



Instytut Genetyki Roślin
Polskiej Akademii Nauk

OFERTA WSPÓŁPRACY I USŁUG w zakresie badania roślin i mikroorganizmów



PAN
POLSKA AKADEMIA NAUK

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk

prowdzi badania w dziedzinie nauk rolniczych, w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo, zgodnie z najwyższymi standardami oraz upowszechnia wyniki tych badań. Od siedemdziesięciu lat jest ważnym centrum badawczym, w którym naukowcy podejmują nowe wyzwania w zakresie badań podstawowych oraz rozwijają innowacyjne metody badawcze. Ich osiągnięcia na tym polu przyczyniają się nie tylko do rozwoju wiedzy w ramach uprawianej dyscypliny naukowej, ale także w ramach dyscyplin pokrewnych, w tym nauk biologicznych. Prace prowadzone w IGR PAN wspierają zrównoważone rolnictwo i służą rozwiązywaniu problemów pojawiających się w środowisku funkcjonowania roślin, w tym tych związanych ze zmianami klimatycznymi.

Pracownicy i doktoranci Instytutu aktywnie uczestniczą w interdyscyplinarnej współpracy z innymi czołowymi instytucjami i zespołami badawczymi, integrując swe badania ze środowiskiem naukowym zarówno w kraju, jak i zagranicą.

IGR PAN dąży do wzmocnienia i promowania swego potencjału badawczego oraz do osiągnięcia międzynarodowej konkurencyjności. W ostatnim dziesięcioleciu Instytut otrzymał dwa granty ERA Chair: BIO-TALENT (The Creation of the Department of Integrative Plant Biology, FP7-ERA Chairs-Pilot Call-2013), pierwszy projekt ERA Chair w Polsce oraz NANOPLANT (The Creation of the Department of Plant Nanotechnology, H2020-WIDESPREAD-2018-04, w realizacji).

Realizowane były lub są projekty międzynarodowe: FP7 TransPlant (Trans-national Infrastructure for Plant Genomic Science), FP7 GrassMargins (Enhancing Biomass Production from Marginal Lands with Perennial Grasses), FP7 EpiTraits (Epigenetic Regulation of Economically Important Traits), FP7 LEGATO (Legumes for the Agriculture of Tomorrow), H2020 EPPN2020 (European Plant Phenotyping Network 2020), H2020 INCREASE (Intelligent Collections of Food Legumes Genetic Resources for European Agrofood Systems), HE Legume Generation (Boosting Innovation in Breeding for the Next Generation of Legume Crops for Europe) i HE BELIS (Breeding European Legumes for Increased Sustainability).

Ważnym źródłem finansowania działalności Instytutu jest subwencja przyznawana przez Ministra Nauki. W ostatnich latach w IGR PAN było realizowanych ponad 80 różnych projektów badawczych. Największą grupę stanowią projekty finansowane przez Narodowe Centrum Nauki. Inne bardzo istotne źródła finansowania badań stanowią programy Postępu Biologicznego Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi, Narodowego Centrum Badań i Rozwoju, Fundacji na Rzecz Nauki Polskiej, Narodowej Agencji Wymiany Akademickiej oraz Agencji Restrukturyzacji i Modernizacji Rolnictwa. Prowadzona jest także współpraca z firmami nasienne-hodowlanymi i biotechnologicznymi.

Instytut promuje kształcenie młodych naukowców, prowadząc wspólnie z innymi poznańskimi instytucjami Poznańską Szkołę Doktorską Instytutów Polskiej Akademii Nauk.

W roku 1994 została ustanowiona Krajowa Nagroda im. Stefana Barbackiego dla młodych naukowców, przyznawana corocznie.



Badania naukowe w IGR PAN, których obiektem są rośliny uprawne i modelowe oraz mikroorganizmy, koncentrują się na następujących czterech obszarach tematycznych:

1. Genetyka i różnorodność roślin

Analiza struktury i ewolucji genomów roślin jest kluczowa zarówno dla badań podstawowych, jak i aplikacyjnych, w tym dla identyfikacji genów związanych z ważnymi cechami użytkowymi. Badania w tym zakresie obejmują sekwencjonowanie genomów, charakterystykę rodzin genowych i zmienności allelicznej genów, badanie przemian chromosomowych oraz analizę zróżnicowania genetycznego populacji różnych gatunków i mieszańców. Istotnym elementem tych prac jest mapowanie loci cech ilościowych poprzez analizę asocjacyjną.

2. Mechanizmy leżące u podstaw funkcjonowania roślin w zmiennym środowisku

Prowadząc osiadły tryb życia, rośliny są narażone na działanie szeregu zmiennych czynników środowiskowych. Stresy abiotyczne związane m.in. z brakiem lub nadmiarem wody w glebie, wzrostem lub spadkiem temperatury otoczenia, niedostatecznym lub nadmiernym natężeniem światła, czy z obecnością metali ciężkich w podłożu, mają negatywny wpływ na wzrost i rozwój roślin. Z tego względu rośliny wykształciły szereg różnych strategii, które pozwalają im funkcjonować w zmiennym środowisku. Niezbędne jest zrozumienie mechanizmów, które leżą u podstaw tych strategii. Prace koncentrują się na poznaniu zarówno mechanizmów tolerancji różnych stresów abiotycznych, jak i plastyczności rozwojowej roślin. W badaniach wykorzystywane są techniki nowoczesnego fenotypowania, mikroskopii, fizjologii, biologii molekularnej i techniki „omiczne”. Ważnym elementem prac prowadzonych w tym obszarze badawczym jest analiza funkcjonalna genów, zarówno u roślin uprawnych, jak i modelowych.

3. Interakcja roślin z mikroorganizmami

Mikroorganizmy towarzyszą roślinom zarówno w strefie nadziemnej, jak i korzeniowej. Niektóre działają chorobotwórczo, zaś inne promują wzrost roślin lub są szkodliwe względem ich patogenów. Badania dotyczą wykrywania i identyfikacji pojedynczych mikroorganizmów, ich konsorcjów lub całych mikrobiomów, ze szczególnym uwzględnieniem grzybów, a także poznania ich interakcji z roślinami i między sobą. Prowadzone prace związane są także z mechanizmami biosyntezy mykotoksyn, określaniem roli związków wytwarzanych przez grzyby chorobotwórcze i symbiotyczne w komunikacji z roślinami oraz określeniem wpływu czynników środowiskowych na metabolizm grzybów. Istotnym elementem badań w tym obszarze są również prace koncentrujące się na biologii ewolucyjnej roślin i towarzyszących im mikroorganizmów.

4. Interdyscyplinarne badania technologiczne i metodologiczne na rzecz poznawania świata roślin

Z jednej strony, badania nad roślinami wymagają metodologii korzystających z najnowszych dokonań różnych dyscyplin naukowych, takich jak biologia, chemia, fizyka czy matematyka stosowana lub informatyka. Z drugiej strony, wyniki tych badań sprzyjają rozwojowi technologii przydatnych np. w zarządzaniu środowiskiem, farmakologii, czy produkcji żywności. Badania w zakresie biotechnologii i nanotechnologii oraz projekty metodyczne z zakresu statystyki matematycznej i nauk informacyjnych odzwierciedlają potrzebę interdyscyplinarnego podejścia do badania świata roślin.



Zakłady Naukowe i Laboratoria IGR PAN

Zakład Biologii Roślin i Nanotechnologii – dr hab. Franklin Gregory, prof. IGR PAN
Zakład Biometrii i Bioinformatyki – dr hab. Grzegorz Koczyk
Zakład Biotechnologii Roślin – prof. dr hab. Tomasz Pniewski
Zakład Fenomiki Zbóż – prof. dr hab. Anetta Kuczyńska
Zakład Fizjologii Roślin – prof. dr hab. Arkadiusz Kosmala
Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin – prof. dr hab. Małgorzata Jędrzycka, czł. koresp. PAN
Zakład Genomiki Roślin Strączkowych – dr hab. Magdalena Kroc
Zakład Interakcji Roślina-Patogen – prof. dr hab. Łukasz Stępień
Zakład Mikrobiomiki Roślin – dr hab. Lidia Błaszczak, prof. IGR PAN
Zakład Nanotechnologii Roślin – dr Dibyendu Mondal
Zakład Regulacji Ekspresji Genów – dr hab. Agnieszka Kiełbowicz-Matuk
Zakład Struktury i Funkcji Genów – dr hab. Michał Książkiewicz, prof. IGR PAN
Zakład Zintegrowanej Biologii Roślin – prof. dr hab. Robert Malinowski
Laboratorium Multiomiki – dr Katarzyna Juszczyk

Instytut Genetyki Roślin PAN - partner w projektach badawczych i rozwojowych

Współczesna nauka i przemysł stają w obliczu rosnących potrzeb w zakresie zaawansowanych narzędzi badawczych, które umożliwiają kompleksową ocenę materiałów roślinnych, produktów roślinnych oraz otoczenia roślin – mikroorganizmów i środowiska naturalnego. Instytut Genetyki Roślin PAN posiada laboratoria, które stosują takie narzędzia. Prowadzone w Instytucie badania naukowe są wszechstronne i wykorzystują różnorodną aparaturę badawczą.

Na przykład, Laboratorium Multiomiki jest wyposażone w nowoczesny wysokorozdzielczy spektrometr masowy z mobilnością jonową i obrazowaniem MS. Sprzęt ten umożliwia zaawansowane badania metabolomów, proteomów i mikrobiomów z zastosowaniem uczenia maszynowego.

Postęp biologiczny w rolnictwie to tworzenie nowych odmian roślin uprawnych, bardziej plennych i lepszych jakościowo. Zastosowanie w hodowli nowoczesnych technologii opartych na wiedzy o roślinach, w tym kultur *in vitro* i markerów molekularnych, odgrywa kluczową rolę w skracaniu cyklu hodowlanego, co znacząco przyspiesza proces selekcji. Świadomy i monitorowany transfer genów nie tylko zwiększa jej efektywność, ale również prowadzi do znaczącego obniżenia kosztów produkcji nowych odmian.

Zrozumienie mechanizmów funkcjonowania roślin w środowisku i identyfikacja genów kluczowych dla ekspresji cech związanych z tolerancją czynników stresowych, abiotycznych i biotycznych, oraz z produktywnością, otwiera drogę do modyfikacji tych genów, np. przy wykorzystaniu nowych technik genomowych (NGT), w tym technologii CRISPR/Cas9. W Instytucie prowadzone są badania, które mają na celu zarówno poznanie funkcji genów, jak i ich modyfikowanie w kierunku ulepszania roślin użytkowych.

Rozwój nanotechnologii daje możliwość wykorzystania różnego rodzaju nanopreparatów, w tym nanonawozów, na potrzeby zrównoważonego rolnictwa, w celu poprawienia odporności i tolerancji roślin na czynniki środowiskowe, a także w celu poprawienia ich produktywności.

Znaczna część badań prowadzonych w Instytucie obejmuje klasyczną i molekularną charakterystykę patogenów roślin uprawnych, badanie materiałów pochodzenia roślinnego pod kątem zanieczyszczenia grzybami i toksynami oraz ocenę różnorodności mikroorganizmów zasiedlających części podziemne i nadziemne oraz tkanki wewnętrzne roślin.

Dla kogo?

- Jednostki naukowe prowadzące projekty wymagające badania roślin
- Firmy nasienne-hodowlane wytwarzające nowe odmiany roślin uprawnych
- Firmy biotechnologiczne
- Firmy agrochemiczne
- Jednostki kontrolujące jakość żywności
- Producenci suplementów diety
- Producenci farmaceutyków



BADANIA WYKONYWANE PRZEZ INSTYTUT GENETYKI ROŚLIN PAN OFERTA WSPÓŁPRACY LUB USŁUG BADAWCZYCH

Analizy multiomiczne roślin i mikroorganizmów

→ Wybrane zastosowania

Analiza jakościowa i ilościowa substancji antyżywnościowych, m.in. alkaloidów w łubinie

Analizy metabolomiczne – metabolity pierwotne (aminokwasy, nukleotydy, węglowodany, lipidy), wtórne metabolity roślinne (fenole, polifenole, flawonoidy, terpeny, terpenoidy, alkaloidy)

Analiza metabolitów o aktywności biologicznej w roślinach uprawnych i leczniczych

Analiza metabolitów grzybów

Lipidomika: separacja i identyfikacja lipidów i ich pochodnych

Proteomika: separacja i identyfikacja białek i peptydów

Analiza spektrometryczna poszczególnych związków lub frakcji

→ Aparatura

Wysokorozdzielczy spektrometr masowy Orbitrap (QExactive, Thermo) wyposażony w źródła jonów HESI-II i nanoESI

Chromatograf ciekłowy NanoFlow (RSLC nano Ultimate 3000, Dionex, Thermo)

Ultra-wysokosprawny chromatograf ciekłowy z detektorem PDA (UPLC-PDA, ACQUITY, Waters)

Wysokosprawny chromatograf ciekłowy (HPLC 1100, Agilent) z pułapką jonową (IT-MS, Esquire 3000, Bruker)

Źródło jonów NanoESI ion z wbudowanym autosamplerem i kolektorem frakcji (TriVersa NanoMate, Advion)

Chromatograf gazowy z detektorem FID (GC-2014 Shimadzu)

Kontakt:
dr Katarzyna Juszczyk

✉ kjus@igr.poznan.pl

Słowa kluczowe: metabolomika, lipidomika, proteomika, chromatografia, spektrometria mas



Nanotechnologia roślin

→ Zielone nanocząstki

Badamy mechanizmy syntezy nanocząstek przez ekstrakty z roślin, co otwiera możliwości kontrolowania właściwości fizykochemicznych zielonych nanocząstek. Wykorzystujemy do tego techniki analityczne takie jak UPLC i LC-MS, spektroskopię, zaawansowaną mikroskopię oraz różne metody biologii molekularnej, a mianowicie mutagenезę transpozonową, klonowanie genów, ilościowy i półilościowy RT PCR oraz transformację roślin za pośrednictwem *Agrobacterium tumefaciens*.

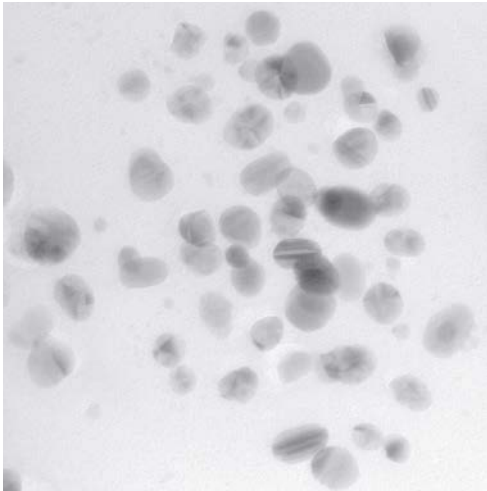
→ Nanopreparaty

Opracowanie preparatów do stosowania dolistnego, zapewniającego lepszą ochronę roślin i zrównoważoną produkcję roślinną. Metodologie dostarczania nanonanozów do roślin. Badanie interakcji roślina-nanomateriał. Wykorzystanie nano-konstruktyw białkowych/nanozymów jako alternatywnych systemów łagodzenia stresu. Wykorzystanie rozpuszczalników nanostrukturalnych (cieczy jonowych i rozpuszczalników głęboko eutektycznych) dla lepszej biokatalizy.

Kontakt:
dr hab. Franklin Gregory, prof. IGR PAN
dr Dibyendu Mondal

 **fgre@igr.poznan.pl**
dmon@igr.poznan.pl

Słowa kluczowe: nanoformulacja, interakcja roślina-nanomateriał, zrównoważone rolnictwo, opakowywanie białek, nanostrukturalne rozpuszczalniki neoteryczne, zielona synteza, metabolizm wtórny



Zaawansowane analizy bioinformatyczne i statystyczne danych biologicznych

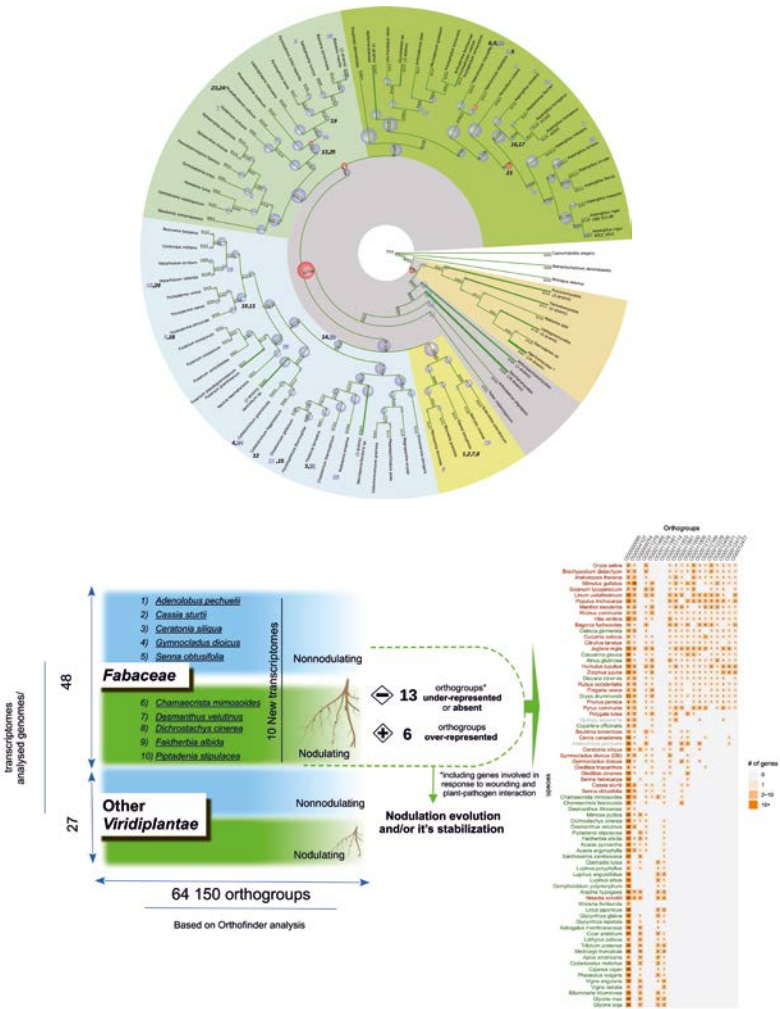
Instytut Genetyki Roślin PAN oferuje współpracę w zakresie analizy bioinformatycznej danych biologicznych (w szczególności: danych multiomicznych, danych pochodzących z sekwencjonowania nowej generacji oraz rezultatów eksperymentów fenotypowania). Specjalizujemy się w integracji wyników różnorodnych eksperymentów transkryptomicznych i epigenomicznych, jak również fenotypowania, analizy metabolomu i proteomu, wspomagając badania podstawowe i stosowane w zakresie biologii roślin oraz powiązanych z nimi mikroorganizmów.

Prowadzimy również interdyscyplinarne badania wykraczające poza powyższe obszary oraz rozwijamy nowe metody i standardy bioinformatycznej analizy złożonych danych.

Kontakt:
dr hab. Grzegorz Koczyk

 **gkoc@igr.poznan.pl**

Słowa kluczowe: modelowanie danych, analiza wielowymiarowa, filogenomika, bioinformatyka ewolucyjna, metabolity wtórne, integracja danych multiomicznych, analiza danych sekwencjonowania nowej generacji



Biotechnologia

→ Biopharming

Produkcja białek antygenowych, składających się w cząstki wirusopodobne (ang. Virus-Like Particles, VLPs) w roślinnych systemach ekspresyjnych, dla otrzymania innowacyjnych szczepionek, z zastosowaniem technik takich jak rekombinacja DNA, transformacja roślin metodami *Agrobacterium tumefaciens* oraz biolistyczną, regeneracja roślin *in vitro*, ekspresja przejściowa, oczyszczanie VLPs, liofilizacja, a także wykrywanie i oznaczanie białek metodami takimi jak ELISA i Western Blot.

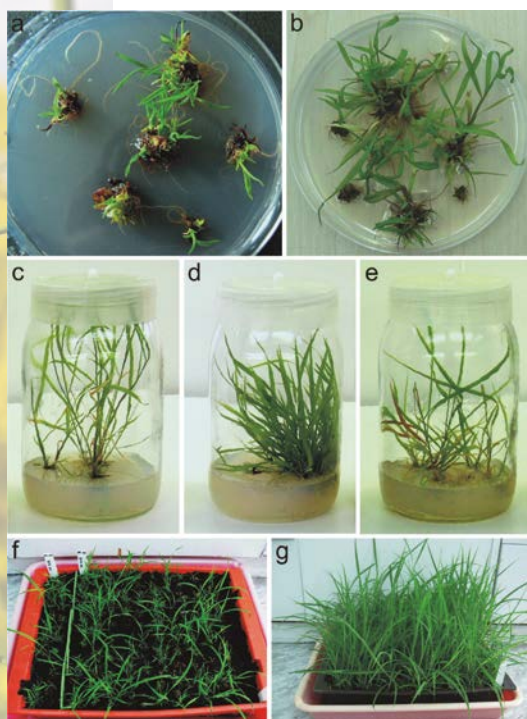
→ Bioenergetyka i fitoremediacja

Badamy wykorzystanie roślin do produkcji bioenergii i biopaliw oraz w fitoremediacji, określając ich przystosowanie do trudnych warunków abiotycznych, takich jak niskie temperatury i zanieczyszczenie gleby arsenem. Wykorzystujemy szeroki zakres metod biotechnologicznych i biologicznych, w tym analizy transkryptomowe, biochemiczne i metaboliczne, a także badania aktywności enzymatycznej i fotosyntetycznej oraz fermentację lub karbonizację biomasy ligno-celulozowej w celu produkcji bioetanolu lub biowęgla.

Kontakt:
prof. dr hab. Tomasz Pniewski

✉ tpni@igr.poznan.pl

Słowa kluczowe: inżynieria genetyczna, hodowle tkankowe, transformacja roślin, ekspresja przejściowa, biopharming, szczepionki roślinne, cząstki wirusopodobne, bioenergetyka, biopaliwa, bioetanol, fitoremediacja, fitoekstrakcja, tolerancja stresów środowiskowych, fizjologia roślin, anatomia i biochemia ściany komórkowej



Analiza odpowiedzi roślin na stres abiotyczny i biotyczny

→ Badanie transkryptomu, proteomu i metabolomu roślin

Stosujemy nowoczesne, wysokoprzepustowe techniki analityczne do identyfikacji genów, białek i metabolitów uczestniczących w procesach regulacyjnych odpowiedzi roślin na różne rodzaje stresów, zarówno abiotycznych, jak i biotycznych. Dzięki wykorzystaniu zaawansowanych metod analitycznych możliwe jest identyfikowanie biomarkerów, które mogą zostać wykorzystane w procesie selekcji genotypów charakteryzujących się zwiększoną odpornością na niekorzystne warunki i do wyprowadzenia nowych odmian roślin uprawnych o zwiększonej wydajności w kontekście postępujących zmian klimatycznych.

→ Wykorzystanie metod z zakresu fenomiki do oceny plonu zbóż

Zastosowanie technik fenomiki do charakterystyki zmian fenotypowych zachodzących w nadziemnej i podziemnej części roślin pod wpływem stresów środowiskowych, poprzez monitorowanie dynamiki wzrostu roślin w czasie rzeczywistym, pozwala na szczegółową ocenę cech związanych z potencjałem plonowania. Takie badania mogą stanowić podstawy dla opracowywania strategii hodowlanych i biotechnologicznych, zmierzających do zwiększenia odporności zbóż na stres środowiskowy. Postęp w badaniach dotyczących wpływu czynników genetycznych i środowiskowych na kształtowanie systemu korzeniowego dokonuje się poprzez rozwój metod fenotypowania, które są nieinwazyjne i precyzyjne. Posiadamy możliwość fenotypowania w warunkach polowych z wykorzystaniem systemu ViewRoots Field 1.0.

→ Przyspieszanie selekcji odmian jęczmienia i pszenicy

Uzyskiwanie form haploidalnych i linii podwojonych haploidów zarówno u pszenicy jak i jęczmienia. W pełni wyposażone laboratorium do prac molekularnych umożliwia prowadzenie selekcji badanych genotypów opartej na markerach molekularnych. Opublikowane instrukcje wdrożeniowe, dotyczące skrócenia czasu potrzebnego do wytworzenia nowej odmiany o pożądanych cechach z wczesną selekcją na podstawie markerów o potwierdzonej skuteczności selekcyjnej, stanowią istotny krok w kierunku bardziej ekologicznych praktyk rolniczych.

Kontakt:
prof. dr hab. Anetta Kuczyńska

✉ akuc@igr.poznan.pl

Słowa kluczowe: fenotypowanie, fitohormony, lipidomika, metabolomika, proteomika, sekwencjonowanie mRNA, stres abiotyczny, stres biotyczny



Badania fizjologiczne

→ Analiza aktywności aparatu fotosyntetycznego roślin użytkowych

Pomiary fluorescencji chlorofilu, wymiany gazowej i aktywności wybranych enzymów zarówno w warunkach naturalnych, jak i w trakcie działania czynników stresowych (susza, zasolenie gleby, niska/wysoka temperatura).

→ Analiza aktywności aparatu antyoksydacyjnego roślin użytkowych

Pomiary aktywności wybranych enzymów antyoksydacyjnych w warunkach naturalnych i w trakcie działania czynników stresowych (susza, zasolenie gleby, niska/wysoka temperatura).

→ Badanie reakcji roślin użytkowych na zmiany środowiska

Analiza poziomu tolerancji suszy i zasolenia gleby oraz mrozoodporności u roślin użytkowych w oparciu o pomiary wybranych parametrów fizjologicznych, w tym zawartości i relatywnej zawartości wody w tkankach (WC i RWC) oraz stabilności błon komórkowych (wyciek elektrolitów).

→ Badanie ekspresji genów

Analiza ekspresji wybranych genów na poziomie transkryptu (RT-qPCR w czasie rzeczywistym) i białka (Western blot) oraz analiza zmian w proteomie (2-D elektroforeza) w różnych organach roślin użytkowych w warunkach naturalnych i w trakcie działania czynników stresowych (susza, zasolenie gleby, niska/wysoka temperatura).

→ Hodowla i biotechnologia roślin użytkowych

Prowadzenie kultur *in vitro* zbóż, traw pastewnych i rzepaku. Uzyskiwanie roślin transgenicznych; badanie funkcji wybranych genów w odpowiedzi roślin na czynniki stresowe (wyciszenie, nadekspresja, knock-out genów z wykorzystaniem CRISPR/Cas9). Krzyżowanie oddalonych traw pastewnych i uzyskiwanie mieszańców międzyrodzajowych. Pomiary fenotypowe części nadziemnej i podziemnej roślin. Analiza liczby chromosomów.

Kontakt:

prof. dr hab. Arkadiusz Kosmala



akos@igr.poznan.pl

Słowa kluczowe: tolerancja stresów, pierwotny metabolizm, ekspresja genów, analiza funkcjonalna



Wykrywanie i identyfikacja grzybów chorobotwórczych w roślinach, glebie i powietrzu

Analizy obejmują klasyczną i molekularną charakterystykę patogenów roślin uprawnych oraz zmierzają do ustalenia składu i struktury ich populacji. Naszą unikalną specjalnością są badania stężenia zarodników grzybów chorobotwórczych względem roślin uprawnych w powietrzu prowadzone z zastosowaniem metod aerobiologii klasycznej i molekularnej.

Stosowane metody obejmują identyfikację chorób roślin uprawnych na podstawie objawów wizualnych i analiz mikroskopowych, izolację i hodowlę grzybów chorobotwórczych na podłożach mikrobiologicznych, biotesty w warunkach kontrolowanych oraz doświadczenia polowe z zastosowaniem różnych technik inokulacji.

Badania laboratoryjne prowadzone są z wykorzystaniem metod end-point PCR, qPCR (sondy TaqMan), dPCR i LAMP. Badania molekularne obejmują identyfikację składu aeroplanktonu i stężenia jego komponentów.

Kontakt:

prof. dr hab. Małgorzata Jędrzycka,
czł. koresp. PAN



mjed@igr.poznan.pl

Słowa kluczowe: grzyby fitopatogeniczne, askochytoza, kiła kapusty, sucha zgnilizna kapustnych



Wsparcie hodowli roślin strączkowych

→ Analiza ekspresji genów

Analiza zmian ekspresji genów na poziomie organu roślinnego, prowadzona w odniesieniu do wybranego kontekstu badawczego, np. różne stadia rozwojowe roślin, zróżnicowane organy, reakcja na czynniki stresowe, metodą real-time PCR lub poprzez sekwencjonowanie. Uzyskane dane mogą być wykorzystane zarówno do wczesnej selekcji osobników o pożądanych cechach (np. odporność, jakość plonu, inne cechy fenotypowe) wspierając klasyczne metody hodowli, jak i do identyfikacji i charakterystyki genotypów w badaniach podstawowych i aplikacyjnych, ukierunkowanych na lepsze zrozumienie funkcji genów oraz ich roli w procesach biologicznych.

→ Selekcja markerowa (MAS)

Wykorzystanie znanych markerów molekularnych do identyfikacji roślin z pożądanymi cechami fenotypowymi, umożliwiając szybszą i bardziej precyzyjną selekcję genotypów o określonych walorach.

→ Badania zmienności głównych cech-komponentów fizjologicznej efektywności i tolerancji stresu wodno-mineralnego wśród różnorodnych kolekcji roślin

Badania obejmują analizę aktywności fotosyntetycznej liści, efektywności pobierania i wykorzystania wody, CO₂ oraz wykorzystania azotu i fosforu w formowaniu masy plonu rośliny, w tym w zmiennych i stresowych warunkach środowiska (aparatura Licor, HandyPea, SPAD).

Kontakt:
dr hab. Magdalena Kroc

✉ mkro@igr.poznan.pl

Słowa kluczowe: rośliny strączkowe, genomika, ekspresja genów, zasoby genetyczne, alkaloidy



Mikrobiologiczne badanie materiałów pochodzenia roślinnego pod kątem zanieczyszczenia grzybami i toksynami

→ Identyfikacja molekularna

Opracowano metodykę szybkiego oczyszczania mikroorganizmów (bakterii i grzybów) z różnych matryc roślinnych oraz ich precyzyjnej identyfikacji gatunkowej metodami molekularnymi. Zastosowanie takiego podejścia sprawdzono zarówno w przypadku surowych płodów rolnych, jak i przetworzonych produktów pochodzenia roślinnego z upraw ekologicznych i konwencjonalnych.

→ Wytwarzanie materiałów dźwiękochłonnych na podłożach stałych z wykorzystaniem utrwalonej grzybni

Testowanie różnych kompozycji podłoża/substratu i grzybni wyselekcjonowanych szczepów pod kątem optymalnych parametrów pochłaniania dźwięku, do zastosowania w budownictwie i wzornictwie użytkowym. Optymalizacja parametrów i warunków hodowli grzybów. (Współpraca z Wydziałem Fizyki UAM).

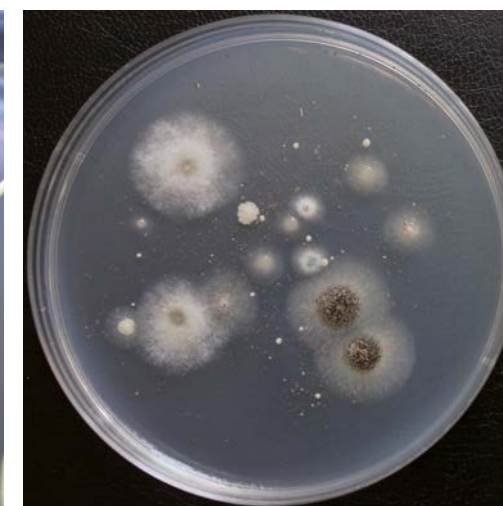
→ Analiza fungistatycznego wpływu ekstraktów roślinnych oraz badania ich składu

Ocena efektów dodatku różnych ekstraktów roślinnych na wzrost i metabolizm potencjalnie patogenicznych mikroorganizmów występujących naturalnie w środowisku bytowania ludzi i zwierząt, a także ocena zmian w ilości syntezowanych toksycznych metabolitów wtórnych (współpraca z Uniwersytetem Przyrodniczym w Poznaniu).

Kontakt:
prof. dr hab. Łukasz Stępień

✉ lste@igr.poznan.pl

Słowa kluczowe: grzyby entomopatogenne, patogeny grzybowe, *Fusarium*, ekspresja genów, różnorodność genetyczna, mykotoksyny, interakcja roślina-patogen



Badanie mikrobiomu roślin

Oceniamy różnorodność mikroorganizmów zasiedlających części podziemne i nadziemne oraz tkanki wewnętrzne roślin i ich wpływ na funkcjonowanie rośliny-gospodarza. Stosujemy metody mikrobiologiczne, zarówno klasyczne, jak i oparte na technikach wysokoprzepustowych (mikroskopia, sekwencjonowanie Sangera, DNA barcoding, metabarkoding), biochemiczne (spektrometria i spektroskopia mas), fizjologiczne (nieinwazyjne metody pomiaru efektywności fotosyntetycznej roślin), morfo-anatomiczne (mikroskopia świetlna, konfokalna i skaningowa mikroskopia elektronowa, metody znakowania immunochemicznego), a także: wysokoprzepustowe sekwencjonowanie RNA, mikro RNA i degradomu, techniki oceny metylacji DNA, Real time-PCR, cyfrowy PCR oraz analizę topnienia w czasie rzeczywistym zdefiniowanych fragmentów DNA.

Kontakt:

dr hab. Lidia Błaszczyk, prof. IGR PAN



lbla@igr.poznan.pl

Słowa kluczowe: mikrobiom, transmisja endofitów, epigenetyka, biokontrola, remodelowanie mikrobiomu roślin uprawnych



Modyfikacje roślin za pomocą nowych technik genomowych

→ Zastosowanie technik edycji genomu do badania funkcji wybranych genów u różnych gatunków roślin

Edycja genomu pozwala na przyspieszone otrzymywanie form roślinnych o zmienionych własnościach fenotypowych. Posiadane zezwolenia pozwalają na pracę z organizmami zmodyfikowanymi genetycznie w warunkach laboratoryjnych, jak również na testowanie materiałów w kontrolowanych warunkach środowiska.

→ Badamy mechanizmy molekularne, które kontrolują aktywność genów w trakcie rozwoju roślin

Łączymy techniki z zakresu epigenomiki, proteomiki i inżynierii genetycznej. Badania obejmują:

- uprawę roślin w warunkach *in vitro*,
- uzyskiwanie roślin transgenicznych z mutacją typu knock-out/indel w badanym genie i z jego nadekspresją,
- agroinfiltrację i ekspresję przejściową białek zrekombinowanych,
- izolację i transformację protoplastów,
- analizę zmian w transkryptomie roślin transgenicznych w porównaniu do roślin typu dzikiego z wykorzystaniem sekwencjonowania nowej generacji – RNA-seq,
- analizę zmian w profilach ekspresji wybranych genów metodą RT-qPCR,
- wykrywanie obecności wybranych białek w materiale roślinnym i analizę zmian w akumulacji białek w różnych warunkach metodą Western blot,
- nadekspresję białek w systemie bakteryjnym i oczyszczanie białek za pomocą chromatografii powinowactwa,
- identyfikację partnerów białkowych za pomocą techniki pull-down i *FLIM-FRET*,
- identyfikację czynników transkrypcyjnych przy zastosowaniu drożdżowego systemu jednohybrydowego,
- identyfikację miejsc wiązania białek do DNA metodą immunoprecypitacji chromatyny i techniki EMSA – *test przesunięcia ruchliwości elektroforetycznej*.

Kontakt:

dr hab. Agnieszka Kietbowicz-Matuk



akie@igr.poznan.pl

Słowa kluczowe: modyfikacje genetyczne, mechanizmy molekularne roślin



Badanie struktury i funkcji genów

Badamy genomy roślin uprawnych stosując m.in. generowanie sekwencyjnie zdefiniowanych markerów molekularnych do genotypowania wybranych mutacji przy użyciu takich metod jak CAPS, dCAPS, PCR allelo-specyficzny, HRM oraz KASP, wysokoprzepustowe genotypowanie RAD-seq, DArT-seq oraz MACE, analizę ekspresji genów metodą Real-Time PCR, różnicowe profilowanie ekspresji genów przy użyciu sekwencjonowania RNA nowej generacji, mapowanie sprzężeń, mapowanie loci cech ilościowych (QTL), mapowanie ekspresyjnych QTL (e-QTL), mapowanie porównawcze i analizę kolinearności sekwencji genomów, genomowe mapowanie asocjacyjne (GWAS), wnioskowanie filogenetyczne, analizę genomu metodą fluorescencyjnej hybrydyzacji *in situ* (FISH oraz oligo-FISH).

Kontakt:

dr hab. Michał Książkiewicz, prof. IGR PAN



mksi@igr.poznan.pl

Słowa kluczowe: ekspresja genów, mapowanie genetyczne, sekwencjonowanie DNA i RNA, cechy użytkowe



Biologia zintegrowana

Przeprowadzanie eksperymentów dotyczących DNA, RNA i białek, włącznie z badaniami funkcjonalnymi, z użyciem różnych technik mikroskopowych, dla uzyskania odpowiedzi na podstawowe pytania z zakresu biologii roślin.

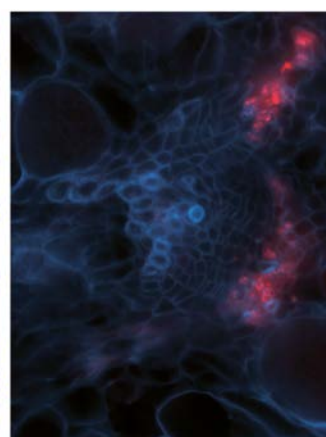
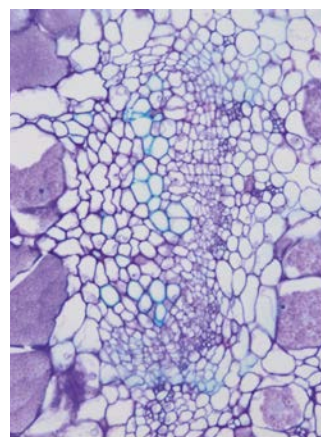
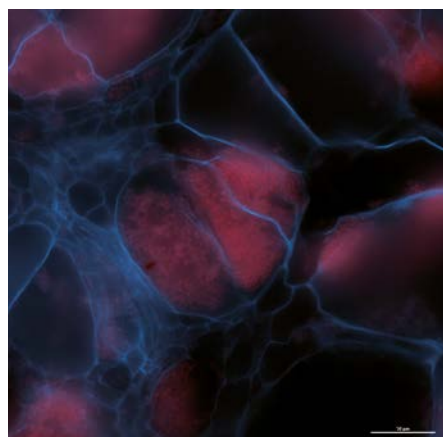
Kontakt:

prof. dr hab. Robert Malinowski



rma@igr.poznan.pl

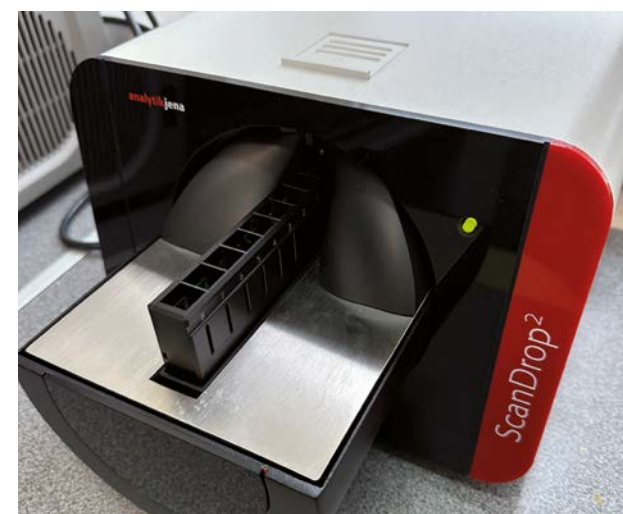
Słowa kluczowe: rozwój roślin, wzrost komórek, różnicowanie komórek, plastyczność rozwojowa, interakcje roślina-mikroorganizm



Wybrana aparatura badawcza Instytutu Genetyki Roślin PAN



Mikrotom rotacyjny półautomatyczny Leica HistoCore Multicut



ScanDrop z adapterem na kuwety



Skaner laserowy Typhoon FLA 9500



Miernik wielopigmentowy MPM - 100



Porometr SC-1



Sonicator Q705 z sondą



**Instytut Genetyki Roślin
Polskiej Akademii Nauk**

ul. Strzeszyńska 34
60-479 Poznań

tel. (61) 65 50 200, (61) 65 50 255
e-mail: office@igr.poznan.pl
www.igr.poznan.pl