzymywanie organów generatywnych u łubinów (projekt badawczy)
- Uzyskiwanie linii podwojonych haploidów pszenicy z wykorzystaniem kultur *in vitro* (projekty badawcze)
- Udział w konsorcjum NCBiR SEGENMAS (projekt badawczy)

#### **Hodowla Roślin DANKO Choryń Spółka z o.o.**

- Uzyskiwanie linii podwojonych haploidów pszenicy, pszenżyta ozimego i jarego z wykorzystaniem kultur *in vitro* (projekty badawcze)
- Współpraca w ramach realizacji zadań projektu NCBiR BIOTRIGEN (projekt badawczy)
- Badanie wpływu środowiska na kształtowanie się cech technologicznych ziarna pszenicy (projekt badawczy)
- Ocena porażenia kłosa 200 linii RIL jęczmienia na podstawie fenotypowania w doświadczeniach polowych przeprowadzonych w trzech miejscowościach z zastosowaniem inokulacji zarodnikami grzybów z rodzaju *Fusarium* jak i w warunkach naturalnego porażenia (projekt badawczy)
- Prowadzenie kompleksowego doświadczenia polowego z odmianami *Festulolium* w ramach międzynarodowego konsorcjum (projekt badawczy)
- Tolerancja stresów abiotycznych u traw kompleksu *Lolium-Festuca* (projekt badawczy)



#### **Hodowla Roślin Smolice Spółka z o.o.**

- Poszukiwanie i ocena różnych form łubinów i grochów tolerancyjnych na przymrozki i przystosowanych do wczesnych wysiewów (projekt badawczy)
- Uzyskiwanie linii podwojonych haploidów pszenicy, pszenżyta ozimego i jarego z wykorzystaniem kultur *in vitro* (projekty badawczy)
- Analiza zmienności genetycznej i piramidyżacja genów warunkujących cechy użytkowe łubinu białego (projekt badawczy, doniesienie konferencyjne)
- Udział w konsorcjum NCBiR SEGENMAS (projekt badawczy)

#### **Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o.o**

- Zbadanie sposobu dziedziczenia i opracowanie skuteczne metody selekcji dla pęknięcia okrywy nasiennej u bobiku niskotaninowego, samokończącego (projekt badawczy)
- Uzyskiwanie linii podwojonych haploidów pszenicy, pszenżyta ozimego i jarego z wykorzystaniem kultur *in vitro* (projekty badawcze)

#### **Małopolska Hodowla Roślin HBP Sp. z o.o.**

- Uzyskiwanie linii podwojonych haploidów pszenicy, pszenżyta ozimego i jarego z wykorzystaniem kultur *in vitro* (projekty badawcze)
- Współpraca w ramach realizacji zadań projektu NCBiR BIOTRIGEN (projekt badawczy)
- Współpraca w realizacji tematyki związanej z wpływem środowiska na skład białek własności reologicznej pszenicy (projekt badawczy)

#### **Agrii Polska Sp. z o.o. Poznań**

- Ocena skuteczności zapraw nasiennych w ochronie rzepaku przed kiłą kapusty (ekspertyza)

#### **Agromor Sp. jawna Sławno**

- Ocena żywotności i zdrowotności nasion zbóż i łubinu (ekspertyza)

#### **AlgaeLabs Sp. z o.o. Wrocław**

- Identyfikacja zanieczyszczeń w kulturach mikroalg (publikacja)

#### **DuPont Poland Sp. z o.o Warszawa**

- System Prognozowania Epidemii Chorób (SPEC) - optymalizacja terminu ochrony chemicznej rzepaku przed suchą zgnilizną kapustnych w Polsce (ekspertyza)

#### **Innvigo Sp. z o.o Warszawa**

- Ocena wrażliwości grzybów na wybrane fungicydy w warunkach *in vitro* (ekspertyza)

#### **Limagrain Central Europe Societe Europeenne Spółka Europejska, Oddział w Polsce**

- Ocena odporności odmian rzepaku z portfolio firmy Limagrain na suchą zgniliznę kapustnych i kiłą kapusty (ekspertyza)

#### **Medana Pharma SA, Sieradz**

- Otrzymanie szczepionki doustnej przeciwko HBV (4 patenty krajowe, 1 zgłoszenie patentowe międzynarodowe, konsorcjum naukowo-przemysłowe)

## **WSPÓŁPRACA Z ZAGRANICĄ**

### **Współpraca bezpośrednia IGR PAN z partnerami zagranicznymi**

#### **Prowadzona w ramach umów**

Australia, Western Australian Agriculture Authority, South Perth, Genetic Material Transfer Agreement, 20 grudnia 2012 – 19 grudnia 2015; przedłużona do 31.12.2017. Współpraca

dotyczy wspólnej analizy genetycznej materiałów roślinnych (populacja mapująca *Lupinus albus*) (B. Naganowska).

Wielka Brytania, Aberystwyth University, Material Transfer Agreement, 5 maja 2014 – 4 maja 2019. Współpraca w ramach programu „Plonowanie, zmienność genetyczna i interakcja G x E najnowszych klonów *Miscanthus* ssp. w różnych lokalizacjach Europy”.

Wielka Brytania, Aberystwyth University, porozumienie o współpracy naukowej (Memorandum of Understanding), 1 listopada 2014 – 31 października 2017.

Institute of Experimental Botany, Republika Czeska, Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań, porozumienie o współpracy naukowej (Memorandum of Understanding), 1 listopada 2014 – 31 października 2017.

Umowa o współpracy naukowej (Memorandum of Understanding) między Crops Research Institute Anhui Academy of Agricultural Sciences, Hefei, Chiny oraz Instytutem Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, podpisana w dniu 10 listopada 2016.

### **Prowadzona bez umów**

Dynamika zmian genomu w ewolucji i utrzymaniu zdolności symbiotycznego wiązania azotu, w świetle starych ewolucyjnie linii roślin strączkowych (K. Wyrwa). Kew Botanical Gardens, Wakehurst, Wielka Brytania – wymiana osobowa

Oxford e-Research Centre, University of Oxford, Wielka Brytania (P. Krajewski, H. Ćwiek-Kupczyńska) – publikacja

Bioersity International, Montpellier, Francja (P. Krajewski, H. Ćwiek-Kupczyńska) – publikacja

Forschungszentrum Jülich, Niemcy (P. Krajewski, H. Ćwiek-Kupczyńska) – publikacja

Identyfikacja cyklicznych peptydów syntetyzowanych przez grzyby patogeniczne (Ł. Stępień, M. Urbaniak). Norwegian Veterinary Institute, Oslo, Norwegia – projekt bilateralny nieformalny, staż naukowy

Analiza patogenicznych grzybów rodzaju *Fusarium* infekujących czosnek *Allium sativum* (Ł. Stępień). Technical University, Madryt, Hiszpania – projekt bilateralny nieformalny, staże w IGR dwóch gości zagranicznych

Detekcja molekularna zarodników grzybów obecnych w powietrzu (M. Jędrzycka, J. Kaczmarek). Rothamsted Research, Wielka Brytania – publikacje

Monitoring aerobiologiczny (M. Jędrzycka, J. Kaczmarek). University of Worcester, Wielka Brytania – publikacja

Detekcja molekularna grzybów rodzaju *Verticillium* w roślinach rzepaku i glebie (M. Jędrzycka, J. Kaczmarek). Lithuanian Research Center for Agriculture and Forestry, Litwa – staż doktoranta z Litwy (opiekun: M. Jędrzycka)

Oznaczenie patotypów *Plasmodiophora brassicae* (M. Jędrzycka, J. Kaczmarek). Czech University of Life Sciences Prague, Department of Plant Protection, Republika Czeska – publikacja

Oznaczenie patotypów *Plasmodiophora brassicae* (M. Jędrzycka, J. Kaczmarek). JKI-Federal Research Centre for Cultivated Plants, Institute of Resistance Research and Stress Tolerance, Quedlinburg, Niemcy – publikacja

Oznaczenie patotypów *Plasmodiophora brassicae* (M. Jędrzycka, J. Kaczmarek). University of Alberta, Department of Agricultural, Food and Nutritional Science, Edmonton, Kanada – publikacja

Detekcja molekularna *Leptosphaeria maculans* z nasion rzepaku (M. Jędrzycka, W. Irzykowski). Plant Protection Institute, Inner Mongolia Academy of Agricultural & Animal Husbandry Sciences, Hohhot, Chiny – publikacja

Scottish Rural University College, Crop Protection, Crop and Soil Systems, Wielka Brytania, Neil Havis, Graham McGrann / M. Jędrzycka, J. Kaczmarek – złożenie projektu H2020 (SIMLOR)

University of Sheffield, Department of Animal and Plant Sciences, Wielka Brytania, Stephen Rolfe / R. Malinowski, M. Jędrzycka – złożenie projektu H2020 (EUROCLUB)

Freie University of Berlin, Dahlem Centre of Plant Sciences, Department of Biology, Chemistry and Pharmacy, Berlin, Niemcy, Elke Diederichsen / R. Malinowski, M. Jędrzycka – złożenie projektu H2020 (EUROCLUB)

Współpraca w zakresie badania oddziaływania między *P. brassicae* a roślinami *A. thaliana*. (R. Malinowski); Sheffield University, Wielka Brytania – 2 publikacje

Wymiana studencka Erasmus z University of Pavia, Włochy; współpraca z Prof. Alma Ballestrazzi, staż studentki Carla Gualtieri (6 miesięcy w IGR PAN oraz prezentacja posteru, opiekun: Jorge Paiva)

Współpraca z University of Orleans we Francji; Prof. Stephane Maury oraz Jacqueline Grima-Pettenati – konsultacje w projekcie NCN (PurpleWalls) pod kierunkiem J. Paiva

Współpraca naukowa z University of Lisbon (Prof. Leonor Morais-Cecilio) – publikacja (J. Paiva).

Transformacji roślin (*Agrobacterium*), University of Minho, Portugalia (Prof. Alberto Dias) – 3 publikacje (2016) ze współautorstwem F. Gregory

Współpraca dotycząca enzymów wtórnego metabolizmu roślin; Technische Universität Braunschweig, Niemcy (Prof. Ludger Beerhues) – publikacja ze współautorstwem F. Gregory

Synteza i charakterystyka nanocząsteczek, PSG College of Pharmacy, Tamil Nadu, Indie (Chellan Vijayaraghavan / G. Gregory) – 2 publikacje oraz poster na konferencji American Association of Pharmaceutical Scientists (AAPS), Denver, USA

Badania nad stabilnością cytogenetyczną u tetraploidalnych mieszańców *Festulolium* (Z. Zwierzykowski, T. Książczyk, J. Majka). Aberystwyth University, Institute of Biological Environmental and Rural Sciences (IBERS), Aberystwyth, Wielka Brytania – wizyty zaproszonych gości w IGR PAN

Poprawianie tolerancji traw pastewnych na stresy abiotyczne (Z. Zwierzykowski) Institut National de la Recherche Agronomique (INRA), Unité de Recherche Pluridisciplinaire Prairies et Plantes Fourragères, Lusignan, Francja – publikacja

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

Badania cytogenetyczne związane z identyfikacją chromosomów *Festuca pratensis* przy wykorzystaniu metody BAC-FISH (Z. Zwierzykowski, T. Książczyk). Institute of Experimental Botany of the Academy of Sciences of the Czech Republic, Centre of Structural and Functional Genomics, Olomouc, Republika Czeska – doniesienie konferencyjne, publikacja

Analiza ilościowa i jakościowa glicerolipidów i metabolitów pierwotnych u traw kompleksu *Lolium-Festuca* w warunkach stresu deficytu wody (A. Kosmala, D. Perlikowski). Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Golm, Niemcy – staż naukowy

Molekularne podstawy męskiej sterility u czosnku (*Allium sativum*) (A. Kosmala, D. Perlikowski). Agricultural Research Organization, The Volcani Center, Institute of Plant Science Bet Dagan, Izrael – publikacja

Transformacja traw pastewnych z rodzaju *Lolium* i *Festuca* (A. Kosmala, D. Perlikowski). National Institute of Livestock and Grassland Science, Nishinasuno, Japonia – staż naukowy

Badania ekspresji genów związanych z tolerancją niskiej temperatury u *F. pratensis* i *F. arundinacea* (A. Kosmala, Z. Zwierzykowski). Norwegian University of Life Sciences, Department of Plant and Environmental Sciences, Ås, Norwegia

Plonowanie, zmienność genetyczna i interakcja  $G \times E$  najnowszych klonów *Miscanthus* ssp. w różnych lokalizacjach Europy (S. Jeżowski). Aberystwyth University, Aberystwyth, Wielka Brytania – publikacja

Identyfikacja genów zaangażowanych w syntezę alkaloidów u łubinów (M. Kroc). Natural Capital and Plant Health, Royal Botanic Gardens Kew, Wakehurst Place, Ardingly, West Sussex, Wielka Brytania

Realizacja europejskiego programu ochrony zasobów genowych (ECP/GR). Opracowanie europejskiej bazy danych zasobów genowych łubinów (W. Świącicki). The Biodiversity, Rzym

Koordinacja terminologii z zakresu genetyki *Pisum* (W. Świącicki). The Pisum Genetics Association, USA – publikacje

Ocena zmienności fenotypowej i genetycznej materiałów kolekcyjnych gatunków z rodzaju *Lathyrus*, *Vicia*, *Cicer* i *Lens* w ramach współpracy i pozyskanie nowych obiektów kolekcyjnych marginalnych roślin strączkowych (W. Rybiński). Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Production, Gatersleben, Niemcy – publikacje

Badania struktury genu FT, odpowiedzialnego za wczesność kwitnienia u *L. angustifolius* (M. Książkiewicz, S. Rychel, B. Naganowska, B. Wolko). Natural Capital and Plant Health, Royal Botanic Gardens Kew, Wakehurst Place, Ardingly, West Sussex, Wielka Brytania – publikacje

Mechanizmy leżące u podstaw ewolucji genomów roślinnych, dywersyfikacji i specjacji (K. Susek). Natural Capital and Plant Health, Royal Botanic Gardens Kew, Wakehurst Place, Ardingly, West Sussex, Wielka Brytania – projekt badawczy

Mechanizmy leżące u podstaw ewolucji genomów roślinnych, dywersyfikacji i specjacji (K. Susek). University of Zurich, Szwajcaria - projekt badawczy

Mechanizmy leżące u podstaw ewolucji genomów roślinnych, dywersyfikacji i specjacji (K. Susek). University of Georgia, USA - projekt badawczy

Sekwencjonowanie nowej generacji i mapowanie asocjacyjne jako metody generowania markerów molekularnych cech użytkowych łubinu wąskolistnego (B. Wolko); Profilowanie transkryptomu łubinu wąskolistnego podczas interakcji roślina-patogen: poznanie

molekularnych i genetycznych podstaw odporności na grzyby patogeniczne: *Colletotrichum lupini* i *Diaporthe toxica* (M. Książkiewicz). GenXPro GmbH, Niemcy – projekty badawcze

Genotypowanie przez sekwencjonowanie europejskiej kolekcji łubinu białego (M. Książkiewicz). Centro di Ricerca per le Produzioni Foraggere e Lattiero-Casearie (CREA-FLC), Lodi, Włochy – realizacja projektu FP7 LEGATO

Konstrukcja mapy genetycznej łubinu białego. Analiza genetycznych i molekularnych podstaw cechy wczesności kwitnienia u łubinu białego i żółtego (M. Książkiewicz). Department of Agriculture and Food Western Australia, Australia – projekt badawczy

Analiza występowania białek kompleksu synaptycznego występującego w mejozie komórek macierzystych pyłku roślin mieszańcowych *Aegilops*-żyto i *Aegilops*-pszenżyto (M. Kwiatek). University of Aberystwyth, Institute of Biological, Environmental and Rural Sciences (IBERS), Wielka Brytania

Przeprowadzenie badań inokulacyjnych oraz mikroskopowych wykorzystując zróżnicowane pod względem patogeniczności szczepy *Puccinia triticina*, powodujące rdzę brunatną na wyselekcjonowanych substytucyjno-addycyjnych mieszańcach *Aegilops*-pszenżyto (M. Kwiatek, M. Majka) Institute for Resistance Research and Stress Tolerance of the Julius Kühn-Institute, Federal Research Centre for Cultivated Plants, Niemcy

Wpływ stresów abiotycznych na poziom ekspresji genu *LTP2* w odniesieniu do lipidomu i fenomu u jęczmienia (A. Kuczyńska, K. Mikołajczak) Uniwersytetu w Bolonii, Włochy – projekt badawczy.

### **Uczestnictwo w międzynarodowych organizacjach naukowych**

IGR PAN jest członkiem zbiorowym European Association for Research on Plant Breeding (EUCARPIA).

### **Wymiana osobowa**

#### **wizyty gości zagranicznych**

dr Daniel Kierzkowski, Max Planck Institute, Kolonia, Niemcy – wykład "Understanding morphogenesis: control and organ growth at cellular resolution in plants"

prof. Christian Hardtke, University of Lausanne, Szwajcaria – wykład "Quantitative and genetic control of vascular tissue formation"

dr Anne-Lise Routier-Kierzkowska Max Planck Institute, Kolonia, Niemcy – wykład "A new insight into plant mechanics from computational modelling and force measurements"

dr Jerzy Paszkowski, The Sainsbury Laboratory, University of Cambridge, UK – wykład "Epigenetic regulation and transgenerational inheritance"

prof. Vicki Vance, University of South Carolina, USA – wykład "Edible plants as bioreactors to produce and deliver therapeutic microRNAs"

prof. Frederick Stoddard, University of Helsinki, Finlandia – warsztaty z umiejętności miękkich "Scientific writing: How to write a good article?"

dr. Colin Edward Hughes, University of Zurich, Szwajcaria – wykład "The evolutionary history of *Lupinus* (Leguminosae): relationships, rate shifts and radiations"



prof. Scott Allen Jackson, University of Georgia, USA; dr. Colin Edward Hughes, University of Zurich, Szwajcaria; dr. Matthew Nicholas Nelson, Royal Botanic Garden Kew, UK – spotkanie robocze w ramach projektu Harmonia 7 UMO-2015/18/M/NZ2/00422 „Mechanism(s) underlying plant genome evolution, diversification and speciation”

#### **wyjazdy krótkoterminowe**

mgr Wojciech Bielski – Zapoznanie się z metodą mapowania optycznego i jej zastosowaniami, przedyskutowanie metody sortowania chromosomów i możliwości jej wykorzystania u łubinów. Institute of Experimental Botany, 18-22 lipca 2016

dr Franklin Gregory – PSG College of Pharmacy, Coimbatore, Indie, 21-30 sierpnia 2016

dr hab. Anetta Kuczyńska, dr inż. Krzysztof Mikołajczak – Ilościowa i jakościowa charakterystyka lipidomu liści jęczmienia, ustalenie harmonogramu badań w ramach projektu badawczego, Uniwersytet w Bolonii, Włochy, 18-24 września 2016

mgr Maciej Majka – Przeprowadzenie badań inokulacyjnych oraz mikroskopowych wykorzystując zróżnicowane pod względem patogeniczności szczepy *Puccinia triticina* – powodujące rdzę brunatną na wyselekcjonowanych substytucyjno-addycyjnych mieszańcach pszenżyta i *Ae. tauschii*. Institute for Resistance Research and Stress Tolerance of the Julius Kühn-Institute, Federal Research Centre for Cultivated Plants, 3-14 października 2016

dr Jorge Paiva – Wydział Biologii i Biotechnologii Uniwersytetu w Pawii, Włochy, wykłady, 7-11 listopada 2016

dr Dawid Perlikowski – Analiza ilościowa i jakościowa glicerolipidów i metabolitów pierwotnych korzenia u traw kompleksu *Lolium-Festuca* w warunkach stresu deficytu wody. Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Golm, Niemcy, 31 października – 11 listopada 2016

prof. dr hab. W. Rybiński – Kontynuacja współpracy dotyczącej opracowania zmienności genetycznej materiałów kolekcyjnych roślin bobowatych i przygotowanie publikacji. Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Production, Genebank Department, Gatersleben, Niemcy, 11-14 września 2016.

mgr inż. Monika Urbaniak – Identyfikacja cyklicznych peptydów syntetyzowanych przez grzyby chorobotwórcze, Norwegian Veterinary Institute, Oslo, Norwegia, 2 września – 17 grudnia 2016

dr Katarzyna Wyrwa – Dynamika zmian genomu w ewolucji i utrzymaniu zdolności symbiotycznego wiązania azotu, w świetle starych ewolucyjnie linii roślin strączkowych. Kew Botanical Gardens, Wakehurst, Wielka Brytania, 28-30 marca 2016

#### **wyjazdy długoterminowe**

dr hab. K. Głowacka – University of Illinois, Energy Biosciences Institute, Urbana-Champaign, USA, od 16 lipca 2011

dr J. Strakowska – Badanie zmienności genetycznej i charakterystyka metabolitów tworzonych przez wybrane grzyby rodzaju *Trichoderma*. Uniwersytet im. Fryderyka II, Neapol, Włochy, 1 listopada 2015 – 30 kwietnia 2016

#### **długoterminowe pobyty w IGR PAN**

D. Zisis, stypendysta programu Marie Curie



## KONFERENCJE NAUKOWE – ORGANIZACJA I UDZIAŁ

### Konferencje, warsztaty i seminaria zorganizowane przez IGR PAN

„Noc Biologów” – ogólnopolskie warsztaty dla młodzieży gimnazjalnej i licealnej, Poznań, 15 styczeń 2016

Warsztaty dla studentów kierunku *Biologia roślin użytkowych*, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Poznań, 9 maja 2016

Warsztaty dla studentów kierunku *Biologia roślin użytkowych*, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, pole doświadczalne IGR PAN w Cerekwicy, 10 maja 2016

IOBC – Working Group Meeting, Integrated Control in Oilseed Crops, 7-9 September 2016, Tartu, Estonia, 67 osób - M. Jędrzycka, J. Kaczmarek – członkostwo w Komitecie Organizacyjnym

Introduction to Systems Biology Workshop, marzec 2016 Poznań IGR PAN; organizator: R. Malinowski; liczba uczestników: 52.

1st Mini-Symposium on Woody Plant Genetics, organizator: J. Paiva. Poznań, 9 września 2016

V Polski Kongres Genetyki, 19-22 września 2016, Centrum Dydaktyczne Uniwersytetu Medycznego w Łodzi, ok. 830 uczestników (45 zagranicznych) – B. Naganowska (wiceprzewodnicząca Komitetu Organizacyjnego), M. Jędrzycka, T. Książczyk (członkowie Komitetu Organizacyjnego)

### Udział w konferencjach krajowych

Międzyuczelniane Sympozjum Biotechnologiczne "Symbioza", Warszawa, 22-24 kwietnia 2016 (U. Talar)

I Ogólnopolska Konferencja Nowe Horyzonty w Naukach Przyrodniczych BIOT 2016, Poznań, 6 maja 2016 (A. Basińska)

Konferencja naukowa „Rola odmiany i ochrony roślin w intensyfikacji produkcji roślinnej” Dymaczewo Nowe, 11-13 maja 2016 (M. Jędrzycka, J. Kaczmarek)

II Ogólnopolska Konferencja Doktorantów Nauk o Życiu BIOOPEN, Łódź, 12-14 maja 2016 (P. Serbiak, D. Perlikowski)

57 Zjazd Polskiego Towarzystwa Botanicznego “Botanika – tradycja i nowoczesność”, Lublin, 27 czerwca – 3 lipca 2016 (A. Basińska, L. Błaszczyk, M. Jędrzycka)

V Polski Kongres Genetyki, Łódź, 19-22 września 2016 (F. Bakro, A. Basińska-Barczak, W. Bielski, L. Błaszczyk, J. Czarnecka, M. Jędrzycka, A. Kiełbowicz-Matuk, T. Książczyk, M. Książkiewicz, B. Naganowska, I. Pawłowicz, D. Perlikowski, T. Rorat, S. Rychel, P. Shakya, Ł. Stępień, M. Urbaniak, P. Walerowski, B. Wolko, Z. Zwierzykowski)

Drzewa i lasy w zmieniającym się środowisku, Kórnik–Poznań, 17-19 października 2016 (C. Gomes, J. Paiva)

XV Konferencja Sekcji Biologicznej Ochrony Roślin przed Chorobami Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego "Nowe osiągnięcia w biologicznej ochronie roślin przed chorobami", Bydgoszcz, 20-21 października 2016 (A. Basińska-Barczak, L. Błaszczyk, M. Jędryczka)

CopyCamp, warsztaty przedkonferencyjne, 27-28 października 2016, Warszawa (H. Ćwiek-Kupczyńska)

Metabolomic Circle 2016, Bydgoszcz, 4-5 listopada 2016 (P. Kachlicki)

### **Udział w konferencjach międzynarodowych**

Conference on Epigenetic & Chromatin Regulation of Plant Traits, Strasbourg, Francja, 14-15 stycznia 2016 (P. Krajewski, D. Zisis)

VI Festulolium Working Group Workshop, Olomouc, Republika Czeska, 5-6 kwietnia 2016 (T. Książczyk, Z. Zwierzykowski)

GARNET/EGENIS Meeting on Big Data, Dartington Hall, Totnes, Wielka Brytania, 21-22 kwietnia 2016 (P. Krajewski)

38th Mycotoxin Workshop, Berlin, Niemcy, 2-4 maja 2016 (H. Wiśniewska)

The 4th Plant Genomics Congress: Europe "Utilizing NGS, omic and gene editing technologies as a tool for progressing plant research", Londyn, Wielka Brytania, 9-10 maja 2016 (B. Naganowska)

PhenoHarmonIS Workshop 2016, Montpellier, Francja, 9-13 maja 2016 (H. Ćwiek-Kupczyńska)

International Conference on Quantitative Genetics, Madison, USA, 12-18 czerwca 2016 (A. Kuczyńska, K. Krystkowiak)

Virus-Like Particle & Nano-Particle Vaccines, Lejda, Holandia, 22-24 czerwca 2016 (T. Pniewski)

Plant Biology Europe 2016 EPSO/FESPB, Praha, Republika Czeska, 26-30 czerwca 2016 (M. Gawłowska)

27th International Conference on *Arabidopsis* Research, Gyeongju Hwabaek, Korea Południowa, 29 czerwca – 3 lipca 2016 (R. Malinowski)

4<sup>th</sup> International ISEKI Food Conference "Responsible Research and innovation in the Food Value Chain", Vienna, Austria, 6-8 lipca 2016 (B. Salmanowicz)

American Society for Plant Biology ASPB Annual Meeting, Austin, Texas, USA, 9-13 lipca 2016 (P. Walerowski)

XXth EUCARPIA General Congress "Plant breeding: the art of bringing science to life". Zurich, Szwajcaria, 29 sierpnia - 1 września 2016 (A. Augustyniak, K. Krystkowiak, A. Kuczyńska, M. Kwiatek., J. Majka, M. Majka, K. Masajda, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, D. Perlikowski, H. Wiśniewska)

15th European Conference on Computational Biology, Haga, Holandia, 3-7 września 2016 (P. Krajewski, A. Sawikowska, D. Zisis)

IOBC Biannual Meeting, Tartu, Estonia, 7-9 września 2016 (M. Jędryczka, J. Kaczmarek, R. Malinowski, K. Stefanowicz, W. Truman, M. Olszak, P. Walerowski)

2nd Congress of Polish Biochemistry, Cell biology, Biotechnology and Bioinformatics “Bio2016”, Wrocław, 13-16 września 2016 (M. Kroc)

International Conference “Applied Statistics 2016”, Ribno, Słowenia, 18-21 września 2016 (T. Adamski, Z. Kaczmarek, M. Surma)

11th International Conference on Agrophysics, Lublin, Poland, 26-28 września 2016 (F. Gregory)

IV International *Ascochyta* Workshop, Troia Resort, Portugalia, 10-11 października 2016 (K. Susek)

Second International Legume Society Conference “Legumes for a sustainable world”, Troia Resort, Portugalia, 11-14 października 2016 (M. Kroc, M. Książkiewicz, W. Rybiński, K. Susek)

9th Euro-Global Gastroenterology Conference and Hepatitis Vaccines, Walencja, Hiszpania, 24-25 października 2016 (T. Pniewski)

Combined CHARME/EMBnet/NETTAB 2016 workshop; Rome, Włochy, 25-26 października 2016 (P. Krajewski, H. Ćwiek-Kupczyńska)

Research Group Meeting on Multivariate and Mixed Linear Models, Będlewo, Polska, 5-11 listopada 2016 (A. Sawikowska).

Bioschemas hands-on meeting. Harpenden, Wielka Brytania, 8-9 listopada 2016 (H. Ćwiek-Kupczyńska)

American Association of Pharmaceutical Scientists (AAPS) Annual Meeting & Exposition, Denver, USA, 13-17 listopada 2016 (F. Gregory)

XLII Conference on Mathematical Statistics, Będlewo, Polska, 27 listopada - 2 grudnia 2016 (A. Sawikowska)



## SPIS PUBLIKACJI

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

Lp.	Publikacja	Pkt MNiSW	Kwartyl	IF
1.	Kromdijk J., <b>Głowacka K.</b> , Leonelli L., Gabilly S.T., Iwai M., Niyogi K.K., Long S.P. (2016). Improving photosynthesis and crop productivity by accelerating recovery from photoprotection. <i>Science</i> 354 (6314):857-861. DOI: 10.1126/science.aai8878.	50	Q1	34,661
2.	<b>Głowacka K.</b> , Kromdijk J., Leonelli L., Niyogi K.K., Clemente T.E., Long S.P. (2016). An evaluation of new and established methods to determine T-DNA copy number and homozygosity in transgenic plants. <i>Plant, Cell and Environment</i> 39: 908-917.	45	Q1	6,169
3.	<b>Głowacka K.</b> , Ahmed A., Sharma S., Abbott T., Comstock J.C., Long S.P., Sacks E.J. (2016). Can chilling tolerance of C4 photosynthesis in <i>Miscanthus</i> be transferred to sugarcane? <i>Global Change Biology Bioenergy</i> 8: 407-418.	45	Q1	6,151
4.	Stočes Š., Ruttink T., Bartoš J., Studer B., Yates S., <b>Zwierzykowski Z.</b> , Abrouk M., Roldán-Ruiz I., <b>Książczyk T.</b> , Rey L., Doležel J., Kopecký D. (2016). Orthology guided transcriptome assembly of Italian ryegrass and meadow fescue for single nucleotide polymorphisms discovery. <i>The Plant Genome</i> 9 (3): 1-14.	45 (33,75*)	Q1	3,509
5.	Chmielewska K., Rodziewicz P., Swarczewicz B., <b>Sawikowska A.</b> , <b>Krajewski P.</b> , Marczak Ł., Ciesiołka D., <b>Kuczyńska A.</b> , <b>Mikołajczak K.</b> , <b>Ogrodowicz P.</b> , <b>Krystkowiak K.</b> , <b>Surma M.</b> , <b>Adamski T.</b> , Bednarek P., Stobiecki M. (2016). Analysis of drought-induced proteomic and metabolomic changes in barley ( <i>Hordeum vulgare</i> L.) leaves and roots unravels some aspects of biochemical mechanisms involved in drought tolerance. <i>Frontiers in Plant Science</i> 7:1108.	40	Q1	4,495
6.	Cieśla A., Mituła F., Misztal L., <b>Fedorowicz-Strońska O.</b> , Janicka S., Tajdel-Zielińska M., Marczak M., Janicki M., Ludwików A., Sadowski J. (2016). A Role for Barley Calcium-Dependent Protein Kinase CPK2a in the Response to Drought. <i>Frontiers in Plant Science</i> 7:1550. DOI: 10.3389/fpls.2016.01550.	40 (30*)	Q1	4,495

7.	<b>Franklin G.</b> , Beerhues L., Cellárová E. (2016). Molecular and biotechnological advancements in <i>Hypericum</i> species. <i>Frontiers in Plant Science</i> 7: 1687. DOI: 10.3389/fpls.2016.01687.	40	Q1	4,495
8.	Hou W., <b>Shakya P.</b> , <b>Franklin G.</b> (2016). A Perspective on <i>Hypericum perforatum</i> Genetic Transformation. <i>Frontiers in Plant Science</i> 7:879.	40	Q1	4,495
9.	<b>Perlikowski D.</b> , <b>Czyżniejewski M.</b> , Marczak Ł., <b>Augustyniak A.</b> , <b>Kosmala A.</b> (2016). Water deficit affects primary metabolism differently in two <i>Lolium multiflorum</i> / <i>Festuca arundinacea</i> introgression forms with a distinct capacity for photosynthesis and membrane regeneration. <i>Frontiers in Plant Science</i> 7:1063.	40	Q1	4,495
10.	<b>Perlikowski D.</b> , Kierszniowska S., <b>Sawikowska A.</b> , <b>Krajewski P.</b> , Rapacz M., Eckhardt Ä., <b>Kosmala A.</b> (2016). Remodeling of leaf cellular glycerolipid composition under drought and re-hydration conditions in grasses from the <i>Lolium-Festuca</i> complex. <i>Frontiers in Plant Science</i> 7:1027.	40	Q1	4,495
11.	<b>Perlikowski D.</b> , <b>Wiśniewska H.</b> , <b>Kaczmarek J.</b> , Góral T., Ochodzki P., <b>Kwiatek M.</b> , <b>Majka M.</b> , <b>Augustyniak A.</b> , <b>Kosmala A.</b> (2016). Alterations in kernel proteome after infection with <i>Fusarium culmorum</i> in two triticale cultivars with contrasting resistance to <i>Fusarium</i> head blight. <i>Frontiers in Plant Science</i> 7:1217.	40	Q1	4,495
12.	Ribeiro T.M., Barreira R.M., Bergès H., Marques C., Loureiro J., Morais-Cecilio L., <b>Paiva J.A.P.</b> (2016). Advancing <i>Eucalyptus</i> Genomics: Cytogenomics Reveals Conservation of <i>Eucalyptus</i> Genomes. <i>Frontiers in Plant Science</i> 7:510. DOI: 10.3389/fpls.2016.00510.	40	Q1	4,495
13.	<b>Susek K.</b> , <b>Bielski W.K.</b> , <b>Hasterok R.</b> , <b>Naganowska B.</b> , <b>Wolko B.</b> (2016). A First Glimpse of Wild Lupin Karyotype Variation As Revealed by Comparative Cytogenetic Mapping. <i>Frontiers in Plant Science</i> 7:1152. DOI: 10.3389/fpls.2016.01152.	40	Q1	4,495
14.	Mikołajczyk-Bator K., Błaszczuk A., <b>Czyżniejewski M.</b> , <b>Kachlicki P.</b> (2016). Characterisation and identification of triterpene saponins in the roots of red beets ( <i>Beta vulgaris</i> L.) using two HPLC-MS systems. <i>Food Chemistry</i> 192: 979-990.	40	Q1	4,052
15.	Grinn-Gofroń A., Sadyś M., <b>Kaczmarek J.</b> , Bednarz A., Pawłowska S., <b>Jedryczka M.</b> (2016). Back trajectory modelling and DNA-based species-specific detection methods allow tracking of fungal spore transport in air masses. <i>Science of the Total Environment</i> 571: 658-669.	40	Q1	3,976



16.	Jiao X., Kørup K., Andersen N.M., Petersen K.K., Prade T., <b>Jeżowski S., Ornatowski Sz., Góryniewicz B.</b> , Spitz I., Lærke P.E., Jørgensen U. (2016). Low-temperature leaf photosynthesis of a <i>Miscanthus</i> germplasm collection correlates positively to shoot growth rate and specific leaf area. <i>Annals of Botany</i> 117 (7): 1229-1239.	40	Q1	3,982
17.	<b>Ćwiek-Kupczyńska H.</b> , Altmann T., Arend D., Arnaud E., Chen D., Cornut G., Fiorani F., Frohmberg W., Junker A., Klukas Ch., Lange M., Mazurek C., Nafissi A., Neveu P., van Oeveren J., Pommier C., Poorter H., Rocca-Serra Ph., Sansone S-A., Scholz U., van Schriek M., Seren Ů., Usadel B., Weise S., Kersey P., <b>Krajewski P.</b> (2016). Measures for interoperability of phenotypic data: minimum information requirements and formatting. <i>Plant Methods</i> 12:44. DOI: 10.1186/s13007-016-0144-4.	40 (20*)	Q1	3,449
18.	<b>Dawidziuk A., Popiel D., Kaczmarek J., Strakowska J., Jedryczka M.</b> (2016). Morphological and molecular properties of <i>Trichoderma</i> species help to control stem canker of oilseed rape. <i>BioControl</i> DOI: 10.1007/s10526-016-9743-2.	40	Q1	1,767
19.	Siram K., Marslin G., Raghavan Ch.V., Krishnamoorthy B., Rahman H., <b>Franklin G.</b> (2016). A brief perspective on the diverging theories of lymphatic targeting with colloids. <i>International Journal of Nanomedicine</i> 11: 2867-2872.	35	Q1	4,320
20.	Siram K., Raghavan Ch., V., Marslin G., Rahman H., Selvaraj D., Krishnamoorthy B., <b>Franklin G.</b> (2016). Quillaja saponin: A prospective emulsifier for the preparation of solid lipid nanoparticles. <i>Colloids and Surfaces B: Biointerfaces</i> 147:274-280.	35	Q1	3,902
21.	<b>Książkiewicz M., Rychel S., Nelson M.N., Wyrwa K., Naganowska B., Wolko B.</b> (2016). Expansion of the phosphatidylethanolamine binding protein family in legumes: a case study of <i>Lupinus angustifolius</i> L. FLOWERING LOCUS T homologs, LanFTc1 and LanFTc2. <i>BMC Genomics</i> 17:820. DOI: 10.1186/s12864-016-3150-z.	35	Q1	3,867
22.	Rolfe S.A., Strelkov S.E., Links M.G., Clarke W.E., Robinson S.J., Djavaheri M., <b>Malinowski R.</b> , Haddadi P., Kagale S., Parkin I.A.P., Taheri A., Borhan M.H. (2016). The compact genome of the plant pathogen <i>Plasmodiophora brassicae</i> is adapted to intracellular interactions with host <i>Brassica</i> spp. <i>BMC Genomics</i> 17:272.	35 (17,5*)	Q1	3,867

23.	<b>Kielbowicz-Matuk A.</b> , Banachowicz E., <b>Turska-Tarska A.</b> , Rey P., <b>Rorat T.</b> (2016). Expression and characterization of a barley phosphatidylinositol transfer protein structurally homologous to the yeast Sec14p protein. <i>Plant Science</i> 246: 98-110.	35	Q1	3,362
24.	<b>Stępień L.</b> , Waśkiewicz A., <b>Urbaniak M.</b> (2016). Wildly Growing Asparagus ( <i>Asparagus officinalis</i> L.) hosts pathogenic <i>Fusarium</i> species and accumulates their mycotoxins. <i>Microbial Ecology</i> 71: 927-937.	35	Q1	3,232
25.	<b>Fedorowicz-Strońska O.</b> , Kapusta J., <b>Czyż M.</b> , <b>Kaczmarek M.</b> , <b>Pniewski T.</b> (2016). Immunogenicity of parenterally delivered plant-derived small and medium surface antigens of Hepatitis B Virus. <i>Plant Cell Reports</i> 35(5): 1209-1212.	35	Q1	3,088
26.	Bzdega K., Janiak A., <b>Książczyk T.</b> , Lewandowska A., Gancarek M., Sliwinska E., Tokarska-Guzik B. (2016). A Survey of Genetic Variation and Genome Evolution within the Invasive Fallopi Complex. <i>PlosOne</i> 11(8): e0161854. DOI:10.1371/journal.pone.0161854.	35	Q1	3,057
27.	<b>Kwiatek M.</b> , <b>Majka M.</b> , <b>Majka J.</b> , <b>Belter J.</b> , Suchowilska E., Wachowska U., Wiwart M., <b>Wiśniewska H.</b> (2016). Intraspecific Polymorphisms of Cytogenetic Markers Mapped on Chromosomes of <i>Triticum polonicum</i> L. <i>PlosOne</i> 11(7): e0158883.	35	Q1	3,057
28.	<b>Mikołajczak K.</b> , <b>Ogrodowicz P.</b> , Gudyś K., <b>Krystkowiak K.</b> , <b>Sawikowska A.</b> , <b>Frohberg W.</b> , <b>Górny A.</b> , Kędziora A., Jankowiak J., Józefczyk D., Karg G., Andrusiak J., <b>Krajewski P.</b> , Szarejko I., <b>Surma M.</b> , <b>Adamski T.</b> , Guzy-Wróbelska J., <b>Kuczyńska A.</b> (2016). Quantitative trait loci for yield and yield-related traits in spring barley populations derived from crosses between European and Syrian cultivars. <i>PlosOne</i> 11 (5): e0155938.	35	Q1	3,057
29.	Zawieja B., <b>Rybiński W.</b> , Nowosad K., Piesik D., Bocianowski J. (2016). Testing of uniformity of seven <i>Lathyrus</i> species using Bennett's and Miller's methods. <i>Euphytica</i> 208: 123-128.	35	Q1	1,618
30.	Najda A.B., <b>Błaszczak L.</b> , Winiarczyk K., Dyduch J., Tchórzewska D. (2016). Comparative studies of nutritional and health-enhancing properties in the "garlic-like" plant <i>Allium ampeloprasum</i> var. <i>ampeloprasum</i> (GHG-L) and <i>A. sativum</i> . <i>Scientia Horticulturae</i> 201: 247-255.	35	Q1	1,538

31.	Góral T., <b>Wiśniewska H.</b> , Ochodzki P., Walentyn-Góral D. (2016). Higher Fusarium Toxin Accumulation in Grain of Winter Triticale Lines Inoculated with <i>Fusarium culmorum</i> as Compared with Wheat. <i>Toxins</i> 8(10):301 DOI: 10.3390/toxins8100301.	35	Q2	3,571
32.	<b>Jedryczka M.</b> , Sadyś M., Gilski M., Grinn-Gofroń A., <b>Kaczmarek J.</b> , Strzelczyk A., Kennedy R. (2016). Contribution of <i>Leptosphaeria</i> species ascospores to autumn asthma in areas of oilseed rape production. <i>Annals of Allergy, Asthma &amp; Immunology</i> 117(5): 494-500. DOI: 10.1016/j.anai.2016.08.027.	30	Q1	3,475
33.	Mikołajczyk-Bator K., Błaszczuk A., <b>Czyżniejewski M.</b> , <b>Kachlicki P.</b> (2016) Identification of saponins from sugar beet ( <i>Beta vulgaris</i> ) by low and high-resolution HPLC-MS/MS. <i>Journal of Chromatography B</i> 1029: 36-47.	30	Q1	2,687
34.	<b>Kwiatek M.</b> , <b>Belter J.</b> , <b>Majka M.</b> , <b>Wiśniewska H.</b> (2016). Allocation of the S-genome chromosomes of <i>Aegilops variabilis</i> Eig. carrying powdery mildew resistance in triticale ( $\times$ <i>Triticosecale</i> Wittmack). <i>Protoplasma</i> 253 (2): 329-343.	30	Q1	2,343
35.	<b>Górna K.</b> , <b>Pawłowicz I.</b> , Waśkiewicz A., <b>Stępień Ł.</b> (2016). <i>Fusarium proliferatum</i> strains change fumonisin biosynthesis and accumulation when exposed to host plant extracts. <i>Fungal Biology</i> 120 (6-7): 884-893.	30	Q1	2,244
36.	Ozarowski M., Mikołajczak P.L., <b>Piasecka A.</b> , <b>Kachlicki P.</b> , Szulc M., Kaminska E., Bogacz A., Kujawski R., Bartkowiak-Wieczorek J., Kujawska M., Jodynis-Liebert J., Gryszczynska A., Lowicki Z., Seremak-Mrozikiewicz A., Czerny B. (2016). Influence of the <i>Melissa officinalis</i> leaf extract on long-term memory in scopolamine animal model with assessment of mechanism of action. <i>Evidence-Based Complementary and Alternative Medicine</i> , article: 9729818. DOI: 10.1155/2016/9729818.	30 (20*)	Q1	1,931
37.	<b>Wiśniewska H.</b> , <b>Surma M.</b> , <b>Krystkowiak K.</b> , <b>Adamski T.</b> , <b>Kuczyńska A.</b> , <b>Ogrodowicz P.</b> , <b>Mikołajczak K.</b> , <b>Belter J.</b> , <b>Majka M.</b> , <b>Kaczmarek Z.</b> , <b>Krajewski P.</b> , <b>Sawikowska A.</b> , Lenc L., Baturó-Cieśniewska A., Łukanowski A., Góral T., Sadowski Cz. (2016). Simultaneous selection for yield-related traits and susceptibility to <i>Fusarium</i> head blight in spring wheat RIL population. <i>Breeding Science</i> 66: 1-12.	30	Q1	1,543

38.	Brachaczek A., <b>Kaczmarek J.</b> , <b>Jędryczka M.</b> (2016). Monitoring blackleg ( <i>Leptosphaeria</i> spp.) ascospore release timing and quantity enables optimal fungicide application to improved oilseed rape yield and seed quality. <i>European Journal of Plant Pathology</i> 145 (3): 643-657.	30	Q1	1,494
39.	<b>Malinowski R.</b> , Novak O., Borhan M.H, Spichal L., Strnas M., Rolfe S.A. (2016). The role of cytokinins in clubroot disease. <i>European Journal of Plant Pathology</i> 145 (3): 543-557.	30	Q1	1,494
40.	Řičařová V., <b>Kaczmarek J.</b> , Strelkov S.E., Kazda J., Lueders W., Rysanek P., Manolii V., <b>Jedryczka M.</b> (2016). Pathotypes of <i>Plasmodiophora brassicae</i> causing damage to oilseed rape in the Czech Republic and Poland. <i>European Journal of Plant Pathology</i> 145 (3): 559-572.	30	Q1	1,494
41.	<b>Kachlicki P.</b> , <b>Piasecka A.</b> , Stobiecki M., Marczak Ł. (2016). Structural characterization of flavonoid glycoconjugates and their derivatives with mass spectrometric techniques. <i>Molecules</i> 21: 1494. DOI: 10.3390/molecules21111494.	30	Q2	2,465
42.	<b>Kamel K.A.</b> , <b>Święcicki W.</b> , <b>Kaczmarek Z.</b> , Barzyk P. (2016). Quantitative and qualitative content of alkaloids in seeds of a narrow-leafed lupin ( <i>Lupinus angustifolius</i> L.) collection. <i>Genetic Resources and Crop Evolution</i> 63: 711-719.	30	Q2	1,258
43.	Podyma W., <b>Wolko B.</b> , Dostatny D., Boczkowska . (2016). Morphological, isoenzymatic and ISSRs-based description of diversity of eight black oat ( <i>Avena strigosa</i> Schreb.) landraces. <i>Genetic Resources and Crop Evolution</i> 36: 49-60.	30	Q2	1,258
44.	<b>Wyrwa K.</b> , <b>Książkiewicz M.</b> , <b>Szczepaniak A.</b> , <b>Susek K.</b> , Podkowiński J., <b>Naganowska B.</b> (2016). Integration of <i>Lupinus angustifolius</i> L. (narrow-leafed-lupin) genome maps and comparative mapping within legumes. <i>Chromosome Research</i> 24(3): 355–378.	25	Q1	2,590
45.	<b>Dawidziuk A.</b> , <b>Koczyk G.</b> , <b>Popiel D.</b> (2016). Adaptation and response to mycotoxin presence in pathogen-pathogen interactions within the <i>Fusarium</i> genus. <i>World Mycotoxin Journal</i> 9 (4): 565-575.	25	Q2	2,091
46.	Magdziak Z., Mleczek M., Gąsecka M., Drzewiecka K., <b>Kaczmarek Z.</b> , Siwulski M., Goliński P. (2016). <i>Agaricus bisporus</i> compost improves the potential of <i>Salix purpurea</i> × <i>viminalis</i> hybrid for copper accumulation. <i>International Journal of Phytoremediation</i> 18 (8): 768-776.	25	Q2	2,085

47.	<b>Kaczmarek J.</b> , Kedziora A., Brachaczek A., Latunde-Dada A.O., Dakowska S., Karg G., <b>Jedryczka M.</b> (2016). Effect of climate change on sporulation of the teleomorphs of <i>Leptosphaeria</i> species causing stem canker of brassicas. <i>Aerobiologia</i> 32: 39-51.	25	Q2	1,452
48.	Kasprzyk I., Kaszewski B.M., Weryszko-Chmielewska E., Nowak M., Sulborska A., <b>Kaczmarek J.</b> , Szymańska A., Haratym W., <b>Jedryczka M.</b> (2016). Warm and dry weather accelerates and elongates <i>Cladosporium</i> spore seasons in Poland. <i>Aerobiologia</i> 32: 109-126.	25	Q2	1,452
49.	Skjøth C.A., Damialis A., Belmonte J., De Linares C., Fernández-Rodríguez S., Grinn-Gofroń A., <b>Jedryczka M.</b> , Kasprzyk I., Magya D., Myszkowska D., Oliver G., Páldy A., Pashley C.H., Rasmussen K., Satchwell J., Thibaudon M., Tormo-Molina R., Vokou D., Ziemianin M., Werner M. (2016). <i>Alternaria</i> spores in the air across Europe: abundance, seasonality and relationships with climate, meteorology and local environment. <i>Aerobiologia</i> 32: 3-22.	25 (12,5*)	Q2	1,452
50.	Bocianowski J., Górczak K., Nowosad K., <b>Rybiński W.</b> , Piesik D. (2016). Path analysis and estimation of additive and epistatic gene effects of barley SSD lines. <i>Journal of Integrative Agriculture</i> 15(9): 60345-7.	25	Q2	0,724
51.	<b>Czyż M.</b> , Dembczyński R., Marecik R., <b>Pniewski T.</b> (2016). Stability of S-HBsAg in long-term stored lyophilised plant tissue. <i>Biologicals</i> 44: 69-72.	20	Q2	1,690
52.	Gromadzka K., <b>Górna K.</b> , <b>Chelkowski J.</b> , Waśkiewicz A. (2016). Mycotoxins and related <i>Fusarium</i> species in preharvest maize ear rot in Poland. <i>Plant, Soil and Environment</i> 62(8): 348-354.	20	Q2	1,039
53.	<b>Song P.L.</b> , <b>Jedryczka M.</b> , <b>Yan M.Y.</b> , <b>Irzykowski W.</b> , Huangfu H.F., Hao L.F., Bao Y.Y., Yang Y.S., Li Z.Q. (2016). Efficient detection of <i>Leptosphaeria maculans</i> from infected canola seed lots. <i>Journal of Phytopathology</i> 164 (11-12): 1097-1104.	20	Q2	0,945
54.	<b>Błaszczuk L.</b> , <b>Strakowska J.</b> , <b>Chelkowski J.</b> , Gąbka-Buszek A., <b>Kaczmarek J.</b> (2016). <i>Trichoderma</i> species occurring on wood with decay symptoms in mountain forests in Central Europe: genetic and enzymatic characterization. <i>Journal of Applied Genetics</i> 57:397-407.	20	Q3	1,929
55.	<b>Dawidziuk A.</b> , <b>Popiel D.</b> , Luboińska M., Grzebyk M., Wiśniewski M., <b>Koczyk G.</b> (2016). Assessing contamination of microalgal astaxanthin producer <i>Haematococcus</i> cultures with high-resolution melting curve analysis. <i>Journal of Applied Genetics</i> 60: 755-768.	20	Q3	1,929

56.	<b>Gawlowska M., Święcicki W.</b> (2016). The <i>fa2</i> gene and molecular markers mapping in the gp segment of the <i>Pisum</i> linkage group V. <i>Journal of Applied Genetics</i> 57: 317-322.	20	Q3	1,929
57.	<b>Kwiatek M., Majka M., Ślusarkiewicz-Jarzina A., Pudelska H., Ponitka A., Belter J., Wiśniewska H.</b> (2016). Transmission of the <i>Aegilops ovata</i> chromosomes carrying gametocidal factors in hexaploid triticale ( $\times$ <i>Triticosecale</i> Wittm.) hybrids. <i>Journal of Applied Genetics</i> 57: 305-315.	20	Q3	1,929
58.	<b>Majka J., Majka M., Kwiatek M., Wiśniewska H.</b> (2016). Similarities and differences in the nuclear genome organization within Pooideae species revealed by comparative genomic in situ hybridization (GISH). <i>Journal of Applied Genetics</i> DOI: 10.1007/s13353-016-0369-y.	20	Q3	1,929
59.	Vinale F., <b>Strakowska J.</b> , Mazzei P., Piccolo A., Marra R., Lombardi N., Manganiello G., Pascale A., Woo S.L., Lorito M. (2016). Cremenolide, a new antifungal, 10-member lactone from <i>Trichoderma cremeum</i> with plant growth promotion activity. <i>Natural Product Research</i> 30 (22): 2575-2581. DOI: 10.1080/14786419.2015.1131985.	20 (15*)	Q3	1,057
60.	<b>Surma M., Adamski T., Wiśniewska H., Kaczmarek Z., Mejza I., Mejza S.F., Kuczyńska A., Krystkowiak K., Mikołajczak K., Ogródowicz P.</b> (2016). Uni- and multivariate approaches to evaluating the susceptibility of wheat hybrids to Fusarium head blight. <i>Czech Journal of Genetics and Plant Breeding</i> 52(4):132-138.	20	Q3	0,476
61.	<b>Mikołajczak K., Ogródowicz P., Surma M., Adamski T., Kuczyńska A.</b> (2016). Introgression of the LTP2 gene through marker assisted backcross in barley ( <i>Hordeum vulgare</i> L.). <i>Electronic Journal of Biotechnology</i> 24: 9-11. DOI 10.1016/j.ejbt.2016.09.003.	15	Q3	1,403
62.	Osińska-Jaroszuk M., Jaszek M., Sulej J., Stefaniuk D., <b>Urbaniak M.</b> , Siwulski M., Janusz G. (2016). Complex biochemical analysis of fruiting bodies from newly isolated Polish <i>Flammulina velutipes</i> strains. <i>Polish Journal of Microbiology</i> 65(3):295-305.	15	Q3	0,750
63.	Mikołajczyk-Bator K., <b>Czyżniejewski M.</b> (2016) Saponiny triterpenowe buraka ćwikłowego ( <i>Beta vulgaris</i> L.) jako źródło związków o działaniu antyoksydacyjnym (Triterpene saponins of red beet ( <i>Beta vulgaris</i> L.) as a source of compounds with antioxidant capacity). <i>Przemysł Chemiczny</i> 95(11): 1000-1004.	15	Q3	0,367



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

Lp.	Nazwa czasopisma	Autor/autorzy	Tytuł/rok/tom/strony	Pkt MNiSW
1.	Journal of Plant Protection Research	<b>Kwiatek M., Wiśniewska H.,</b> Korbas M., <b>Gawłowska M., Belter J., Majka M.,</b> Danielewicz J.	How do eyespot resistance genes transferred into winter wheat breeding lines affect their yield? (2016). 56(4): 319-322	15
2.	Progress in Plant Protection/Postępy w Ochronie Roślin	Niemann J., <b>Kaczmarek J.,</b> Wojciechowski A., <b>Jędrzycka M.</b>	Resistance to stem canker ( <i>Leptosphaeria</i> spp.) in interspecific <i>Brassica</i> hybrids [Odporność mieszańców międzygatunkowych rodzaju <i>Brassica</i> na suchą zgniliznę kapustnych ( <i>Leptosphaeria</i> spp.)] (2016). 56 (2): 245-250	12
3.	Progress in Plant Protection/Postępy w Ochronie Roślin	<b>Kaczmarek J.,</b> Brachaczek A., <b>Jędrzycka M.</b>	The effect of the selected active substances of fungicides on the growth of <i>Leptosphaeria maculans</i> and <i>Leptosphaeria biglobosa</i> [Wpływ wybranych substancji czynnych fungicydów na wzrost <i>Leptosphaeria maculans</i> i <i>Leptosphaeria biglobosa</i> ]. (2016). 56 (2): 180-185	12
4.	Acta Scientarum Polonorum Agricultura	Kalembasa D., Jaremko D., Bik B., <b>Kaczmarek J.,</b> <b>Jędrzycka M.</b>	Effect of infection of <i>Virginia mallow</i> shoots by fungus <i>Sclerotinia sclerotiorum</i> on the contents and distribution of aluminium, manganese and iron. (2016). 15(4): 39-47	11

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

Lp.	Nazwa czasopisma	Autor/autorzy	Tytuł/rok/tom/strony
1.	Przedsiębiorca Rolny	<b>Jędrzycka M., Kaczmarek J.</b>	Prognoza SPEC na rok 2016: sucha zgnilizna jeszcze może zaatakować. 1(15): 72-73.
2.	Farmer	<b>Jędrzycka M., Kaczmarek J.</b>	Optymalny termin zwalczania zgnilizny twardzikowej. (2016). 4: 132-134.
3.	Przedsiębiorca Rolny	<b>Jędrzycka M., Kaczmarek J.</b>	Zgnilizna twardzikowa- nauka dla praktyki rolniczej. (2016). 3(17): 91.
4.	Przedsiębiorca Rolny	<b>Jędrzycka M., Kaczmarek J.</b>	Kiła kapusty: zarodniki w rowach i stawach. (2016). 5(19): 80.
5.	Materiały szkoleniowe dla uczestników warsztatów „Wybrane problemy integrowanej ochrony zbóż i rzepaku na obszarze województwa lubuskiego”	<b>Jędrzycka M.</b>	Rozpoznawanie najważniejszych chorób grzybowych rzepaku oraz możliwość zapobiegania i zwalczania z uwzględnieniem zasad integrowanej ochrony roślin. Miejsce szkolenia: Lubuski Ośrodek Doradztwa Rolniczego w Kalsku i SDOO w Świebodzinie, 16 czerwca 2016.

D. Autorstwo/redakcja monografii; autorstwo rozdziału w monografii

Lp.	Autor/autorzy	Tytuł/rok/tom/strony
1.	<b>Rybiński W., Górnycowicz. B.</b>	Umfang and Erzeugung von Körnerleguminosen. In: Körnerleguminosen als Futter und Nahrungsmittel (H. Jeroch, A. Lipiec, Hj. Abel, J. Zentek, E.R. Grela, G. Bellof – eds.). DLG Verlag, ISBN 978-37690-0839-5, pp. 23-27.
2.	<b>Rybiński W., Górnycowicz. B.</b>	Pflanzenbauliche Voraussetzungen und Maßnahmen zur Erzeugung von Körnerleguminosen. In: Körnerleguminosen als Futter und Nahrungsmittel (H. Jeroch, A. Lipiec, Hj. Abel, J. Zentek, E.R. Grela, G. Bellof – eds.). DLG Verlag, ISBN 978-37690-0839-5, pp. 27-46.
3.	<b>Jeżowski S., Ornatowski S., Finnan J., Kaczmarek Z., Cerazy J.</b>	Moisture Loss Rate in Grass Cut at Anthesis: Variation Among Selected Traditional Species. In: Perennial Biomass Crops for a Resource-Constrained World. Barth S., Murphy-Bokern D., Kalinina O., Taylor G., Jones M. (Eds.), Springer International Publishing, Cham, Switzerland, pp. 199-206.
4.	<b>Czyż M., Pniewski T.</b>	Thermostability of Freeze-Dried Plant-Made VLP-Based Vaccines. In: Sustainable Drying Technologies, Del Real Olvera J. (Ed.), InTech, Rijeka, Croatia, pp.7-36.
5.	<b>Kielbowicz-Matuk A., Talar U., Czarnecka J., Rorat T.</b>	Regulation of Plant Growth and Acclimation to Low Temperature in Diurnal Cycle. Proceedings of the 19 <sup>th</sup> Cold Hardiness Seminar in Poland, Ed. P.S. Pukacki. ISBN 978-83-60591-13-0, pp. 13-22.
6.	Ghesquière M., Baert J., Barth S., Černoch V., Grogan D., Humphreys M.W., Murray P., Østrem L., Sokolović D., Paszkowski E., <b>Zwierzykowski Z.</b>	Enhancing the Productivity in Forage Grasses on the European Scale using Interspecific Hybridization. In: I. Roldán-Ruiz, J. Baert, D. Reheul (Eds), <i>Breeding in a World of Scarcity</i> , Proceedings of the 2015 Meeting of the Section “Forage Crops and Amenity Grasses” of Eucarpia, pp.199-204. ISBN 978-3-319-28930-4, ISBN 978-3-319-28932-8 (eBook). DOI 10.1007/978-3-319-28932-8. Springer International Publishing Switzerland.
7.	Parreira J.R., Branco D., Almeida A.M., Czubacka A., Agacka-Moldoch M., <b>Paiva J.A.P.</b> , Tavares-Cadete F., Araújo S.S.	Systems Biology approaches to improve drought stress in plants: State of the art and future challenges in Drought Tolerance in Plants, Vol 2: Molecular and Genetic Perspectives”. Springer.
8.	Singh RK, Hou W., <b>Franklin G.</b>	Construction of Hypericin Gland-Specific cDNA Library via Suppression Subtractive Hybridization in Methods Molecular Biology, Vol. 1391, S.Mohan Jain (Eds): Protocols for In Vitro Cultures and Secondary Metabolite Analysis of Aromatic and Medicinal Plants, Second Edition, 978-1-4939-3330-3, 326657_2_En, (22).