



INSTYTUT GENETYKI ROŚLIN
POLSKIEJ AKADEMII NAUK

INFORMATOR

Poznań 2024



Instytut Genetyki Roślin
Polskiej Akademii Nauk

INFORMATOR

Poznań 2024

Instytut Genetyki Roślin
Polskiej Akademii Nauk

Informator 2024

Wydany z okazji Jubileuszu 70-lecia Instytutu

Redakcja
Paweł Krajewski
Arkadiusz Kosmala

© Instytut Genetyki Roślin PAN
Poznań 2024

ISBN 978-83-85583-34-9

Przygotowanie do druku: Mirka Korbańska
Druk i oprawa: Sors Sp. z o.o.



INSTYTUT GENETYKI ROŚLIN
POLSKIEJ AKADEMII NAUK

Szanowni Państwo,

Minęło siódme dziesięciolecie działalności Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk. Jest to dobra okazja zarówno do wspomnień, jak i do podsumowania działalności jednostki. Zgodnie z wieloletnią tradycją, akcentujemy tę datę organizacją Sesji Jubileuszowej i Konferencji Naukowej oraz wydaniem Informatora utrwalającego podstawowe wiadomości ważne na obecnym etapie rozwoju Instytutu.

Było to dziesięciolecie, w którym kontynuowana była ewolucja w wielu aspektach działalności jednostki. Nie rezygnując z misji działania na rzecz rolnictwa, Instytut zwiększył aktywność w zakresie badań podstawowych, co jest niezbędne dla realizacji idei postępu biologicznego opartego na wiedzy. Badania objęły nowe gatunki roślin oraz liczne elementy interakcji roślin ze środowiskiem, z uwzględnieniem czynników abiotycznych i biotycznych. Rozwinięte zostały podejścia o charakterze systemowym bazujące m.in. na badaniach multiomicznych oraz podejścia integrujące różne perspektywy badawcze. W coraz większym stopniu wykorzystywane są wysokoprzepustowe procedury badania sekwencji kwasów nukleinowych oraz fenotypu.

Zwiększyła się interdyscyplinarność zespołów naukowych i prowadzonych badań. Jednym z przejawów tego jest tematyka konferencji organizowanej przez Instytut w roku jubileuszowym. Międzynarodowa Konferencja „Nanotechnologia Roślin 2024” poświęcona będzie najnowszym osiągnięciom na styku nanotechnologii i nauk o roślinach. Postępuje także umiędzynarodowienie zespołów badawczych.

W sposób ewolucyjny zmieniał się sposób finansowania działalności naukowej. Obecnie wszystkie badania są finansowane w warstwie materiałowej i aparaturowej ze środków projektów uzyskanych na zasadach konkursowych w agencjach krajowych i międzynarodowych. Tak więc plany badawcze pracowników Instytutu są poddawane ocenie przez niezależnych ekspertów jeszcze przed ich realizacją. Znalazło to odbicie w zwiększeniu liczby publikacji w czasopiśmie o największym prestiżu.

Program badawczy Instytutu jest realizowany przez zespół wysoko wykwalifikowanych i oddanych nauce pracowników. To samo dotyczy zespołów administracji i obsługi Instytutu. Jubileusz 70-lecia jest okazją do podziękowania tym osobom za codzienny trud. Jest też okazją do spotkania osób pracujących w Instytucie w przeszłości oraz współpracowników i przyjaciół wspomagających Instytut od wielu lat, i podziękowania im za wkład w rozwój jednostki.

Serdecznie dziękuję za udział w Jubileuszu 70-lecia Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk.

Z poważaniem
prof. dr hab. Paweł Krajewski
Dyrektor



Dyrekcja Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk



Zastępca Dyrektora
ds. naukowych
prof. dr hab. Arkadiusz Kosmala

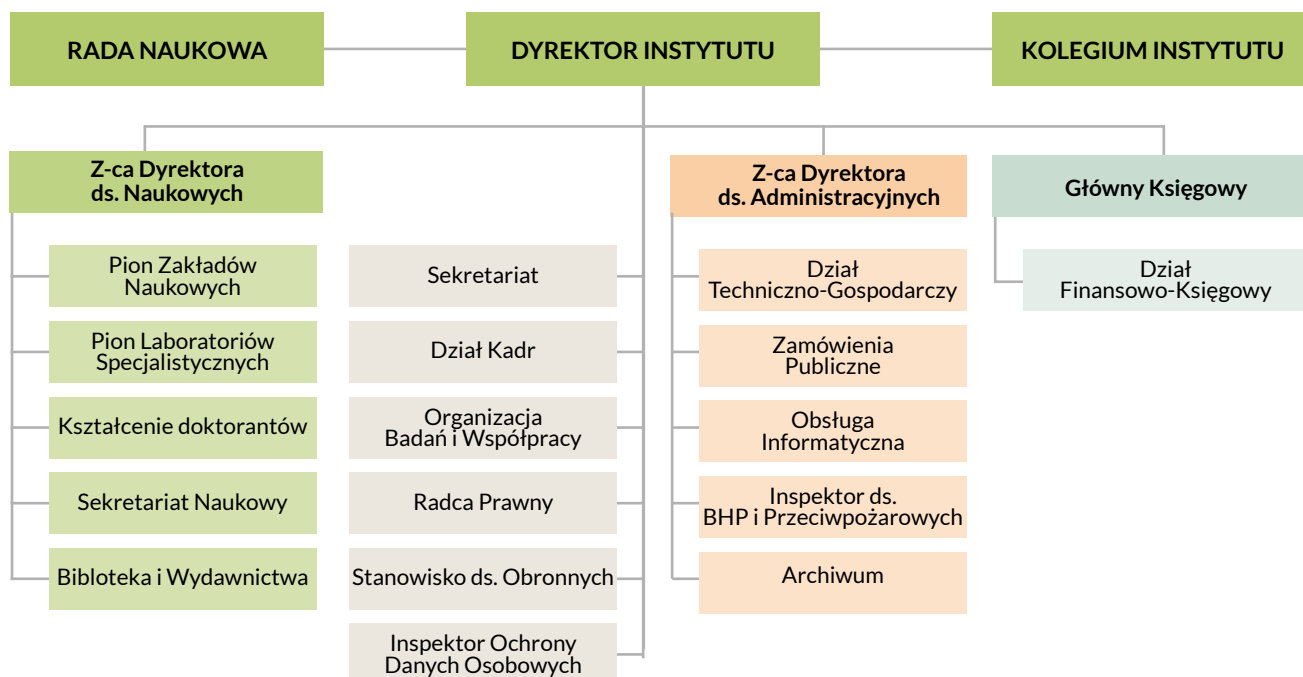


Dyrektor
prof. dr hab. Paweł Krajewski



Zastępca Dyrektora
ds. administracyjnych
mgr Piotr Woźniak

SCHEMAT STRUKTURY ORGANIZACYJNEJ Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk



Kierownictwo IGR PAN w latach 2012–2024

Dyrektor:	prof. dr hab. Bogdan Wolko (2012–2019)
Zastępca ds. naukowych:	prof. dr hab. Piotr Kachlicki (2012–2015)
	prof. dr hab. Małgorzata Jędryczka (2016–2019)
Zastępca ds. ogólnych	prof. dr hab. Zbigniew Zwierzykowski (2012–2017)
Zastępca ds. administracyjnych	mgr Joanna Dutkiewicz (2018–2019)
Dyrektor:	prof. dr hab. Paweł Krajewski (2020–)
Zastępca ds. naukowych:	prof. dr hab. Barbara Naganowska (2020–2024)
	prof. dr hab. Arkadiusz Kosmala (2024–)
Zastępca ds. administracyjnych	mgr Joanna Dutkiewicz (2020–2023)
	mgr Piotr Woźniak (2023–)

Zakłady Naukowe 2015–2020

1. Zakład Biologii Stresów Środowiskowych, kierownik: prof. dr hab. A. Kosmala
Zespół Regulacji Ekspresji Genów, lider: prof. dr hab. T. Rorat (do 2016 r.), dr hab. Agnieszka Kiełbowicz-Matuk
Zespół Fizjologii Molekularnej i Cytogenetyki Roślin, lider: prof. dr hab. A. Kosmala
Zespół Genetyki Odżywiania się Roślin i Fizjologii Plonu, lider: dr hab. A. Górny, prof. IGR PAN (do 2015 r.)

2. Zakład Biometrii i Bioinformatyki, kierownik: prof. dr hab. P. Krajewski
Zespół Biometrii i Bioinformatyki, lider: prof. dr hab. P. Krajewski
Zespół Ewolucji Funkcji Systemów Biologicznych, lider: dr hab. G. Koczyk

3. Zakład Biotechnologii, kierownik: prof. dr hab. T. Pniewski
Zespół Fenotypowania i Genotypowania Zbóż,
lider: prof. dr hab. M. Surma (do 2016 r.), prof. dr hab. A. Kuczyńska
Zespół Bioinżynierii, lider: prof. dr hab. T. Pniewski
Zespół Roślin Energetycznych, lider: prof. dr hab. S. Jeżowski (do 2016 r.)
Zespół Biochemii i Technologii Zbóż, lider: prof. dr hab. B. Salmanowicz (do 2016 r.)

4. Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin, kierownik: prof. dr hab. M. Jędryczka (do 2015 r.), prof. dr hab. P. Kachlicki (do 2018 r.), prof. dr hab. Ł. Stępień
Zespół Fitopatologii Molekularnej, lider: prof. dr hab. M. Jędryczka
Zespół Interakcji Roślina-Mikroorganizm, lider: prof. dr hab. Ł. Stępień
Zespół Metabolomiki, lider: prof. dr hab. P. Kachlicki
Zespół Struktury i Funkcji Mikrobiomu Roślin, lider: dr hab. L. Błaszczuk, prof. IGR PAN (od 2018 r.)

5. Zakład Genomiki, kierownik: prof. dr hab. B. Naganowska (do 2019 r.), prof. dr hab. B. Wolko
Zespół Struktury i Funkcji Genów, lider: prof. dr hab. B. Naganowska (do 2019 r.), dr hab. Michał Książkiewicz
Zespół Genomiki Porównawczej Roślin Strączkowych, lider: prof. dr hab. W. Święcicki
Zespół Genomiki Zbóż, lider: prof. dr hab. H. Wiśniewska

6. Zakład Zintegrowanej Biologii Roślin, kierownik: prof. dr hab. R. Malinowski
Zespół Biologii Systemów Roślinnych, lider: prof. dr hab. R. Malinowski
Zespół Nanobiotechnologii i Biosyntezy Metabolitów Wtórnych, lider: dr hab. F. Gregory, prof. IGR PAN
Zespół Inżynierii Ściany Komórkowej Roślin, lider: dr J. Paiva

Zakłady Naukowe i Laboratoria 2021–2024

Zakład Biologii Roślin i Nanotechnologii

Zakład Biometrii i Bioinformatyki

Zakład Biotechnologii Roślin

Zakład Fenomiki Zbóż

Zakład Fizjologii Roślin

Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin

Zakład Genomiki Roślin Strączkowych

Zakład Interakcji Roślina-Patogen

Zakład Mikrobiomiki Roślin

Zakład Nanotechnologii Roślin

Zakład Regulacji Ekspresji Genów

Zakład Struktury i Funkcji Genów

Zakład Zintegrowanej Biologii Roślin

Laboratorium Multiomiki

dr hab. Franklin Gregory, prof. IGR PAN

dr hab. Grzegorz Koczyk

prof. dr hab. Tomasz Pniewski

prof. dr hab. Anetta Kuczyńska

prof. dr hab. Arkadiusz Kosmala

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

dr hab. Magdalena Kroc

prof. dr hab. Łukasz Stępień

dr hab. Lidia Błaszczuk, prof. IGR PAN

dr Dibyendu Mondal

dr hab. Agnieszka Kiełbowicz-Matuk

dr hab. Michał Książkiewicz

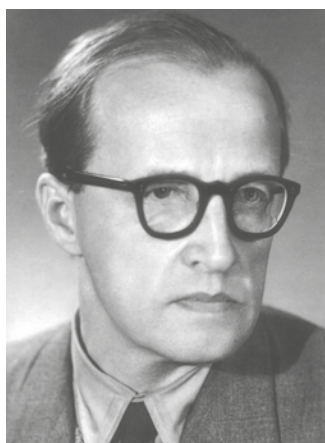
prof. dr hab. Robert Malinowski

dr Katarzyna Juszczuk

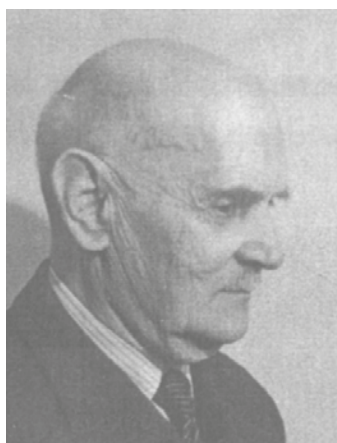


Rys historyczny

W 1954 roku z inicjatywy profesora Stefana Barbackiego został utworzony Zakład Hodowli Roślin PAN. Zakład powołano uchwałą nr 187/54 Sekretariatu Naukowego Prezydium Polskiej Akademii Nauk z dnia 21 grudnia 1954 r. Powstanie Zakładu było realizacją idei profesora Barbackiego stworzenia w Wielkopolsce silnego centrum nauk rolniczych. Powstały Zakład nie miał swojej siedziby i mieścił się w różnych pomieszczeniach, głównie należących do Wyższej Szkoły Rolniczej. Sześć lat później, 1 stycznia 1961 roku, Zakład Hodowli Roślin PAN został połączony z istniejącym od 1952 roku Zakładem Genetyki PAN w Skierniewicach, kierowanym przez profesora Edmunda Malinowskiego. Utworzony w wyniku fuzji Zakład Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk z siedzibą w Poznaniu stanowić miał, zgodnie z intencją profesora Barbackiego, centrum badań genetycznych nad roślinami uprawnymi. Zakład w Skierniewicach, kierowany przez profesora Malinowskiego, działał jako filialny Ośrodek Badań Genetycznych.



prof. dr hab. Stefan Barbacki
– założyciel Instytutu Genetyki Roślin PAN



prof. dr hab. Edmund Malinowski
– współtwórca Zakładu Genetyki Roślin PAN



W latach pięćdziesiątych i sześćdziesiątych XX wieku w ramach Zakładu Hodowli Roślin PAN istniało sześć pracowni, których kierownikami byli wybitni uczeni środowiska poznańskiego. Pracownią Genetyki i Hodowli Roślin kierował prof. Stefan Barbacki, Pracownią Fizjologii Roślin – prof. Jerzy Czosnowski, Pracownią Cytogenetyki – prof. Teresa Hulewiczowa, Pracownią Biochemii Roślin – prof. Jerzy Pawełekiewicz, Pracownią Statystyki Matematycznej – prof. Regina Elandt, Pracownią Fitopatologii – prof. Władysław Błaszczak.

W filialnym Ośrodku Badań Genetycznych w Skierniewicach działały Pracownie: Cytogenetyki (później Genetyki Analitycznej), Genetyki Roślin Kwiatowych, Genetyki Grzybów oraz powołana w 1970 roku Pracownia Zasobów Genowych Roślin Uprawnych. (Pracownia Zasobów Genowych Roślin Uprawnych została przekształcona w 1974 r. w Ogród Botaniczny PAN, obecnie Polska Akademia Nauk Ogród Botaniczny – Centrum Zachowania Różnorodności Biologicznej w Powsinie).

Profil naukowy Zakładu Genetyki Roślin PAN związany był z jednej strony z genetyką roślin uprawnych i dziedzinami pokrewnymi, takimi jak cytologia, fizjologia i biochemia, z drugiej strony z hodowlą, doświadczalnictwem i biometrią, szczególnie zbóż i roślin pastewnych. Tematyka badawcza Zakładu koncentrowała się głównie wokół zagadnień związanych z poliploidyzacją roślin uprawnych, krzyżowaniem międzyodmianowym i międzygatunkowym oraz z odpornością roślin na choroby.



Profesor Stefan Barbacki na polach doświadczalnych z gośćmi zagranicznymi

W 1970 roku Zakład Genetyki Roślin PAN zyskał swoją obecną siedzibę przy ulicy Strzeszyńskiej w Poznaniu. Wtedy też powstały nowe pracownie, a istniejące dotychczas zespoły badawcze zostały wzmocnione kadrowo.

Od początku lat siedemdziesiątych XX wieku zainicjowano nowe badania z zakresu genetyki ilościowej, w tym zagadnień dotyczących efektów heterozji i transgresji, a także badania z zakresu genetyki populacji. W tym okresie podjęto również nowatorską na owe czasy tematykę badawczą związaną z kulturami *in vitro*. Realizowana w tym zakresie problematyka badawcza dotyczyła analizy procesów różnicowania tkanek i komórek, metod otrzymywania haploidów i linii podwojonych haploidów poprzez androgenezę i gynogenezę oraz eliminację chromosomów u zbóż, traw i roślin motylkowatych. Metody *in vitro* zastosowano do uzyskiwania mieszańców oddalonych poprzez kultury niedojrzałych zarodków uzyskanych z krzyżowań międzyrodzajowych. Nowatorskie były także badania nad mutacjami indukowanymi roślin w celu poszerzenia zmienności roślin uprawnych za pomocą fizycznych i chemicznych środków mutagennych. Tematyka badawcza uwzględniała aspekty powstawania mutacji i zwiększania ich częstotliwości, a także pozyskiwania mutantów do analizy genetycznej i praktycznej hodowli roślin uprawnych.

W latach siedemdziesiątych w Zakładzie Genetyki Roślin PAN karierę naukową rozpoczynało wielu uczonych, pracujących następnie w innych ośrodkach naukowych w kraju i za granicą, a wśród nich profesorowie: Andrzej Guranowski (Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu), Maria Guranowska i Henryk Pośpieszny (Instytut Ochrony Roślin – PIB w Poznaniu), Adam Łukaszewski (Uniwersytet Kalifornijski w Riverside, USA), Stefan Malepszy i Zbigniew Przybecki (Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego), Jolanta Małuszyńska i Mirosław Małuszyński (Uniwersytet Śląski), Jerzy Puchalski i Jan J. Rybczyński (Polska Akademia Nauk Ogród Botaniczny – Centrum Zachowania Różnorodności Biologicznej w Powsinie).



Profesor Edmund Malinowski z pracownikami w Skierniewicach

ZATWIERDZAM:
PREZES RADY MINISTRÓW
- /- / P. Jaroszewicz
W-wa, dn. 21 lutego 1979 r.

UCHWAŁA Nr 1/79
Prezydium Polskiej Akademii Nauk
z dnia 30 stycznia 1979 r.

w sprawie utworzenia Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk.

Na podstawie art. 32 ust. 2 ustawy z dnia 17 lutego 1960 r. o Polskiej Akademii Nauk /Dz.U. z 1970 r. Nr 4, poz. 35, z 1973 r. Nr 12, poz. 89 i z 1974 r. Nr 50, poz. 319/ Prezydium Polskiej Akademii Nauk uchwala, co następuje:

§ 1

Tworzy się Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk z siedzibą w Poznaniu – zwany dalej "Instytutem".

§ 2

Przedmiotem działania Instytutu jest prowadzenie badań naukowych w zakresie genetyki roślin ze szczególnym uwzględnieniem potrzeb rolnictwa.

§ 3

Instytut powstaje w drodze przekształcenia Zakładu Genetyki Roślin PAN.

§ 4

Szczegółowy zakres działania oraz organizację Instytutu ustala statut organizacyjny nadany przez Sekretarza Naukowego PAN.

§ 5

Uchwała wchodzi w życie po wyrażeniu zgody na utworzenie Instytutu przez Prezesa Rady Ministrów.

Uchwała w sprawie utworzenia Instytutu Genetyki Roślin PAN

Z dniem 30 stycznia 1979 roku Prezydium Polskiej Akademii Nauk uchwalało nr 1/79 powołało Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk określając jednocześnie, że przedmiotem jego działania są badania naukowe w zakresie genetyki roślin ze szczególnym uwzględnieniem potrzeb rolnictwa.

W konsekwencji rozwoju nowych metod badawczych z zakresu genetyki i biologii molekularnej w latach dziewięćdziesiątych ubiegłego wieku nastąpiły również zmiany w problematyce badawczej Instytutu. Nowe metody badawcze i dostępna nowoczesna aparatura pozwoliła na analizę genomów roślinnych na poziomie struktury DNA, tworzenie map genetycznych i fizycznych genomów, identyfikację genów odpowiedzialnych za ekspresję ważnych cech użytkowych i badanie ich funkcji, a także tworzenie nowych biotechnologii przydatnych w praktyce hodowlanej. W kolejnych latach, wraz z pojawianiem się nowych kierunków w badaniach genetycznych, zmianom ulegały także pracownie i zakłady Instytutu, zarówno pod względem tematyki badawczej, jak i składu osobowego oraz nazwy.

Działalność naukowa

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk (IGR PAN) prowadzi 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.

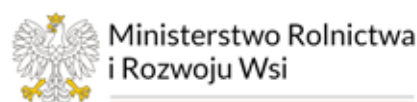
IGR PAN dąży do wzmocnienia i promowania swego potencjału badawczego oraz do osiągnięcia międzynarodowej konkurencyjności. W ostatnim dziesięcioleciu Instytut otrzymał dwa granty ERA Chair: **BIO-TALENT** (The Creation of the Department of Integrative Plant Biology, FP7-ERA Chairs-Pilot Call-2013), pierwszy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

Głównym 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 nasienno-hodowlanymi i biotechnologicznymi.

Instytut promuje kształcenie młodych naukowców, prowadząc wspólnie z innymi poznańskimi instytutami 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, 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.



Rada Naukowa IGR PAN kadencji 2023–2026

Członkowie spoza Instytutu

Prof. dr hab. Iwona BARTKOWIAK-BRODA – Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB, Poznań
Prof. dr hab. Paweł BEDNAREK – Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Poznań
Prof. dr hab. Magdalena FRĄC – Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego PAN, Lublin
Dr hab. Renata GALEK, prof. UP – Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu
Dr hab. Maciej GRZESIAK, prof. IFR PAN – Instytut Fizjologii Roślin im. Franciszka Górskiego PAN, Kraków
Prof. dr hab. Robert HASTEROK – Uniwersytet Śląski w Katowicach
Prof. dr hab. Zbigniew W. KUNDZEWICZ, czł. koresp. PAN – Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
Prof. dr hab. Małgorzata MAŃKA, czł. rzecz. PAN – Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
Prof. dr hab. Cezary MAJRZAK – Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
Dr hab. Aleksandra OBREPALSKA-STĘPŁOWSKA, prof. IOR – PIB, Instytut Ochrony Roślin – PIB, Poznań
Prof. dr hab. Wacław ORCZYK – Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB, Radzików
Prof. dr hab. Monika RAKOCZY-TROJANOWSKA – Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Warszawa
Prof. dr hab. Marian SANIEWSKI, czł. rzecz. PAN – Instytut Ogrodnictwa – PIB, Skierniewice
Prof. dr hab. inż. Stefan STOJAŁOWSKI – Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie
Prof. dr hab. Agnieszka SZALEWSKA-PAŁASZ – Uniwersytet Gdański
Prof. dr hab. Zofia SZWEYKOWSKA-KULIŃSKA, czł. koresp. PAN – Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Poznań
Prof. dr hab. Wojciech ŚWIĘCICKI, czł. rzecz. PAN – Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań
Prof. dr hab. Marek ŚWITOŃSKI, czł. rzecz. PAN – Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
Prof. dr hab. Agnieszka WAŚKIEWICZ – Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
Prof. dr hab. Krystyna WINIARCZYK – Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Lublin
Prof. dr hab. Michał WITT, czł. koresp. PAU – Instytut Genetyki Człowieka PAN, Poznań
Prof. dr hab. Artur ZDUNEK, czł. koresp. PAN – Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego PAN, Lublin

Członkowie z Instytutu

Dr hab. Danuta BABULA-SKOWROŃSKA
Dr hab. inż. Lidia BŁASZCZYK, prof. IGR PAN
Mgr Katarzyna CZEPIEL
Dr hab. Franklin GREGORY, prof. IGR PAN
Prof. dr hab. Małgorzata JĘDRYCZKA, czł. koresp. PAN
Dr hab. Agnieszka KIEŁBOWICZ-MATUK
Dr hab. Grzegorz KOCZYK
Prof. dr hab. Arkadiusz KOSMALA
Prof. dr hab. Paweł KRAJEWSKI
Dr hab. Magdalena KROC
Dr Dariusz KRUSZKA
Dr hab. Michał KSIĄŻKIEWICZ
Prof. dr hab. Anetta KUCZYŃSKA
Prof. dr hab. Robert MALINOWSKI
Dr hab. Krzysztof MIKOŁAJCZAK
Dr hab. Piotr OGRODOWICZ
Dr hab. Izabela PAWŁOWICZ
Prof. dr hab. Tomasz PNIEWSKI
Mgr inż. Martyna PRZEWOŹNIK – przedstawiciel doktorantów
Dr Karolina SOBAŃSKA
Prof. dr hab. Łukasz STĘPIEŃ
Dr hab. Karolina SUSEK

ZAKŁADY NAUKOWE I LABORATORIA



Zakład Biologii Roślin i Nanotechnologii

Zakład Biometrii i Bioinformatyki

Zakład Biotechnologii Roślin

Zakład Fenomiki Zbóż

Zakład Fizjologii Roślin



Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin

Zakład Genomiki Roślin Strączkowych

Zakład Interakcji Roślina-Patogen

Zakład Mikrobiomiki Roślin

Zakład Nanotechnologii Roślin

Zakład Regulacji Ekspresji Genów

Zakład Struktury i Funkcji Genów



Zakład Zintegrowanej Biologii Roślin

Laboratorium Multiomiki



Zakład Biologii Roślin i Nanotechnologii

Kierownik dr hab. Franklin Gregory, prof. IGR PAN

dr Rakesh Sinha

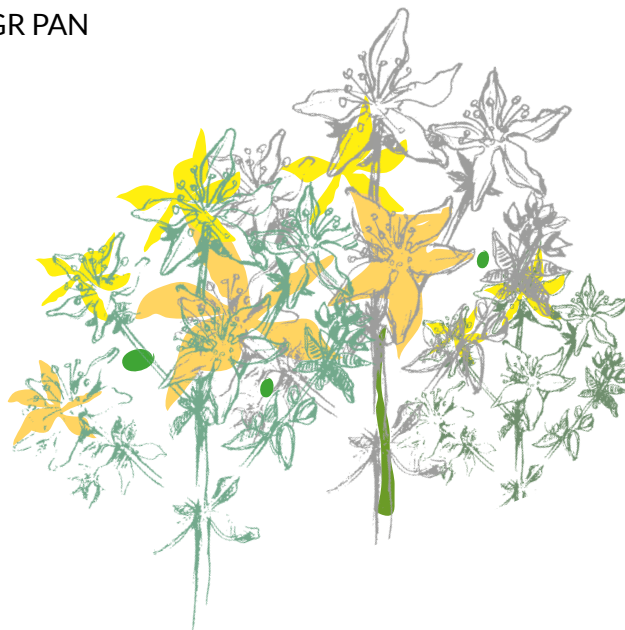
dr Selvakesavan Rajendran Kamalabai

dr Veeresh Lokesh

dr Pradeep Matam

mgr Joanna Dutkiewicz

mgr Tadeusz Mirski



Członkowie Zakładu są na zdjęciu Zakładu
Nanotechnologii Roślin na str. 32

Celem naszych badań jest poznanie wpływu nanomateriałów na rośliny, mechanizmów zielonej syntezy nanomateriałów oraz mechanizmów odporności roślin na transfer T-DNA.

W naszych badaniach wykorzystujemy gatunki *Hypericum* i inne rośliny modelowe. Wykorzystujemy 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 *A. tumefaciens*. Odkryliśmy mechanizmy syntezy nanocząstek srebra przez ekstrakt z *Hypericum perforatum* L., co otwiera możliwości kontrolowania właściwości fizykochemicznych zielonych nanocząstek. Odkryliśmy, że kwasy fenolowe i flawonoidy biorą udział w redukcji jonów Ag⁺, podczas gdy ksantony i floroglucynole działają jako środki zamykające, a naftodiantrony biorą udział w obu etapach.

Słowa kluczowe

oddziaływanie roślina-nanomateriały, zielona synteza, metabolizm wtórny, *Hypericum perforatum*

Wybrane publikacje

Bharadwaj P., Sarkar D., Bisht M., Shet M. S., Kotrappanavar N.S., **Lokesh V.**, **Franklin G.**, Brezovsky J., Mondal D. (2023). Nano-structured hydrotrope-caged cytochrome c with boosted stability in harsh environments: a molecular insight. *Green Chem.*, 25: 6666-6676. DOI: 10.1039/D3GC01704D

Martins A. R. M., Kiirika M. L., Schaffer N., Sajnog A., Coutinho A. P. J., **Franklin G.**, Mondal D. (2024) Unveiling Dissolution Kinetics of CuO Nanofertilizer Using Bio-Based Ionic Liquids Envisaging Controlled Use Efficiency for Sustainable Agriculture. *ACS Sustainable Resour. Manage.*, 1(6): 1291–1301. DOI:10.1021/acssusresmg.4c00041

Pradeep M., Saxena M., Mondal D., Franklin G. (2024) Do nanoparticles delivered to roots affect plant secondary metabolism? A comprehensive analysis in float seedling cultures of *Hypericum perforatum* L. *Chemosphere*, 365:141789. DOI: 10.1016/j.chemosphere.2024.141789

Thayallath SK., Shet SM., Bisht M., Bharadwaj P., Pereira MM., **Franklin G.**, Nataraj SK., Mondal D. (2023) Designing protein nano-construct in ionic liquid: a boost in efficacy of cytochrome C under stresses. *Chem. Commun.*, 59: 5894-5897. DOI: 10.1039/D3CC00644A

Pradeep M., Kruszka D., Kachlicki P., Mondal D., **Franklin G.** (2022) Uncovering the Phytochemical Basis and Mechanism of Plant Extract Mediated Eco-friendly Synthesis of Silver Nanoparticles Using UPLC-PDA-HRMS. *ACS Sustainable Chem. Eng.* 10: 562–571. DOI: 10.1021/acssuschemeng.1c06960

Kruszka D., **Selvakesavan R.K.,** Kachlicki P., **Franklin G.** (2022) Untargeted metabolomics analysis reveals the elicitation of important secondary metabolites upon treatment with various metal and metal oxide nanoparticles in *Hypericum perforatum* L. cell suspension cultures. *Industrial Crops and Products*. 178: 114561. DOI: 10.1016/j.indcrop.2022.114561

Pradeep M., Franklin G. (2022) Understanding the hypericin biosynthesis via reversible inhibition of dark gland development in *Hypericum perforatum* L. *Industrial Crops and Products* 182: 114876. DOI: 10.1016/j.indcrop.2022.114876

Selvakesavan R.K., Franklin G. (2021) Robust in vitro culture tools suitable for sustainable bioprospecting of the genus *Hypericum*. *Industrial Crops and Products*, 170: 113715. DOI: 10.1016/j.indcrop.2021.113715

Wybrane projekty

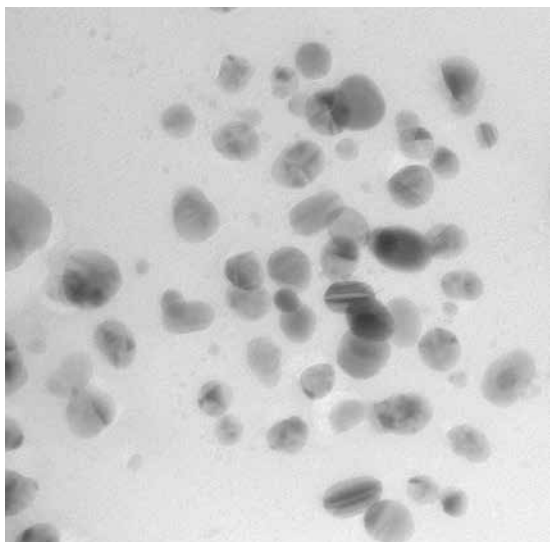
NCN Opus 23 2022/45/B/NZ9/02135, NANO-HORMESIS: Reakcja roślin dziurawca na hormetyczną dawkę nanocząstek: W jaki sposób rośliny postrzegają nanocząstki metali i dostosowują odpowiedź ilościową do ich stężenia? Kierownik Franklin Gregory, 2023-2026.

NCN OPUS 13 2017/25/B/NZ9/00720, HyperAgro: Interakcja *Hypericum*-*Agrobacterium* jako model pozwalający zrozumieć zjawisko obrony związanej z patogenezą u roślin opornych na transformację. Kierownik Franklin Gregory, 2018-2022.

NCN OPUS 12 2016/23/B/NZ9/02677, Hyperisyn: Zastosowanie innowacyjnych narzędzi badawczych do poznania sieci molekularno-genetycznych uwarunkowań szlaku biosyntezy hiperycyny. Kierownik Franklin Gregory, 2017-2022.

NCN OPUS 11 2016/21/B/ NZ9/01980, HyperNano: Badanie zmian metabolizmu wtórnego u *Hypericum perforatum* pod wpływem nanocząsteczek poprzez zastosowanie zintegrowanego podejścia i technologii „omics”. Kierownik Franklin Gregory, 2017-2021.

Horyzont 2020; Coordination and Support Action (EU H2020-ERACHairs); The Creation of the Department of Plant Nanotechnology to Maximise the Impact of the ERA Chair Culture on the IPG PAS (Acronym: NANOPLANT); 856961; 2019-2025. Koordynator projektu Franklin Gregory.



Zakład Biometrii i Bioinformatyki

Kierownik dr hab. Grzegorz Koczyk

prof. dr hab. Paweł Krajewski

dr Katarzyna Czyż

dr Dariusz Kruszka

dr inż. Monika Mokrzycka

mgr Maria Nuc (doktorantka)

mgr Michał Kawaliło (doktorant)

lic. Michał Stanoch



Od lewej: P. Krajewski,
D. Kruszka, K. Czyż,
M. Stanoch, M. Nuc,
M. Kawaliło, M. Mokrzycka,
G. Koczyk

Zespół prowadzi badania w zakresie metod modelowania i analizy danych z eksperymentów biologicznych, adnotacji filogenomicznych taksonów referencyjnych, jak i nowo sekwencjonowanych, a także narzędzi i struktur przetwarzania danych. Szczególnie interesujące są dla nas dane uzyskiwane z eksperymentów sekwencjonowania DNA i RNA lub rozdziału chromatograficznego metabolitów.

Kluczową rolę w naszych działaniach odgrywa integracja zbiorów danych odmiennego pochodzenia. Do analizy i integracji wyników eksperymentów prowadzonych w genetyce, genomice i hodowli roślin wykorzystujemy metody statystyczne, informatyczne i bioinformatyczne.

Nasze badania wykazały, że:

Zasadę „minimalnej informacji” można zastosować do standaryzacji formatowania i adnotacji danych fenotypowych roślin, w formie zaleceń Minimum Information About Plant Phenotyping Experiment (MIAPPE) (Krajewski et al., 2015; Ćwiek-Kupczyńska et al., 2016; Papoutsoglou et al., 2020; www.miappe.org)

Znacząco uszczuplona reprezentacja 13 rodzin genowych u roślin strączkowych świadczy o silnym powiązaniu strat genów zaangażowanych w rozwój włośników i reakcje obronne z rozwojem stabilnej symbiozy ryzobialnej (Czyż et al., 2022).

Ponadto:

Przegląd 157 genomów starych ewolucyjnie grzybów (Mucoromycotina) uwidoczniał nieopisaną wcześniej reprezentację zarówno syntaz terpenowych, jak i nierybosomalnych syntetaz peptydowych (NRPS) w formie kandydackich klastrów biosyntezy metabolitów (Koczyk i in. 2021).

Słowa kluczowe

liniowe modele mieszane, modelowanie danych funkcyjnych, analiza wielowymiarowa, filogenomika, bioinformatyka ewolucyjna, metabolity wtórne, integracja danych multiomicznych, analiza danych sekwencjonowania nowej generacji

Wybrane publikacje

You Y, **Koczyk G**, Nuc M, Morbitzer R, Holmes DR, von Roepenack-Lahaye E, Hou S, Giudicatti A, Gris C, Manavella PA, Noël LD, **Krajewski P**, Lahaye T (2023) The eINTACT system dissects bacterial exploitation of plant osmosignalling to enhance virulence. *Nat. Plants* 9, 128–141 DOI: 10.1038/s41477-022-01302-y

Czyż KB, Taylor CM, **Kawaliło M**, **Koczyk G** (2022) Gain or Loss? Evidence for Legume Predisposition to Symbiotic Interactions with Rhizobia via Loss of Pathogen-Resistance-Related Gene Families. *Int J Mol Sci.* 23(24):16003. DOI: 10.3390/ijms232416003

Mokrzycka M, Stojalowski S, Tyrka M, Matysik P, Żmijewska B, Marcinkowski R, Woźna-Pawlak U, Martofel R, Rokicki M, Rakoczy-Trojanowska M, **Krajewski P** (2022). Genome-Wide Association Analysis for Hybrid Breeding in Wheat. *Int. J. Mol. Sci.* 23, 15321, 10.3390/ijms232315321

Hall RD, D'Auria JC, Ferreira ACS, Gibon Y, **Kruszka D**, Mishra P, van de Zedde R (2022). High-throughput plant phenotyping: a role for metabolomics? *Trends in Plant Science* 27, 6: 549-563, 10.1016/j.tplants.2022.02.001

Koczyk G, Pawłowska J, Muszewska A (2021) Terpenoid Biosynthesis Dominates among Secondary Metabolite Clusters in Mucoromycotina Genomes. *J Fungi (Basel)* 7(4):285. DOI: 10.3390/jof7040285

Czyż KB, Książkiewicz M, **Koczyk G**, Szczepaniak A, Podkowiński J, Naganowska B (2020) A Tale of Two Families: Whole Genome and Segmental Duplications Underlie Glutamine Synthetase and Phosphoenolpyruvate Carboxylase Diversity in Narrow-Leafed Lupin (*Lupinus angustifolius* L.). *Int J Mol Sci.* 21(7):2580. DOI: 10.3390/ijms21072580

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

Wybrane projekty

NCN Opus 25 2023/49/B/NZ9/01977, RICHFUN - wzbogacanie i dekodowanie grzybowych klastrów biosyntetycznych w niskoobfitych mykobiomach związanych z roślinami. Kierownik Grzegorz Koczyk, 2024-2027.

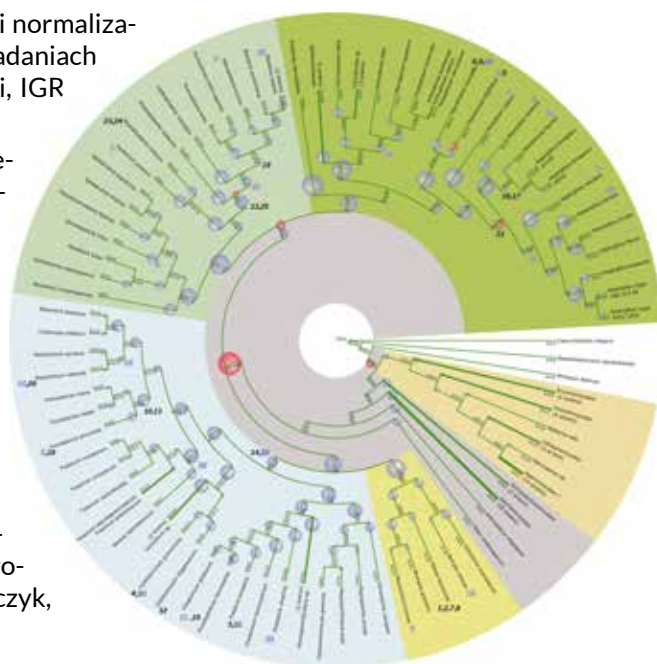
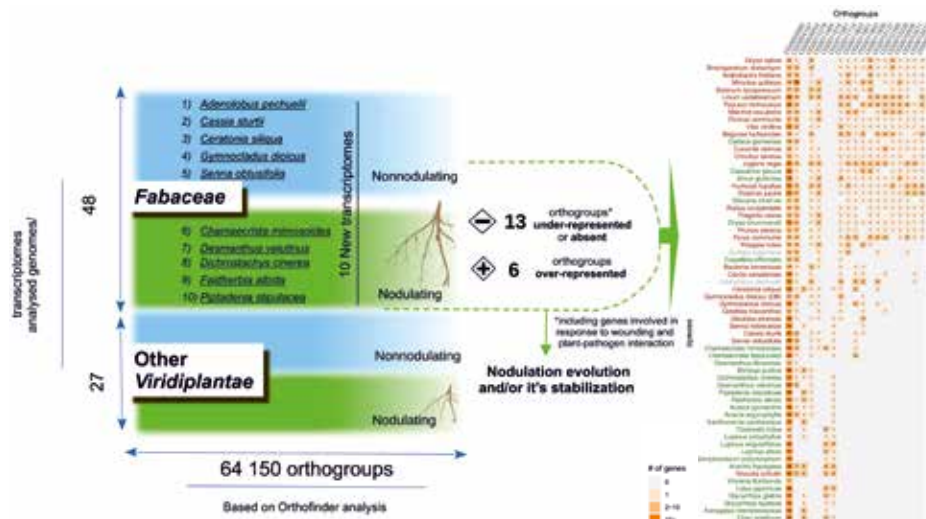
NCN Opus 22 LAP 2021/43/I/NZ9/02519, Oparta na predykcji normalizacja ze względu na heterochronię rozwojową w równoległych badaniach molekularnych i fenomicznych roślin. Liderzy: Paweł Krajewski, IGR PAN i Kerstin Neumann, IPK, 2023-2026.

NCN HARMONIA 8 2016/22/M/NZ9/00251, Regulacja ekspresji genu półkartowatości sdw1/denso u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.) i jej związek z architekturą i fizjologią roślin. Kierownik Paweł Krajewski, 2017-2022.

NCN PRELUDIUM 11 2016/21/N/ST6/02358, Semantyczne porównywanie zasobów danych ilościowych. Kierownik Hanna Ćwiek-Kupczyńska, 2017-2020.

NCN SONATA 11 2016/21/D/NZ8/01300, Dynamika zmian genomu w ewolucji i utrzymaniu zdolności symbiotycznego wiązania azotu, w świetle starych ewolucyjnych linii roślin strączkowych. Kierownik Katarzyna Czyż, 2017-2022.

NCN OPUS 11 2016/21/B/NZ9/01875, Geneza i rozpowszechnienie zdolności do biosyntezy oraz metabolizmu makrolaktonów wśród grzybów wyższych. Kierownik Grzegorz Koczyk, 2017-2022.



Zakład Biotechnologii Roślin

Kierownik prof. dr hab. Tomasz Pniewski

dr hab. Katarzyna Głowacka

dr inż. Joanna Ceraży-Waliszewska

dr Karolina Sobańska

mgr Hanna Pudelska

Katarzyna Beczek

mgr inż. Martyna Przewoźnik (doktorantka)

mgr inż. Estera Wojtkowiak (doktorantka)



Od lewej: J. Ceraży-Waliszewska, M. Przewoźnik, E. Wojtkowiak, T. Pniewski, K. Beczek, H. Pudelska, K. Sobańska, K. Głowacka

Zespół badawczy skupia się na wykorzystaniu metod biotechnologicznych oraz naturalnych cech roślin w celu osiągnięcia ważnych zastosowań praktycznych. Prace prowadzone są w dwóch kluczowych obszarach biotechnologii roślin: biopharmingu oraz zastosowania traw z rodzaju *Miscanthus* w bioenergetyce i w fitoremediacji.

W dziedzinie biopharmingu, skoncentrowaliśmy się na produkcji białek antygenowych, składanych w cząstki wirusopodobne (ang. Virus-Like Particles, VLPs) za pomocą roślinnych systemów ekspresyjnych. Wykorzystujemy te cząstki jako innowacyjne szczepionki oraz nośniki dla epitopów i nanocząstek, stosując zaawansowane techniki biotechnologiczne, takie jak rekombinacja DNA, transformacja roślin metodami *Agrobacterium tumefaciens* oraz biolistyczną, regeneracja roślin *in vitro*, ekspresja przejściowa, oczyszczanie VLPs, a także wykrywanie i oznaczanie białek metodami takimi jak ELISA i Western Blot.

Drugi główny obszar naszej działalności naukowej to badania nad trawami *Miscanthus* i ich wykorzystaniem do produkcji bioenergii i biopaliw oraz w fitoremediacji. Badamy mechanizmy biologiczne umożliwiające tym roślinom tolerowanie trudnych warunków abiotycznych, takich jak niskie temperatury i zanieczyszczenie gleby arsenem. Wykorzystujemy szeroki zakres metod biotechnologicznych i biologicznych, w tym analizy transkryptomiczne, biochemiczne i metaboliczne, a także badania aktywności enzymatycznej, fotosyntetycznej i wymiany gazowej.

Nasze najważniejsze osiągnięcia to m.in. produkcja VLP składających się z antygenów HBcAg i S-HBsAg (antygeny wirusa zapalenia wątroby typu B) oraz opracowanie skutecznych procedur przetwarzania materiału roślinnego do preparatów szczepionkowych. Opracowano efektywne metody regeneracji i transformacji biolistycznej miskanta, a także wyznaczono kluczowe mechanizmy tolerancji na chłód i arsen mające wpływ na ilość i jakość biomasy oraz produkcję bioetanolu.

Dzięki temu interdyscyplinarnemu podejściu, nasz zespół przyczynia się do rozwoju innowacyjnych narzędzi biotechnologicznych, które mają potencjał do zastosowania w medycynie, ochronie środowiska oraz produkcji energii odnawialnej z biomasy roślin energetycznych.

Słowa kluczowe

inżynieria genetyczna, hodowle tkankowe, transformacja roślin, ekspresja przejściowa, biopharming, szczepionki roślinne, cząstki wirusopodobne, miskant, bioenergetyka, biopaliwa, fitoremediacja, fitoekstrakcja, tolerancja arsenu, stres środowiskowe, fizjologia roślin, anatomia i biochemia ściany komórkowej

Wybrane publikacje

Biopharming:

Ortega-Berlanga B., Pniewski T. (2023) Plant Molecular Pharming: Opportunities, Challenges, and Future Perspectives. In: Tools & Techniques of Plant Molecular Farming. Eds: Kole C., Chaurasia A., Hefferon K., Panigrahi J. Springer Nature Singapore Pte Ltd, Singapore. pp. 35-61. eBook ISBN 978-981-99-4859-8, DOI 10.1007/978-981-99-4859-8

Pniewski T., Kęsik-Brodacka M. (2023) Biofarmaceutyki wytwarzane metodami inżynierii genetycznej. W: Genetyka Medyczna i Molekularna. praca zbiorowa pod red. prof. Jerzego Bala, wyd. 2. rozdz. 18: str. 573-621. ISBN 9788301192631, DOI 10.53271/2023.089

Ortega-Berlanga B., Pniewski T. (2022) Plant-Based Vaccines in Combat against Coronavirus Diseases. Vaccines 10: 138. DOI 10.3390/vaccines10020138

Miskant – biologiczne podstawy tolerancji stresów abiotycznych, zastosowanie w bioenergetyce i fitoremediacji:

Sobańska K., Jedryszek P., Kern C., Basińska-Barczak A., **Pniewski T.,** Long S.P. (2023) An efficient indirect plant regeneration from shoot apical meristem (SAM) derived embryogenic callus of *Miscanthus × giganteus*. Biocatalysis and Agricultural Biotechnology 47: 102576: DOI: 10.1016/j.bcab.2022.102576

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

Inne pokrewne dziedziny:

Głowacka K., Kromdijk J., Salesse-Smith C.E., Smith C., Driever S.M., Long S.P. (2023) Is chloroplast size optimal for photosynthetic efficiency? New Phytologist 239: 2197-2211. DOI 10.1111/nph.19091

Kaczmarek D.K., Pacholak A., Burlaga N., Wojcieszak M., Materna K., Kruska D., Dąbrowski P., **Sobańska K.,** Kaczorek E. (2023) Dicationic Ionic Liquids with an Indole-3-butyrate Anion – Plant Growth Stimulation and Ecotoxicological Evaluations. ACS Sustainable Chemistry Engineering 11: 13282–13297. DOI: 10.1021/acssuschemeng.3c02286

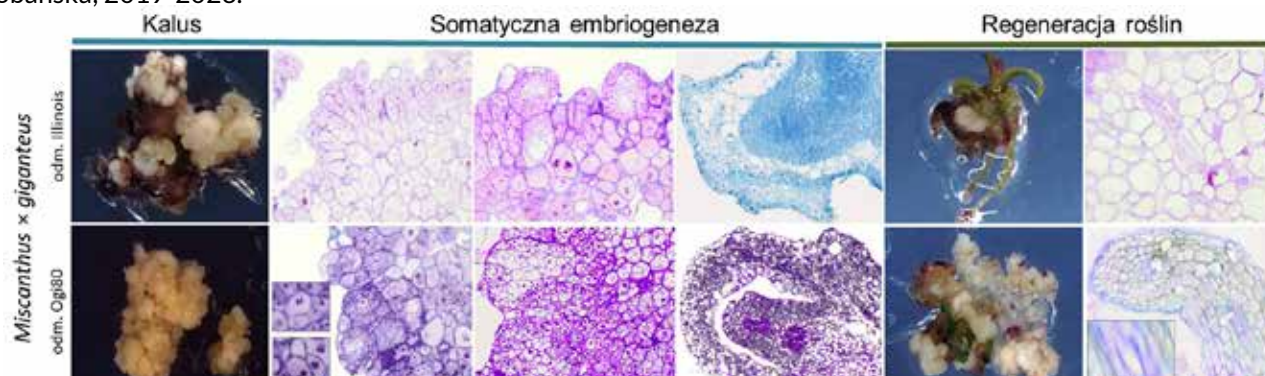
Wybrane projekty

NCN Opus 21 2021/41/B/NZ9/04123, Molekularne i fizjologiczne mechanizmy sezonowego transportu i fitoekstrakcji różnych form arsenu u traw wieloletnich na przykładzie miskanta olbrzymiego (*Miscanthus × giganteus*). Kierownik Joanna Cerazy-Waliszewska; porozumienie o współpracy: UAM, Poznań, UP, Poznań; 2022-2026.

NCN OPUS 19 2020/37/B/NZ6/02334, Odpowiedź immunologiczna po iniekcyjno-doustnej ko-immunizacji antygenami HBV pochodzenia roślinnego polaryzującymi odpowiedź w kierunku Th1 lub Th2, w kontekście potencjalnej terapii chronicznego wzwb. Kierownik Tomasz Pniewski; porozumienie o współpracy: NIL, Warszawa, MiZ PAN, Warszawa; 2021-2025.

NCN OPUS 18 2019/35/B/NZ6/04002, Wpływ płci żywiciela na odpowiedź immunologiczną i protekcję po doustnej immunizacji proteazą cysteinową *Fasciola hepatica* i zarażeniu tym pasożytem. Kierownik Małgorzata Kęsik-Brodacka, NIL, Warszawa, porozumienie o współpracy: MiZ PAN, Warszawa; IGR PAN – Tomasz Pniewski; 2020-2024.

NCN PRELUDIUM 15 2018/29/N/NZ9/00854, Wpływ zmian w profilu ekspresji genów kodujących białka Cesa, PAL i WAK podczas stresu chłodu na skład i strukturę ściany komórkowej *Miscanthus sinensis*. Kierownik Karolina Sobańska; 2019-2023.



Zakład Fenomiki Zboż

Kierownik prof. dr hab. Anetta Kuczyńska

dr hab. inż. Krzysztof Mikołajczak

dr hab. Piotr Ogrodowicz

dr Michał Kempa

mgr Martyna Michałek (doktorantka)

mgr Renata Trzeciak

Alina Anioła

Renata Holewińska



Od lewej, górny rząd: R. Trzeciak, M. Kempa, A. Anioła, P. Ogrodowicz, K. Mikołajczak; dolny rząd: R. Holewińska, M. Michałek, A. Kuczyńska

Celem badań jest poznanie zmian zachodzących w roślinach jęczmienia jarego z zastosowaniem metod z zakresu fenomiki, genomiki, transkryptomiki, proteomiki i metabolomiki, a także regulacji oddziaływania fitohormonów poprzez miRNA oraz wyjaśnienie roli struktury epidermy w aspekcie zmian fenologicznych - wszystko w odpowiedzi na różne stresy abiotyczne i biotyczne występujące pojedynczo lub jednocześnie.

Nasze główne osiągnięcia to:

1. Charakterystyka zmian fenotypowych związanych z potencjałem plonowania zachodzących w nadziemnej i podziemnej części roślin jęczmienia jarego pod wpływem stresów środowiskowych oraz poznanie genetycznych podstaw determinujących te zmiany.
2. Identyfikacja genów, białek i metabolitów zaangażowanych w procesy regulatorowe warunkujące odpowiedź na suszę w liściach oraz korzeniach jęczmienia.
3. Opisanie profili akumulacji lipidów, w tym steroli, w liściach jęczmienia w różnych warunkach stresów abiotycznych oddziałujących razem i osobno na roślinę; wykazanie, że wzmożona synteza steroli w liściach, głównie β -sitosterolu, kampesterolu i stigmasterolu, może determinować zwiększoną odporność jęczmienia na zróżnicowane warunki środowiska.
4. Określenie profili ekspresji genów, akumulacji białek i fitohormonów, tj. giberelin, brasinosteroidów oraz strigolaktonów, w węźle krzewienia u jęczmienia pod wpływem suszy; wykazanie istnienia dodatniego sprzężenia zwrotnego między procesem syntezy i percepcji giberelin, a także występowania interakcji między tymi trzema typami fitohormonów.
5. Wykazanie wpływu zaburzeń syntezy i sygnalizacji brasinosteroidów na funkcjonalność innych fitohormonów w korzeniach jęczmienia oraz wskazanie związku szlaków melatoniny i brasinosteroidów w reakcji roślin na suszę.
6. Wyjaśnienie roli wczesności w tolerancji jęczmienia na stresy środowiskowe.
7. Zidentyfikowanie miejsc w genomie jęczmienia stanowiących źródło korzystnych alleli dla formowania cech struktury plonu w warunkach porażenia zarodnikami *Fusarium*.

Słowa kluczowe

adnotacja funkcjonalna, architektura korzeni, brasinosteroidy, całogenomowe badania asocjacyjne, ekspresja genów, fenotypowanie, fitohormony, fuzarioza kłosów, gibereliny, *Hordeum vulgare*, jęczmień, liść flagowy, lipidomika, metabolomika, proteomika, rozwój pyłku, sekwencjonowanie mRNA, stres abiotyczny, stres biotyczny, strigolaktyny, susza, węzeł krzewienia

Wybrane publikacje

Kempa M., Mikołajczak M., Ogrodowicz P., Pniewski T., Krajewski P., Kuczyńska A. (2024) The impact of multiple abiotic stresses on *ns-LTP2.8* gene transcript and *ns-LTP2.8* protein accumulation in germinating barley (*Hordeum vulgare* L.) embryos. PLoS ONE 19(3): e0299400. DOI: 10.1371/journal.pone.0299400

Mikołajczak K., Kuczyńska A., Krajewski P., Kempa M., Witaszak N. (2023) Global proteome profiling revealed the adaptive reprogramming of barley flag leaf to drought and elevated temperature. Cells 12(13): 1685. DOI: 10.3390/cells12131685

Ogrodowicz P., Wojciechowicz M.K., Kuczyńska A., Krajewski P., Kempa M. (2023) The effects of growth modification on pollen development in spring barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes with contrasting drought tolerance. Cells 12(12): 1656. DOI: 10.3390/cells12121656

Ogrodowicz P., Kuczyńska A., Krajewski P., Kempa M. (2023) The effects of heading time on yield performance and HvGAMYB expression in spring barley subjected to drought. Journal of Applied Genetics 64(2): 289-302. DOI: 10.1007/s13353-023-00755-x

Mikołajczak K., Kuczyńska A., Krajewski P., Kempa M., Nuc M. (2023) Transcriptome profiling disclosed the effect of single and combined drought and heat stress on reprogramming of genes expression in barley flag leaf. Frontiers in Plant Science 13:1096685. DOI: 10.3389/fpls.2022.1096685

Ogrodowicz P., Mikołajczak K., Kempa M., Mokrzycka M., Krajewski P., Kuczyńska A. (2023) Genome-wide association study of agronomical and root-related traits in spring barley collection grown under field conditions. Frontiers in Plant Science 14:1077631. DOI: 10.3389/fpls.2023.1077631

Kuczyńska A., Cardenia V., Ogrodowicz P., Kempa M., Rodriguez-Estrada M.T., Mikołajczak K. (2019) Effects of multiple abiotic stresses on lipids and sterols profile in barley leaves (*Hordeum vulgare* L.). Plant Physiology and Biochemistry 141: 215-224. DOI: doi.org/10.1016/j.plaphy.2019.05.033

Wybrane projekty

NCN Opus 21 2021/41/B/NZ9/02576, MikroRNA – ważne czynniki koordynujące reakcję na suszę w liściu jęczmienia poprzez regulację współdziałania fitohormonów. Kierownik Krzysztof Mikołajczak, 01-03-2022 - 28-02-2026.

NCN Opus 21 2021/41/B/NZ9/02373, Dynamiczne zmiany fenologiczne w strukturach epidermy jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.) w odpowiedzi na kombinację stresów biotycznego i abiotycznego. Kierownik Piotr Ogrodowicz, 21-01-2022 - 20-01-2026.

NCN OPUS 18 2019/35/B/NZ9/00208, Melatonina jako nadrzędny czynnik w kształtowaniu architektury korzenia i adaptacji do suszy przez regulację współdziałania fitohormonów u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.). Kierownik Anetta Kuczyńska, 27-07-2020 - 26-07-2024.

NCN OPUS 12 2016/23/B/NZ9/03548, Wyjaśnianie współdziałania hormonów i jego roli w kształtowaniu architektury roślin jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.). Kierownik Anetta Kuczyńska, 06-09-2017 - 05-09-2022.

NCN SONATA 12 2016/23/D/NZ9/00043, Zmiany ekspresji genów na poziomie całego genomu liścia flagowego jęczmienia pod wpływem stresów abiotycznych działających symultanicznie. Kierownik Krzysztof Mikołajczak, 10-08-2017 - 09-02-2022.

NCN SONATA 12 2016/23/D/NZ9/00042, Czynnik transkrypcyjny HvGAMYB w regulacji kwitnienia i jego związek z odpowiedzią fotoperiodyczną w warunkach stresu suszy u jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.). Kierownik Piotr Ogrodowicz, 10-08-2017 - 09-02-2022.



Zakład Fizjologii Roślin

Kierownik prof. dr hab. Arkadiusz Kosmala
dr hab. Danuta Babula-Skowrońska
dr hab. Izabela Pawłowicz
dr Joanna Majka
dr Dawid Perlikowski
mgr Włodzimierz Zwierzykowski
mgr Magdalena Taciak
mgr Natalia Żyła (doktorantka)
mgr inż. Adrianna Czapiewska (doktorantka)
mgr Julia Górna (doktorantka)



Od lewej: A. Kosmala,
J. Górna, A. Czapiewska,
I. Pawłowicz,
W. Zwierzykowski,
D. Babula-Skowrońska,
N. Żyła, D. Perlikowski

Prace Zakładu dotyczą zrozumienia mechanizmów tolerancji stresów abiotycznych (niska temperatura, susza i zasolenie gleby) u traw kompleksu *Lolium-Festuca* oraz mechanizmów biorących udział w regulacji aktywności zduplikowanych genów w różnych procesach biologicznych u *Brassica napus*.

Badania koncentrują się na: (i) aktywności aparatu fotosyntetycznego i systemu antyoksydacyjnego, (ii) zmianach zachodzących w transkrypcie, proteomie, metabolomie pierwotnym i lipidomie różnych organów roślinnych oraz (iii) funkcji wybranych genów w odpowiedzi roślin na abiotyczne czynniki stresowe. Ponadto, badania obejmują analizę struktury i ewolucji genomów mieszańców *Lolium-Festuca* i gatunków z rodzaju *Brassica*.

Najważniejsze osiągnięcia w latach 2019-2024:

Wykazano, że potencjał tolerancji suszy mieszańców *L. multiflorum*/*F. arundinacea* jest zależny przede wszystkim od zdolności penetracji podłoża przez ich system korzeniowy. Z kolei potencjał tolerancji suszy *F. arundinacea* jest bardziej zależny od samego metabolizmu systemu korzeniowego (Perlikowski i in., 2019, 2020).

Wykazano, że utrzymanie większej liczby kopii genu *BnaABI1* w genomie *Brassica napus* miało wpływ zarówno na ich funkcje, jak i na pozycję sąsiadujących genów w odpowiednich regionach chromosomalnych (Babula-Skowrońska 2021).

Wykazano, że w warunkach deficytu wodnego u *F. glaucescens* i *F. arundinacea* następuje wzrost zawartości tlenku azotu (NO) w liściach, a zawartość ta jest wyższa u roślin o niższym poziomie tolerancji suszy. Ponadto, po zastosowaniu zmiatacza NO (PTIO) i obniżeniu zawartości NO w liściach, u obu gatunków następuje opóźnienie w zamykaniu aparatów szparkowych i wzrost poziomu asymilacji CO₂ w warunkach deficytu wodnego (Perlikowski i in., 2022a).

Wykazano, że triacyloglicerole (TAG) w warunkach deficytu wodnego mogą chronić komórki traw kompleksu *Lolium/Festuca* przed wyższą akumulacją toksycznych, wielonienasyconych wolnych kwasów tłuszczowych, powstających w wyniku uszkodzenia błon biologicznych (Perlikowski i in., 2022b).

Wykazano, że profile akumulacji wybranych metabolitów pierwotnych i lipidów w węzłach krzewienia mogą być wskaźnikiem poziomu tolerancji suszy i potencjału regeneracyjnego po ustąpieniu tego stresu u *F. arundinacea* i mieszańców *L. multiflorum*/*F. arundinacea* (Perlikowski i in., 2023).

Dokonano nowego wglądu w różnorodność funkcjonalną czterech homologów genu *BnaHB6* w odniesieniu do regulacji reakcji rzepaku na stres. Określono: (i) mechanizm kontrolujący różnice w poziomach transkryptu homologów genu *BnaHB6* w warunkach odwodnienia i stresu solnego, a także w różnych warunkach świetlnych oraz (ii) specyficzność funkcjonalną dwóch homologów genu *BnaHB6* w regulacji funkcji wybranych genów *BnaABF2* i *BnaDREB2A* w odpowiedzi roślin na odwodnienie i stres solny (Żyła i in., 2024).

Słowa kluczowe

tolerancja suszy, tolerancja zasolenia, tolerancja mrozu, zimotrwałość, hartowanie na mróz i rozhartowanie, pierwotny metabolizm, ekspresja genów, analiza funkcjonalna, *Lolium-Festuca*, *Brassica*, biologia ewolucyjna, różnorodność regulacyjna

Wybrane publikacje

Żyła N., Cieśla A., Szała L. **Babula-Skowrońska D.** (2024). Functional and regulatory diversity of homeobox-leucine zipper transcription factors *BnaHB6* under dehydration and salt stress in *Brassica napus* L. *Plant Molecular Biology* 114: 59 DOI: 0.1007/s11103-024-01465-6

Perlikowski D., Skirycz A., Marczak Ł., **Lechowicz K.**, **Augustyniak A.**, Michäelis A., **Kosmala A.** (2023). Metabolism of crown tissue is crucial for drought tolerance and recovery after stress cessation in *Lolium/Festuca* forage grasses. *Journal of Experimental Botany* 74: 396-414 DOI: 10.1093/jxb/erac398

Żyła N., **Babula-Skowrońska D.** (2023). Evolutionary consequences of functional and regulatory divergence of HD-Zip I transcription factors as a source of diversity in protein interaction networks in plants. *Journal of Molecular Evolution* DOI: 10.1007/s00239-023-10121-4

Perlikowski D., **Lechowicz K.**, **Pawłowicz I.**, Arasimowicz-Jelonek M., **Kosmala A.** (2022a). Scavenging of nitric oxide up-regulates photosynthesis under drought in *Festuca arundinacea* and *F. glaucescens* but reduces their drought tolerance. *Scientific Reports* 12: 6500 DOI: 10.1038/s41598-022-10299-5

Perlikowski D., **Lechowicz K.**, Skirycz A., Michaelis A., **Pawłowicz I.**, **Kosmala A.** (2022b). The role of triacylglycerol in the protection of cells against lipotoxicity under drought in *Lolium multiflorum/Festuca arundinacea* introgression forms. *Plant and Cell Physiology* 63: 353-368 DOI: 10.1093/pcp/pcac003

Babula-Skowrońska D. (2021). Functional divergence of *Brassica napus* BnaABI1 paralogs in the structurally conserved PP2CA gene subfamily of Brassicaceae. *Genomics* 113: 3185-3197 DOI: 10.1016/j.ygeno.2021.06.031

Perlikowski D., **Augustyniak A.**, Skirycz A., **Pawłowicz I.**, **Masajada K.**, Michaelis A., **Kosmala A.** (2020). Efficient root metabolism improves drought resistance of *Festuca arundinacea*. *Plant and Cell Physiology* 61: 492-504 DOI:10.1093/pcp/pcz215

Perlikowski D., **Augustyniak A.**, **Masajada K.**, Skirycz A., Soja A. M., Michaelis A., Wolter G., **Kosmala A.** (2019). Structural and metabolic alterations in root systems under limited water conditions in forage grasses of *Lolium-Festuca* complex. *Plant Science* 283: 211-223 DOI: 10.1016/j.plantsci.2019.02.001

Wybrane projekty

NCN Opus 26 2023/51/B/NZ9/01614, Określenie dynamiki zmian w sieciach białek oddziałujących z wybranymi izoformami fosfatazy białkowej BnaABI1 w warunkach stresu suszy i zasolenia u rzepaku (*Brassica napus* L.). Kierownik Danuta Babula-Skowrońska, 2024-2028.

NCN Opus 21 2021/41/B/NZ9/00782, Kompleksowa analiza mechanizmów mrozoodporności w sekwencji procesów hartowania w chłodzie, rozhartowywania i ponownego hartowania, u traw pastewnych. Kierownik Dawid Perlikowski, 2022-2026.

NCN OPUS 20 2020/39/B/NZ9/02488, Charakterystyka rodziny lipokalin oraz ich funkcja w stabilizowaniu aparatu fotosyntetycznego podczas stresu oksydacyjnego u *Festuca glaucescens*. Kierownik Izabela Pawłowicz, 2021-2025.

NCN OPUS 12 2016/23/B/NZ9/02175, Plastyczność odpowiedzi poliploidów na stresy środowiskowe: zbadanie regulonu ABI1/HB6 w warunkach stresów solnego i suszy u rzepaku (*Brassica napus* L.). Kierownik Danuta Babula-Skowrońska, 2017-2021.

NCN OPUS 12 2016/23/B/NZ9/00820, Wgląd w molekularne mechanizmy tolerancji deficytu wody i regeneracji po jego ustąpieniu u wybranych gatunków i mieszańców traw pastewnych kompleksu *Lolium-Festuca*. Kierownik Arkadiusz Kosmala, 2017-2021.

MRIRW, Badania podstawowe na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej w latach 2021–2026, zadanie 17, Mechanizmy odporności na abiotyczne i biotyczne stresy środowiskowe u form introgresywnych życicy wielokwiatowej i życicy trwałej z genami kostrzewy łąkowej lub kostrzewy trzcinowej. Kierownik Arkadiusz Kosmala.

Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin

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

dr Joanna Kaczmarek

mgr inż. Witold Irzykowski

Magdalena Wlaszczyk



Od lewej: W. Irzykowski,
J. Kaczmarek, M. Wlaszczyk,
M. Jędrzycka

Celem badań jest opracowanie metod wczesnego wykrywania i identyfikacji grzybów chorobotwórczych w roślinach, glebie i powietrzu. Analizy obejmują klasyczną i molekularną charakterystykę patogenów roślin uprawnych (groch, łubin, rzepak, rzodkiew, pszenica) oraz zmierzają do ustalenia składu i struktury ich populacji. Badania etiologiczne i epidemiologiczne skupiają się głównie na królestwie grzybów, w tym na rodzajach: *Alternaria*, *Cercospora*, *Didymella*, *Fusarium*, *Plenodomus*, *Ramularia* i *Sclerotinia*. Kolejnym celem badań jest poszukiwanie źródeł odporności genetycznej roślin na patogeny. Obecnie prace dotyczą odporności różnych gatunków i form *Brassica* i *Raphanus* na kiłę kapusty oraz identyfikacji patotypów *Plasmodiophora brassicae* – mikroorganizmu wywołującego tę chorobę rzepaku.

Unikalną specjalnością Zakładu są badania stężenia zarodników grzybów chorobotwórczych względem roślin uprawnych w powietrzu prowadzone z zastosowaniem metod aerobiologii klasycznej i molekularnej, w szczególności do detekcji (i) *Plenodomus maculans* (sucha zgnilizna kapustnych; (ii) patogenów roślin i saprotrofów z rodzaju *Alternaria*; (iii) wybranych gatunków *Fusarium*, sprawców fuzariozy kłosów; (iv) *Cercospora beticola* (chwościk buraka).

Metody stosowane w Zakładzie 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.

Gromadzona wiedza jest niezbędna do opracowania właściwych strategii ochrony roślin oraz hodowli odpornościowej. Naszym głównym osiągnięciem jest opracowanie podstaw naukowych i wdrożenie systemu wspomagania decyzji SPEC (System Prognozowania Epidemii Chorób, www.spec.edu.pl). Jest to trzeci co do wielkości na świecie system oparty na aerobiologicznym monitoringu patogenów roślin uprawnych, w tym głównie grzybów *P. maculans* i *P. biglobosus*, sprawców suchej zgnilizny kapustnych na rzepaku. System działa nieprzerwanie od 2004 roku do chwili obecnej, jest bezpłatny i dostępny dla wszystkich odbiorców (rolnicy, doradcy rolni, służby ochrony roślin, hodowcy).

Słowa kluczowe

rzepak, groch, grzyby fitopatogeniczne, askochytoza, kiła kapusty, sucha zgnilizna kapustnych

Wybrane publikacje

Kaczmarek J., West J., King K. M., Gail G M Canning, Akinwunmi O Latunde-Dada, Huang Y., Fitt B.D.L., **Jędrzycka M.** (2023). Efficient qPCR estimation and discrimination of airborne inoculum of *Leptosphaeria maculans* and *L. biglobosa*, the causal organisms of phoma leaf spotting and stem canker of oilseed rape. *Pest Management Science* 80(5):2433-2460, DOI: 10.1002/ps.7800.

Jędrzycka M., Żuraw B., Zagórski P., Rodzik J., Mędrak K., Pidek I.A., Haratym W., **Kaczmarek J.**, Sadyś M. (2023). The origin of pine pollen grains captured from air at Calypsobyen, Svalbard. *Polish Polar Research* 44: 313-338, DOI 10.24425/ppr.2022.143312

Mleczek M., Siwulski M., Budka A., Niedzielski P., Mleczek P., Kuczyńska-Kippen N., Budzyńska S., Karolewski Z., Kalač P., **Jędrzycka M.** (2024). Can the concentration of elements in wild-growing mushrooms be deduced from the taxonomic rank? *Environmental Research*. 252 (4): 119079, DOI: 10.1016/j.envres.2024.119079.

Spasibionek S., Mikołajczyk K., Matuszczak M., **Kaczmarek J.**, **Ramzi N.**, **Jędrzycka M.** (2024). HO-CR and HOLL-CR: new forms of winter oilseed rape (*Brassica napus* L.) with altered fatty acid composition and resistance to selected pathotypes of *Plasmodiophora brassicae* (clubroot). *Journal of Applied Genetics*. 65(3): 439-452. DOI: 0.1007/s13353-024-00867-y.

Zamani-Noor N., **Jędrzycka M.** (2024). Pathotyping systems and pathotypes of *Plasmodiophora brassicae* – Navigating toward the optimal classification. *Pathogens*. 13(4): 314. DOI: 10.3390/pathogens13040313.

Wybrane projekty

EU Horizon Europe, AgroServ-24-C1-Agro-TNA-018, Common lotus – sustainable crop and valuable forage for cows on agroecological farms, GA No. 101058020. Kierownik Małgorzata Jędrzycka, 2024-2026.

Projekt ARiMR, PROW „Współpraca” nr: 00044.DDD.650900.114.2019.02, Innowacyjne zastosowanie fitosanitarne i nawozowe nowej generacji odmian rzodkwi oleistej w integrowanej uprawie roślin; innowacyjne działania marketingowe. Lider projektu: Leszek Chmielnicki, ROLNAS Sp. z o.o., Koordynator projektu w IGR PAN: Małgorzata Jędrzycka, 2021-2024.

MRiRW, Badania podstawowe na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej w latach 2021-2027, zadanie 25. Odporność roślin rzepaku na choroby wywołane przez grzyby i pierwotniaki. Koordynator projektu: Małgorzata Jędrzycka, 2021-2026.

MRiRW, Badania podstawowe na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej w latach 2021-2027, zadanie 21, Identyfikacja genów związanych z odpornością grochu na askochytozę i jej wpływ na efektywność fotosyntetyczną roślin. Koordynator projektu: Małgorzata Jędrzycka, 2021-2025.

Projekt ARiMR, PROW „Współpraca” nr: 00006.DDD.6509.00321.2022.14, Łazdoje Zero Tillage. Lider projektu: Agnieszka Baudet, Gospodarstwo Rolne Łazdoje, Koordynator projektu w IGR PAN: Małgorzata Jędrzycka, 2023-2024.



Zakład Genomiki Roślin Strączkowych

Kierownik dr hab. Magdalena Kroc

prof. dr hab. Wojciech Święcicki, czł. rzecz. PAN

dr hab. Karolina Susek

dr Magdalena Gawłowska

dr Umesh Tanwar

mgr Katarzyna Czepiel (doktorantka)

mgr Pankaj Kumar (doktorant)

mgr Humaira Jamil (doktorantka)

mgr inż. Magdalena Tomaszewska



Od lewej: U. Tawar, P. Kumar, W. Święcicki, K. Czepiel, H. Jamil, M. Tomaszewska, M. Gawłowska, M. Kroc

Obszar naszych zainteresowań badawczych obejmuje:

Charakterystykę i zarządzanie zasobami genetycznymi łubinów (*Lupinus* L.). W ramach tej działalności opracowujemy Inteligentne Kolekcje *L. albus* i *L. mutabilis*, tj. kolekcje linii czystych (ang. Single Seed Descent, SSD), wyprodukowanych dla ponad 3000 obiektów uzyskanych ze światowych banków genów. Kompleksowa charakterystyka opracowanych kolekcji istotnie wzmocni efektywność ochrony zasobów genetycznych badanych gatunków.

Poznanie molekularnego podłoża biosyntezy i akumulacji alkaloidów u łubinów.

Identyfikację sieci regulacyjnych genów warunkujących wielkość nasion roślin strączkowych – łubinu i fasoli zwyczajnej.

Prześledzenie ewolucji łubinów, w oparciu o sekwencjonowanie całych genomów.

Walidację udziału genów kandydackich w szlaku syntezy oligosacharydów u grochu (*Pisum sativum* L.).

Badanie profili ekspresji genów aktywowanych podczas odpowiedzi roślin na porażenie askochytozą u grochu.

Stosowane przez nas metody badawcze to m.in: analiza ekspresji genów (qPCR), metody fenotypowania molekularnego (transkryptomika i metabolomika), identyfikacja miejsc wiązania czynników transkrypcyjnych DAP-seq, mapowanie genetyczne i opracowanie markerów molekularnych, mapowanie cech ilościowych, sekwencjonowanie genomów, edycja genomu metodą CRISPR/Cas9, transformacja grochu z zastosowaniem *Agrobacterium* i regeneracja transformantów, fenotypowanie cech morfologicznych, metody statystyczne.

Nasze główne osiągnięcia to:

Charakterystyka zasobów genetycznych *L. albus* i *L. mutabilis* i zsekwencjonowanie genomów dwóch gatunków łubinów: *L. cosentinii* i *L. digitatus*.

Wyprowadzanie linii SSD *L. albus* i *L. mutabilis* w ramach opracowania Inteligentnych Kolekcji tych gatunków.

Identyfikacja czynnika transkrypcyjnego RAP2-7, należącego do rodziny AP2/ERF, jako kandydata pełniącego kluczową rolę w regulacji biosyntezy alkaloidów chinolizydynowych u łubinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.).

Słowa kluczowe

rośliny strączkowe, łubin, groch, genomika, profile ekspresji, ewolucja genomu, wielkość nasion, zasoby genetyczne, alkaloidy

Wybrane publikacje

Czepiel K., Kroc M., Burdzińska A., Krajewski P., Barzyk P., **Święcicki W.** (2023) Evaluation of alkaloids in yellow lupin (*Lupinus luteus* L.): New insight to genetic resources diversity and future breeding perspectives. *Scientia Horticulturae* 321, 112279. DOI: 10.1016/j.scienta.2023.112279.

Mancinotti D., **Czepiel K.**, Taylor J.L., Golshadi Galehshahi H., Møller LA, Jensen M.K., Motawia M.S., Hufnagel B., Soriano A., Yeheyis L., Kjaerulff L., Péret B., Staerk D., Wendt T., Nelson M.N., **Kroc M.**, Geu-Flores F. (2023) The causal mutation leading to sweetness in modern white lupin cultivars. *Science Advances* 9(31), eadg8866. DOI: 10.1126/sciadv.adg8866.

Bulut M., Wendenburg R., Bitocchi E., Bellucci E., **Kroc M.**, Gioia T., **Susek K.**, Papa R., Fernie A.R. and Alseekh S. (2023) A comprehensive metabolomics and lipidomics atlas for the legumes common bean, chickpea, lentil and lupin. *Plant Journal* 2023. DOI: 10.1111/tpj.16329.

Gawłowska, M., Lahuta, L., Boros, L., Sawikowska, A., Kumar, P., Knopkiewicz, M., Kaczmarek, Z., **Święcicki, W.** (2022) Validation of Molecular Markers Significant for Flowering Time, Plant Lodging, Stem Geometry Properties, and Raffinose Family Oligosaccharides in Pea (*Pisum sativum* L.). *Agriculture* 12, 1125. DOI: 10.3390/agriculture12081125.

Kroc M., Tomaszewska M., Czepiel K., Bitocchi E., Oppermann M., Neumann K., Guasch L., Bellucci E., Alseekh S., Graner A., Fernie A.R., Papa R., **Susek K.** (2021) Towards development, maintenance, and standardized phenotypic characterization of single-seed-descent genetic resources for lupins. *Current Protocols* 1(7), e191. DOI: 10.1002/cpz1.191.

Hufnagel B., Soriano A., Taylor J., Divol F., **Kroc M.**, Sanders H., Yeheyis L., Nelson M., Péret B. (2021) Pangenome of white lupin provides insights into the diversity of the species. *Plant Biotechnology Journal* 19(12):2532-2543. DOI: 10.1111/pbi.13678.

Bellucci E., Aguilar O.M., Alseekh S., Bett K., Brezeanu C., Cook D., de la Rosa L., Delledonne M., Dostatny D.F., Ferreira J.J., Geffroy V., Ghitarrini S., **Kroc M.**, Agrawal S.K., Logozzo G., Marino M., Mary-Huard T., McClean P., Meglic V., Messer T., Muel F., Nanni L., Neumann K., Servalli F., Strajeru S., Varshney R.K., Vasconcelos M.W., Zaccardelli M., Zavarzin A., Bitocchi E., Frontoni E., Fernie A.R., Gioia T., Graner A., Guasch L., Prochnow L., Oppermann M., **Susek K.**, Tenaillon M., Papa R. (2021) The INCREASE project: Intelligent Collections of food-legume genetic resources for European agrofood systems. *The Plant Journal* 108(3): 646-660. DOI: 10.1111/tpj.15472.

Wybrane projekty

NCN OPUS 18 2019/35/B/NZ8/04283, Architektura genetyczna nasion: ewolucyjne podejście do identyfikacji molekularnych podstaw zmienności fenotypowej u roślin strączkowych (łubinu białego i fasoli zwyczajnej). Kierownik Karolina Susek, 2020-2025.

NCN HARMONIA 7 2015/18/M/NZ2/00422, Mechanizmy leżące u podstaw ewolucji genomów roślinnych, dywersyfikacji i specjacji, Kierownik Karolina Susek, 2016-2022.

EU Horizon 2020, INCREASE, Intelligent Collections of Food Legumes Genetic Resources for European Agrofood Systems. Liderki pakietu łubinowego: Karolina Susek, Magdalena Kroc, koordynator projektu: Roberto Papa (UNVPM, Włochy), 2020-2026.

EU Horizon Europe, LEGUME GENERATION, Boosting innovation in breeding for the next generation of legume crops for Europe, Liderka w IGR PAN: Karolina Susek, koordynator projektu: Lars-Gernot Otto (IPK, Germany), 2023-2028.

MRiRW, Badania podstawowe na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej w latach 2021-2027, zadanie 19, Alkaloidy u łubinu wąskolistnego: zrozumienie molekularnych podstaw procesu biosyntezy i akumulacji w nasionach oraz poszukiwanie form o wysokiej zawartości alkaloidów w zielonych częściach rośliny, przy zachowaniu ich niskiej zawartości w nasionach. Kierownik Magdalena Kroc, 2021-2026.

Cost Action EPI-CATCH CA19125, Epigenetic Mechanisms of Crop Adaptation To Climate Change. Koordynator: F. Martinelli (University of Florence, Włochy), Członkini Komitetu Zarządzającego: Karolina Susek, 2020-2024.

NAWA, India-Poland Inter-Governmental Science & Technology Cooperation Programme For Joint Research Project, Development of CRISPR/Cas9 mediated genome editing in pea (*Pisum sativum* L.) for characterization of oligosaccharide pathway genes. Koordynatorka w IGR PAN: Magdalena Gawłowska, 2021-2024.



Zakład Interakcji Roślina-Patogen

Kierownik prof. dr hab. Łukasz Stępień

dr inż. Monika Urbaniak

mgr Maria Kwiatkowska

mgr Elsie Ayamoh Enow (doktorantka)



Od lewej: E. Ayamoh Enow, M. Urbaniak, M. Kwiatkowska, Ł. Stępień

Tematyka badawcza Zakładu koncentruje się na charakterystyce biochemicznej i molekularnej saprobiotycznych i patogennych dla roślin grzybów wytwarzających mykotoksyny (głównie z rodzaju *Fusarium*), izolowanych z upraw ważnych rolniczo (takich jak pszenica, kukurydza, szparag, czosnek itp.). Badania mają na celu poznanie genetycznych podstaw biosyntezy mykotoksyn przez szczepy różnych gatunków grzybów oraz czynników molekularnych wpływających na aktywność szlaków metabolicznych. Podstawowym obszarem zainteresowań jest molekularna identyfikacja i charakterystyka grzybów fito- i entomopatogennych, na podstawie analizy sekwencji DNA, wykorzystując także geny biorące udział w metabolizmie wtórnym. Prowadzona jest również analiza zdolności toksynotwórczych *Fusarium*, ilościowe oznaczanie mykotoksyn wytwarzanych *in vitro* i wykrywanie genów biosyntezy z odpowiednich szlaków metabolicznych, ocena aktywności enzymów degradujących ścianę komórkową oraz analiza ekspresji poszczególnych genów odpowiedzialnych za ich syntezę, co pozwala często wyjaśnić różnice w patogeniczności poszczególnych genotypów.

Ponadto badane są mechanizmy biotransformacji związków bioaktywnych przez grzyby entomopatogenne, w celu oceny ich dostępności do zastosowań biotechnologicznych.

Stosowane metody obejmują izolację i oczyszczanie szczepów grzybów z próbek środowiskowych, analizę mikroskopową i charakterystykę taksonomiczną, ekstrakcję genomowego DNA i całkowitego RNA, PCR i RT-qPCR, analizę molekularną RAPD, SCAR, AFLP, SSR i filogenetyczną, klonowanie i sekwencjonowanie fragmentów DNA, analizy biochemiczne aktywności enzymów, ilościowe oznaczanie mykotoksyn wytwarzanych *in vitro* i *in planta* za pomocą UPLC i HPLC-MS.

Do naszych głównych osiągnięć należy wgląd w międzygatunkową i wewnątrzgatunkową różnorodność grzybów *Fusarium* wytwarzających mykotoksyny, w oparciu o analizę klastrów genów metabolicznych, identyfikacja grzybów *Trichoderma* zdolnych do biotransformacji mykotoksyn, zaproponowanie modelu ewolucji klastra genów biosyntezy bowerycyny i eniatyn u grzybów *Fusarium*, *Trichoderma* i *Beauveria*. Zidentyfikowaliśmy także szereg bioaktywnych metabolitów roślinnych odpowiedzialnych za wywołanie reakcji stresowej u *Fusarium* na czynniki abiotyczne i biotyczne. Obecnie koncentrujemy się na kompleksowym badaniu interakcji *Fusarium*-szparag z wykorzystaniem podejścia metabolomicznego i molekularnego.

Słowa kluczowe

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

Wybrane publikacje

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

Stępień Ł., Lalak-Kańczugowska J. (2021). Signaling pathways involved in virulence and stress response of plant pathogenic *Fusarium* species. *Fungal Biology Reviews*, 35, 27-39.

Manawasinghe I.S., Phillips A.J.L., Xu J., Balasuriya A., Hyde K.D., **Stępień Ł.**, Harishchandra D.L., Karunarathna A., Yan J., Weerasinghe J., Mei L., Dong Z., Cheewangkoon R. (2021). Defining a species in plant pathology: beyond the species level. *Fungal Diversity*, DOI: 10.1007/s13225-021-00481-x.

Perincherry L., Witaszak N., Urbaniak M., Waśkiewicz A., Stępień Ł. (2021). Effects of secondary metabolites from pea on *Fusarium* growth and mycotoxin biosynthesis. *Journal of Fungi*, 7, 1004.

Brizuela A.M., **Lalak-Kańczugowska J.**, Koczyk G., **Stępień Ł.**, Kawałito M., Palmero D. (2021). Geographical Origin Does Not Modulate Pathogenicity or Response to Climatic Variables of *Fusarium oxysporum* Associated with Vascular Wilt on Asparagus. *Journal of Fungi*, 7, 1056.

Uwineza P.A., **Urbaniak M.**, Bryła M., **Stępień Ł.**, Modrzewska M., Waśkiewicz A. (2022). *In vitro* Effects of Lemon Balm Extracts in Reducing the Growth and Mycotoxins Biosynthesis of *Fusarium culmorum* and *F. proliferatum*. *Toxins* 14(5): 355, doi.org/10.3390/toxins14050355.

Modrzewska M., Błaszczuk L., **Stępień Ł.**, **Urbaniak M.**, Waśkiewicz A., Yoshinari T., Bryła M. (2022). *Trichoderma* versus *Fusarium* – inhibition of pathogen growth and mycotoxins synthesis. *Molecules*. 27(23): 8146. DOI: 10.3390/molecules27238146.

Lalak-Kańczugowska J., Witaszak N., Waśkiewicz A., Bocianowski J., **Stępień Ł.** (2023). Plant metabolites affect *Fusarium proliferatum* growth and *in vitro* fumonisin biosynthesis. *International Journal of Molecular Sciences*, 24(3): 3002. DOI: 10.3390/ijms24033002.

Uwineza P.A., **Urbaniak M., Stępień Ł.**, Gramza-Michałowska A., Waśkiewicz A. (2023). *Lamium album* flower extracts: a novel approach for controlling *Fusarium* growth and mycotoxin biosynthesis. *Toxins* 15(11): 651.

Uwineza P.A., Waśkiewicz A., **Urbaniak M., Stępień Ł.**, Gramza-Michałowska A. (2024). Efficacy of *Lamium album* as a Natural Fungicide: Impact on Seed Germination, Ergosterol, and Mycotoxins in *Fusarium culmorum*-Infected Wheat Seedlings. *Frontiers in Microbiology* 15:1363204. DOI: 10.3389/fmicb.(2024).1363204.

Modrzewska M., Popowski D., Błaszczuk L., **Stępień Ł., Urbaniak M.**, Bryła M., Cramer B., Humpf H.U., Twarużek M. (2024). Characterization of antagonistic properties of selected *Trichoderma* strains against *Fusarium sporotrichioides* and glycosylation of HT-2 and T-2 toxins by *Trichoderma* fungi. *Scientific Reports* 14: 5865. DOI: 10.1038/s41598-024-55920-x.

Uwineza P.A., **Kwiatkowska M.**, Gwiazdowski R., **Stępień Ł.**, Waśkiewicz A. (2024). Field assessment of *Lamium album* in reducing *Fusarium* infections and mycotoxins biosynthesis in winter wheat. *Agriculture* 14: 647. 10.3390/agriculture14050647.

Wybrane projekty

Opus 22 2021/43/B/NZ9/02701, Specyficzność regulacji interakcji *Fusarium*-szpazrag przez metabolity i hormony gospodarza wytwarzane podczas infekcji. Kierownik Łukasz Stępień, 2022-2026.

OPUS 13 2017/25/B/NZ9/01210, Role enzymów litycznych i mykotoksyn wytwarzanych przez grzyby *Fusarium* w procesie patogenezы, oraz metabolitów odpowiedzialnych za odpowiedź obronną roślin. Kierownik Łukasz Stępień, 2018-2022.

OPUS 9 2015/17/B/NZ9/03577, Roślinne związki bioaktywne indukujące odpowiedź na stres u patogenicznego grzyba *Fusarium proliferatum*. Kierownik Łukasz Stępień, 2016-2019.

PRELUDIUM 13 2017/25/N/NZ9/02525, Zmienność potencjału biosyntezy depsiptydów pod wpływem czynników regulacyjnych wśród przedstawicieli fito- i entomopatogenów u Hypocreales. Kierownik Monika Urbaniak, 2018-2021.



Zakład Mikrobiomiki Roślin

Kierownik dr hab. inż. Lidia Błaszczyk, prof. IGR PAN

dr Sylwia Salamon

dr Aleksandra Chojnacka

mgr Polina Havrysh

lic. Piotr Banachewicz



Od lewej: P. Havrysh,
L. Błaszczyk,
S. Salamon,
P. Banachewicz,
A. Chojnacka

Celem badań jest: I) ocena różnorodności mikroorganizmów zasiedlających części podziemne i nadziemne oraz tkanki wewnętrzne roślin; II) określenie sposobu transmisji mikroorganizmów endogennych oraz wpływu genotypu żywiciela, poszczególnych organów roślinnych i warunków wzrostu roślin na skład i rozmieszczenie mikroorganizmów w ryzosferze, filosferze i endosferze; III) zrozumienie morfologicznej, anatomicznej, fizjologicznej i molekularnej reakcji roślin na zmiany w ich mikrobiomie; IV) określenie roli mechanizmów epigenetycznych (metylacja DNA, lncRNA, mikroRNA i potranskrypcyjne modyfikacje histonów) w wielokierunkowych oddziaływaniach roślin z grzybami chorobotwórczymi i symbiotycznymi, w tym ocena wpływu metylacji DNA na długoterminową i międzypokoleniową pamięć roślin stresu wywołanego kolonizacją grzybów; V) selekcja mikroorganizmów endogennych, możliwych do zastosowania jako biostymulatory wzrostu roślin i czynniki kontroli biologicznej ograniczające choroby grzybicze oraz do bioaugmentacji metalofitów.

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 immunologicznego), a także: wysokoprzepustowe sekwencjonowanie RNA, wysokoprzepustowe sekwencjonowanie degradomu, sekwencjonowanie DNA traktowanego wodorosiarczynem sodu, oznaczanie ilościowe metylacji CpG, pirosekwencjonowanie, Real time-PCR, cyfrowy PCR, analiza topnienia w wysokiej rozdzielczości. Dane biologiczne analizujemy za pomocą dostępnych metod bioinformatycznych, matematycznych i statystycznych.

Nasze główne osiągnięcia to:

- określenie struktury i dynamiki mykobioty związanej z endosferą różnych odmian i form pszenicy,
- rozpoznanie form interakcji grzybów endofitycznych z rośliną żywicielską,
- udokumentowanie wpływu warunków wzrostu i organów rośliny na strukturę i różnorodność gatunkową grzybów endofitycznych zasiedlających tkanki pszenicy,
- zidentyfikowanie rodzajów *Alternaria* i *Penicillium* oraz gatunku *Fusarium proliferatum* jako grzybów stanowiących tzw. mikrobiom rdzeniowy w polskich odmianach pszenicy,
- udokumentowanie, że gatunki *Trichoderma koningii*, *Penicillium crustosum*, *Lecanicillium lecanii* i *Cladosporium* sp. przenoszą się wertykalnie pomiędzy pokoleniami roślin, *P. expansum* kolonizuje tkanki wewnętrzne roślin w sposób horyzontalny, *F. proliferatum*, *Penicillium olsonii* i *Trichoderma hamatum* wykorzystują obie metody transmisji do przemieszczania się pomiędzy roślinami i ich kolejnymi generacjami,
- utworzenie i utrzymanie kolekcji ponad 1000 szczepów grzybów endofitycznych pszenicy.

Słowa kluczowe

zboża, mikrobiom, transmisja endofitów, interakcje pszenicy z grzybami, epigenetyka, biokontrola, remodelowanie mikrobiomu roślin uprawnych

Wybrane publikacje

Modrzewska, M., Popowski, D., **Błaszczuk, L.** et al. (2024) Antagonistic properties against *Fusarium sporotrichioides* and glycosylation of HT-2 and T-2 toxins by selected *Trichoderma* strains. *Scientific Reports* 14, 5865 DOI: 10.1038/s41598-024-55920-x

Hoppe K., **Chełkowski J.**, **Błaszczuk L.**, Bocianowski J. (2023) Observation of changes in *Fusarium* mycotoxin profiles in maize grain over the last decade in Poland. *Food Control* 110248. DOI: 10.1016/j.foodcont.2023.110248

Salamon S., **Mikołajczak K.**, **Błaszczuk L.** (2023) Constellation of the endophytic mycobiome in spring and winter wheat cultivars grown under various conditions. *Scientific Reports* 13: 8277. DOI 10.1038/s41598-023-35261-x

Błaszczuk L., Ćwiek-Kupczyńska H., Hoppe Gromadzka K., Basińska-Barczak A., Stępień Ł., Kaczmarek J., Lenc L. (2023) Containment of *Fusarium culmorum* and its mycotoxins in various biological systems by antagonistic *Trichoderma* and *Clonostachys* strains. *Journal of Fungi* 9: 289. DOI: 10.3390/jof9030289

Salamon S., Żok J., Gromadzka K., **Błaszczuk L.** (2021) Expression patterns of miR398, miR167, and miR159 in the interaction between bread wheat (*Triticum aestivum* L.) and pathogenic *Fusarium culmorum* and beneficial *Trichoderma* fungi. *Pathogens* 10: 1461. DOI: 10.3390/pathogens10111461

Błaszczuk L., **Salamon S.**, **Mikołajczak K.** (2021) Fungi inhabiting the wheat endosphere. *Pathogens* 10: 1288. DOI:10.3390/pathogens10101288

Błaszczuk L., Waśkiewicz A., Gromadzka K., **Mikołajczak K.**, **Chełkowski J.** (2021) *Sarocladium* and *Lecanicillium* associated with maize seeds and their potential to form selected secondary metabolites. *Biomolecules* 11: 98. DOI:10.3390/biom11010098

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

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

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



Wybrane projekty

NCN Miniatura 023/07/X/NZ9/00844, Ocena efektywności wchłaniania i procesowania syntetycznych dwuniciowych RNA przez grzyby endofityczne pszenicy – staż naukowy na Uniwersytecie Bolońskim. Kierownik Sylwia Salamon, 2023-2024.

NCN Opus 24 2022/47/B/NZ9/01282, RNaCTiON: microRNA i siRNA- mediatorzy w komunikacji pomiędzy pszenicą zwyczajną, a patogenicznymi i symbiotycznymi grzybami. Kierownik Lidia Błaszczuk, 2023-2027.

NCN OPUS 14 2017/27/B/NZ9/01591, Dynamika mykobiomu endosfery pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) i jej wpływ na wzrost i kondycję rośliny. Kierownik Lidia Błaszczuk, 2018-2022.

NCN OPUS 10 2015/19/B/NZ9/03083, Molekularne podstawy reakcji pszenicy (*Triticum aestivum* L.) na kolonizację korzeni przez gatunki *Trichoderma*. Kierownik Lidia Błaszczuk, 2016-2020.



Zakład Nanotechnologii Roślin

Kierownik dr Dibyendu Mondal

dr Leonard Kiirika

dr Sagar Biswas

dr Lakshmipathy Muthukrishnan

dr Megha Saxena

mgr Dzhon Vellman

Gabriela Majchrzak



Od lewej: L. Kiirika, T. Mirski, L. Muthukrishnan, P. Matam, R. Sinha, M. Saxena, D. Vellman, J. Dutkiewicz, S. Rajendran Kamalabai, D. Mondal, G. Majchrzak, F. Gregory

Głównym celem badań zespołu jest opracowanie przyjaznych dla środowiska i niedrogich inteligentnych nanopreparatów nowej generacji oraz przeprowadzenie badań podstawowych i stosowanych w zakresie zrównoważonego rolnictwa opartego na nanotechnologii, przewidującego poprawę produktywności i lepszą ochronę roślin.

Prace koncentrują się na:

Opracowaniu nanopreparatu do stosowania dolistnego, zapewniającego lepszą ochronę roślin i zrównoważoną produkcję roślinną.

Metodologiach zrównoważonego i kontrolowanego dostarczania nanonawozów do roślin.

Badaniu interakcji roślina-nanomateriał.

Wykorzystaniu nanokonstruktów białkowych/nanozymów jako alternatywnych systemów łagodzenia stresu.

Wykorzystaniu rozpuszczalników nanostrukturalnych (cieczy jonowych i rozpuszczalników głęboko eutektycznych) dla lepszej biokatalizy.

Słowa kluczowe

nanoformulacja, interakcja roślina-nanomateriał, zrównoważone rolnictwo, opakowywanie białek, nanostrukturalne rozpuszczalniki neoteryczne

Wybrane publikacje

Bharmoria P., Tietze A.A., **Mondal D.**, Kang T.S., Kumar A., Freire M.G. (2024) Do Ionic Liquids Exhibit the Required Characteristics to Dissolve, Extract, Stabilize, and Purify Proteins? Past-Present-Future Assessment. *Chem. Rev.* 124:3037–3084. DOI: 10.1021/acs.chemrev.3c00551

Pradeep M., **Saxena M.**, **Mondal D.**, Franklin G. (2024) Do nanoparticles delivered to roots affect plant secondary metabolism? A comprehensive analysis in float seedling cultures of *Hypericum perforatum* L. *Chemosphere*, 365:141789. DOI: 10.1016/j.chemosphere.2024.141789

Martins A. R. M., **Kiirika M. L.**, Schaffer N., Sajnóg A., Coutinho A. P. J., Franklin G., **Mondal D.** (2024) Unveiling Dissolution Kinetics of CuO Nanofertilizer Using Bio-Based Ionic Liquids Envisaging Controlled Use Efficiency for Sustainable Agriculture. *ACS Sustainable Resour. Manage.*, 1(6): 1291–1301. DOI:10.1021/acssus-resmgt.4c00041

Bharadwaj P., Sarkar D., **Bisht M.**, Shet M. S., Kotrappanavar N.S., **Lokesh V.**, Franklin G., Brezovsky J., **Mondal D.** (2023). Nano-structured hydrotrope-caged cytochrome c with boosted stability in harsh environments: a molecular insight. *Green Chem.*, 25: 6666–6676. DOI: 10.1039/D3GC01704D

Thayallath SK., Shet SM., **Bisht M.**, Bharadwaj P., Pereira MM., Franklin G., Nataraj SK., **Mondal D.** (2023) Designing protein nano-construct in ionic liquid: a boost in efficacy of cytochrome C under stresses. *Chem. Commun.*, 59: 5894–5897. DOI: 10.1039/D3CC00644A

Pradeep M., Kruszka D., Kachlicki P., **Mondal D.**, Franklin G. (2022) Uncovering the Phytochemical Basis and Mechanism of Plant Extract Mediated Eco-friendly Synthesis of Silver Nanoparticles Using UPLC-PDA-HRMS. *ACS Sustainable Chem. Eng.*, 10: 562–571. DOI: 10.1021/acssuschemeng.1c06960

Wybrane projekty

SONATA 17 2021/43/D/ST4/00699 NanoBioCat: Developing biopolymer-based enzyme nano-construct (protein friendly ionic liquids assisted) with improved efficacy against multiple stresses for tandem biocatalysis. Kierownik: Dibyendu Mondal, 2022-2025.

Horizon 2020, Coordination and Support Action (EU H2020-ERACHairs), The Creation of the Department of Plant Nanotechnology to Maximise the Impact of the ERA Chair Culture on the IPG PAS (Acronym: NANO-PLANT); 856961; 2019-2025. Era Chair Holder i kierujący pakietem WP5 Dibyendu Mondal.

Zakład Regulacji Ekspresji Genów



Kierownik dr hab. Agnieszka Kiełbowicz-Matuk

dr Anna Kasprzewska

mgr inż. Magdalena Biegańska

mgr Klaudia Grądzka (doktorantka)



Od lewej: A. Kasprzewska, A. Kiełbowicz-Matuk, M. Biegańska, K. Grądzka

Badania związane są ze zrozumieniem mechanizmów adaptacji gatunków *Solanum* do zmieniających się warunków środowiska podczas rozwoju. Koncentrują się głównie na poznaniu biologicznej funkcji białek palca cynkowego B-box (BBX) i regulatorów ich ekspresji w procesach rozwojowych kontrolowanych przez światło i zegar biologiczny w warunkach optymalnego wzrostu i odpowiedzi na działanie czynników stresowych. Ponadto, badamy procesy molekularne odpowiedzialne za tuberyzację u gatunków ziemniaka różniących się zdolnością do produkcji bulw.

Funkcję wybranych białek analizujemy przy zastosowaniu szerokiej gamy metod biologii molekularnej poprzez: (i) analizę fenotypową i genetyczną roślin transgeniczných zarówno mutantów, jak i z nadekspresją danego genu, (ii) analizę zmian zachodzących w transkryptomie/proteomie roślin transgeniczných w porównaniu do roślin kontrolnych, (iii) identyfikację partnerów białkowych (koimmunoprecypitacja białek, technika pull-down i drożdżowy system dwuhybrydowy), (iv) identyfikację czynników transkrypcyjnych i miejsc wiązania białek do DNA (drożdżowy system jednohybrydowy, technika EMSA i ChIP-seq).

Nasze główne osiągnięcia pokazują, że:

Białka StBBX24 i StZPR1 są negatywnymi regulatorami czasu kwitnienia u uprawnego gatunku ziemniaka, które kontrolują przejście z wegetatywnej fazy rozwoju do generatywnej.

Białko StBBX24 jest zaangażowane w odpowiedź roślin *S. tuberosum* na stres solny. Linie transgeniczne z wyłączoną ekspresją genu *StBBX24* wykazują podatność na wysokie zasolenie z niższą wydajnością systemu antyoksydacyjnego i silnie obniżoną ekspresją genów kodujących transportery Na^+ pośredniczące w tolerancji zasolenia.

Białko StZPR1 uczestniczy w okołodobowej regulacji ekspresji genu *StBBX24* poprzez wiązanie się w warunkach *in vitro* do sekwencji cis-regulatorowej 'CIRC' obecnej w jego promotorze.

Rośliny *A. thaliana* z nadekspresją genu *StZPR1* mają zwiększoną podstawową termotolerancję nasion na stres podwyższonej temperatury.

Słowa kluczowe

białka palca cynkowego typu B-box, kwitnienie, tuberyzacja, *Solanum tuberosum*

Wybrane publikacje

Kiełbowicz-Matuk A., Grądzka K., Biegańska M., Talar U., Czarnecka J., Rorat T. (2022) The StBBX24 protein affects the floral induction and mediates salt tolerance in *Solanum tuberosum*. *Frontiers in Plant Science* 13. DOI: 10.3389/fpls.2022.965098.

Mikołajczak K., Kuczyńska A., Ogrodowicz P., **Kiełbowicz-Matuk A.**, Ćwiek-Kupczyńska H., Daszkowska-Golec A., Szarejko I., Surma M., Krajewski P. (2022) High-throughput sequencing data revealed genotype-specific changes evoked by heat stress in crown tissue of barley *sdw1* near-isogenic lines. *BMC Genomics* 23, 177. DOI: 10.1186/s12864-022-08410-1.

Kamrani Y.Y., Shomali A., Aliniaiefard S., Lastochkina O., Moosavi-Nezhad M., Hajinajaf N., **Talar U.** (2022) Regulatory role of circadian clocks on ABA production and signaling, stomatal responses, and water-use efficiency under water-deficit conditions. *Cells* 11, 7: 1154, DOI: 10.3390/cells11071154.

Talar U., Kiełbowicz-Matuk A. (2021) Beyond Arabidopsis: BBX Regulators in Crop Plants. *International Journal of Molecular Sciences* 22: 2906. DOI: 10.3390/ijms22062906.

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

Parrotta L., Aloisia I., Suanno C., Faleri C., **Kiełbowicz-Matuk A.**, Bini L., Cai G., Del Duca S. (2019) A low molecular-weight cyclophilin localizes in different cell compartments of *Pyrus communis* pollen and is released *in vitro* under Ca^{2+} depletion. *Plant Physiology and Biochemistry* 144: 197–206. DOI: 10.1016/j.plaphy.2019.09.045.

Kiełbowicz-Matuk A., Czarnecka J., Banachowicz E., Rey P., Rorat T. (2017) *Solanum tuberosum* ZPR1 encodes a light-regulated nuclear DNA-binding protein adjusting the circadian expression of *StBBX24* to light cycle. *Plant, Cell & Environment* 40(3): 424–440. DOI: 10.1111/pce.12875.

Talar U., Kiełbowicz-Matuk A., Czarnecka J., Rorat T. (2017) Genome-wide survey of B-box proteins in potato (*Solanum tuberosum*) – identification, characterization and expression patterns during diurnal cycle, etiolation and deetiolation. *PLOS ONE* 12(5), e0177471.

Wybrane projekty

NCN OPUS 15 2018/29/B/NZ9/01457, Funkcja białka jądrowego StBBX20 w regulacji czasu kwitnienia i tuberyzacji u ziemniaka uprawnego. Kierownik Agnieszka Kiełbowicz-Matuk, 2019-2024.

NCN OPUS 8 2014/15/B/NZ9/04809, Analiza funkcjonalna białka SsBBX24 zawierającego domeny wiążące cynk w cyklu okołodobowym podczas rozwoju i w odpowiedzi na zasolenie. Kierownik Agnieszka Kiełbowicz-Matuk, 2015-2019.



Zakład Struktury i Funkcji Genów

Kierownik dr hab. Michał Książkiewicz

dr Wojciech Bielski

dr Maciej Majka

mgr inż. Jolanta Belter

Sonia Nowak

mgr inż. Anna Surma (doktorantka)

mgr Ishani Dogra (doktorantka)

mgr Allen Eldho Paul (doktorant)



Od lewej: A. Eldho Paul, M. Książkiewicz, J. Belter, S. Nowak, I. Dogra, A. Surma, W. Bielski

Główne cele badawcze:

określenie funkcjonalnego zróżnicowania duplikatów genu *Flowering Locus T (FT)* w kontroli indukcji kwitnienia w odpowiedzi na fotoperiod i wernalizację udomowionych oraz dzikich gatunków łubinów Starego Świata, identyfikacja komponentów epigenetycznych i microRNA zaangażowanych w kontrolę kwitnienia łubinu żółtego i białego, wizualizacja ewolucyjnych zmian w genomach roślin z rodzaju *Lupinus*: rearanżacji chromosomowych, pozostałości poliploidyzacji, rozmieszczenia repetytywnego DNA, liczby kopii genów itd., poznanie mechanizmów molekularnych leżących u podstaw odporności łubinu wąskolistnego i białego na antraknozę, konstrukcja zintegrowanej mapy genetycznej o wysokiej gęstości markerów dla łubinu wąskolistnego oraz generowanie markerów molekularnych dla cech użytkowych, wyselekcjonowanie zestawu markerów do hodowli soi.

Stosowane metody badawcze:

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, analiza 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 analiza kolinearności, genomowe mapowanie asocjacyjne (GWAS), wnioskowanie filogenetyczne, analiza genomu metodą fluorescencyjnej hybrydyzacji *in situ* (FISH oraz oligo-FISH).

Najważniejsze osiągnięcia:

identyfikacja regionów bogatych w geny w genomie łubinu wąskolistnego o wysokim poziomie kolinearności w obrębie roślin strączkowych przy użyciu mapowania genetycznego i metod cytogenetycznych, skonstruowanie mapy sprzężeń o wysokiej rozdzielczości dla łubinu białego, identyfikacja mutacji warunkującej niezależny od wernalizacji, wczesno-kwitnący fenotyp łubinu wąskolistnego, odpowiedzialny za udomowienie tego gatunku, jak również identyfikacja dodatkowej mutacji warunkującej pośredni fenotyp w zakresie terminu kwitnienia i odpowiedzi na wernalizację, poznanie molekularnego podłoża termoneutralnego i obojętnie fotoperiodycznego (fotoneutralnego) fenotypu u łubinu żółtego,

walidacja markerów PCR loci odporności na antraknozę u łubinu białego,
walidacja markerów PCR do selekcji soi w kierunku optymalnego terminu kwitnienia i dojrzewania oraz cech
związanych z plonem w warunkach polowych w Polsce,
określenie procesów molekularnych związanych ze skuteczną odpowiedzią łubinu wąskolistnego na inokulację
grzybami powodującymi choroby: brunatną plamistość łodyg i antraknozę,
opracowanie genowo specyficznych markerów molekularnych na locus niskiej zawartości alkaloidów *pauper*
u łubinu białego.

Słowa kluczowe

ekspresja genów, mapowanie genetyczne, sekwencjonowanie, kwitnienie, dojrzłość,
wernalizacja, fotoperiod, antraknoza, *Colletotrichum*, *FLOWERING LOCUS T*, łubin, soja,
udomowienie, plon

Wybrane publikacje

Rychel-Bielska S., Bielski W., Surma A., Annicchiarico P., Belter J., Kozak B., Galek R., Harzic N., Książkiewicz M. (2024). A GWAS study highlights significant associations between a series of indels in a *FLOWERING LOCUS T* gene promoter and flowering time in white lupin (*Lupinus albus* L.). *BMC Plant Biology* 24(1): DOI: 10.1186/s12870-024-05438-1.

Książkiewicz M., Rychel-Bielska S., Plewiński P., Bielski W., Nuc M., Kozak B., Krajewski P., Jędrzycka M. (2022) A successful defense of the narrow-leaved lupin against anthracnose involves quick and orchestrated reprogramming of oxidation-reduction, photosynthesis and pathogenesis-related genes. *Scientific Reports* 12: 8164. DOI: 10.1038/s41598-022-12257-7.

Plewiński P., Rychel-Bielska S., Kozak B., Maureira-Butler I.J., Iqbal M.M., Nelson M.N., Książkiewicz M. (2022) *FLOWERING LOCUS T* indel variants confer vernalization-independent and photoperiod-insensitive flowering of yellow lupin (*Lupinus luteus* L.). *Horticulture Research* 9: uhac180. DOI: 10.1093/hr/uhac180.

Książkiewicz M., Rychel-Bielska S., Plewiński P., Nuc M., Irzykowski W., Jędrzycka M., Krajewski P. (2021) The resistance of narrow-leaved lupin to *Diaporthe toxica* is based on the rapid activation of defense response genes. *International Journal of Molecular Sciences* 22: 574. DOI: 10.3390/ijms22020574.

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

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

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

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

Wybrane projekty

NCN Opus 23 2022/45/B/NZ9/01397, Molekularne podstawy odporności łubinu białego (*Lupinus albus* L.) na antraknozę. Kierownik Michał Książkiewicz, 2023-2027.

NCN Opus 21 2021/41/B/NZ9/02226, Zróżnicowanie funkcjonalne duplikatów genu *Flowering Locus T* w kontroli indukcji kwitnienia łubinu żółtego (*Lupinus luteus* L.) w odpowiedzi na fotoperiod i wernalizację. Kierownik Michał Książkiewicz, 2022-2026.
MRiRW 2021-2027 Zadanie 18 Doskonalenie mapy genetycznej łubinu wąskolistnego i poszukiwanie markerów sprzężonych z cechami użytkowymi ze szczególnym uwzględnieniem zawartości białka i alkaloidów, kierownik Michał Książkiewicz, 2021-2027.

EU Horizon Europe BELIS "Breeding European Legumes for Increased Sustainability", koordynator projektu B. Julier B. (INRAE), kierownik Michał Książkiewicz, 2023-2028.



Zakład Zintegrowanej Biologii Roślin

Kierownik prof. dr hab. Robert Malinowski

dr Aneta Basińska

dr Sara Blicharz

dr William Truman

dr Karolina Stefanowicz

dr Subodh Verma

Deeksha Singh (doktorantka)

Namarta Chatar Singh (doktorantka)



Od lewej:
D. Singh,
N. Chatar Singh,
S. Verma,
W. Truman,
R. Malinowski,
K. Stefanowicz,
A. Basińska

Profil badawczy

Interesuje nas przede wszystkim zrozumienie plastyczności rozwojowej roślin poddanych niekorzystnym warunkom środowiskowym lub atakowi patogenów. Prace skupiają się głównie na interakcji pomiędzy protistami *Plasmodiophora brassicae* i roślinami kapustowatymi, prowadzącej do choroby zwanej kiłą kapusty. Charakterystycznym symptomem porażenia roślin jest rozwój narośli na podziemnej części. Większość doświadczeń przeprowadzamy na roślinie modelowej *Arabidopsis thaliana*, ale pracujemy także na rzepaku oleistym (*Brassica napus*). Badania obejmują również poszukiwanie molekularnych mechanizmów tolerancji lub oporności. Działanie genów zaangażowanych w reakcje obronne staramy się zrozumieć w sposób holistyczny, uwzględniający perspektywę fizjologiczną, komórkową i rozwojową.

Zespół zajmuje się także plastycznością rozwojową tkanek naczyniowych roślin oraz rolą transportu dalekosieźnego w adaptacji roślin do stresu abiotycznego i biotycznego.

Integracyjny charakter naszej grupy znajduje odzwierciedlenie w szerokim zakresie wykorzystywanych metod eksperymentalnych. Laboratorium pozwala na przeprowadzanie eksperymentów z DNA, RNA i białkami, włącznie z badaniami funkcjonalnymi, a także różnych technik mikroskopowych, co pozwala na uzyskanie odpowiedzi na podstawowe pytania z zakresu biologii roślin.

Nasze główne osiągnięcia

Stresy biotyczne

Zespół opisał przeprogramowanie cyklu komórkowego roślin zainfekowanych przez *Plasmodiophora brassicae* (Olszak i in., 2019) i dostarczył dowodów na działanie mechanizmów prowadzących do przekierowania węglowodanów żywiciela w rejon zasiedlony przez patogen (Walerowski i in., 2018). Prace te obejmowały także odkrycie wywołanego przez *P. brassicae* wzrostu akumulacji transporterów Sugars Will Eventually be Transported SWEET i ich roli w zwiększaniu dostępności cukrów dla patogenu. Opisaliśmy również znaczenie zmian w statusie pektyn dla powiększenia komórek obserwowanych w późnych stadiach rozwoju choroby (Stefanowicz i in., 2021). Najnowszym osiągnięciem zespołu jest identyfikacja genu *RPB1* warunkującego odporność na kiłę kapusty (Ochoa i in., 2023).

Stresy abiotyczne

Odkryliśmy, że zmiany profilu metabolicznego soku floemowego można wykorzystać jako indykator pozwalający na szybką detekcję oraz kompleksowe zrozumienie reakcji grochu ogrodowego na ograniczoną dostępność wody (Blicharz i in., 2021). Wykazaliśmy również, że zmiany w metabolizmie węgla i azotu odzwierciedlają zmniejszenie wzrostu komórek, a także ograniczenie wymiany gazowej i fotosyntezy.

Słowa kluczowe

Arabidopsis thaliana, *Plasmodiophora brassicae*, rozwój roślin, wzrost komórek, różnicowanie komórek, plastyczność rozwojowa, kiła kapusty, transport waskularny, interakcje roślina-mikroorganizm

Wybrane publikacje

Ochoa, J.C., Mukhopadhyay, S., Bieluszewski, T., Jędryczka, M., Malinowski, R., and Truman, W. (2023) Natural variation in *Arabidopsis* responses to *Plasmodiophora brassicae* reveals an essential role for Resistance to *Plasmodiophora brassicae* 1 (RPB1). *The Plant Journal* 116(5): 1421-1440.

Singh, D., Blicharz, S., Stefanowicz, K., Ragni, L., Michalak, K., Bagniewska-Zadworna, A., and Malinowski, R. (2022) Combining Clearing and Fluorescence Microscopy for Visualising Changes in Gene Expression and Physiological Responses to *Plasmodiophora brassicae*. *J Vis Exp*, e64297.

Blicharz S., Beemster GTS, Ragni L., De Diego N., Spichal L., Hernandiz AE., Marczak L., **Olszak M.,** Perlikowski D., Kosmala A, **Malinowski R** (2021) Phloem exudate metabolic content reflects the response to water-deficit stress in pea plants (*Pisum sativum* L.). *The Plant Journal* 106 (5): 1338-1355.

Stefanowicz K., Szymanska-Chargot M., **Truman W., Walerowski P., Olszak M.,** Augustyniak A., Kosmala A., Zdunek A., **Malinowski R.** (2021) *Plasmodiophora brassicae*-Triggered Cell Enlargement and Loss of Cellular Integrity in Root Systems Are Mediated by Pectin Demethylation. *Frontiers in Plant Science* 12.

Olszak, M., Truman W., Stefanowicz K., Śliwiska E., Ito M., **Walerowski P., Rolfe S., Malinowski R.** (2019). Transcriptional profiling identifies critical steps of cell cycle reprogramming necessary for *Plasmodiophora brassicae*-driven gall formation in *Arabidopsis*. *The Plant Journal* 97 (4):715-729.

Walerowski P., Gündel A., Yahaya N., **Truman W., Sobczak M., Olszak M., Rolfe S., Borisjuk L., Malinowski R.** (2018). Clubroot Disease Stimulates Early Steps of Phloem Differentiation and Recruits SWEET Sucrose Transporters within Developing Galls. *The Plant Cell* 30 (12), 3058-3073.

Wybrane projekty

NCN Opus 24 2022/47/B/NZ9/00558, Zrozumienie zjawiska supresji ksylogenezy wywołanej u roślin przez patogen *Plasmodiophora brassicae*. Kierownik Robert Malinowski, 2023-2027.

NCN Opus 21 2021/41/B/NZ9/02405, Molekularna i funkcjonalna charakterystyka mechanizmów odporności roślin rzodkiewnika (*Arabidopsis thaliana* L.) na kiłę kapusty. Kierownik William Truman, 2022-2025.

NCN OPUS 17 2019/33/B/NZ9/00751, Waskularna koordynacja długodystansowa u roślin porażonych przez *Plasmodiophora brassicae*. Kierownik Robert Malinowski, 2020-2024.

NCN PRELUDIUM 17 2019/33/N/NZ9/01048, Zastosowanie techniki edycji genomu CRISPR/Cas9 w celu charakterystyki genów odporności na kiłę kapusty u *Arabidopsis thaliana*. Kierownik Ochoa Cabezas Juan Camilo, 2020-2022.

NCN OPUS 10 2015/19/B/NZ3/01489, Zrozumienie roli zależnych od chityny odpowiedzi obronnych roślin podczas infekcji *Plasmodiophora brassicae*. Kierownik William Truman, 2016-2021.

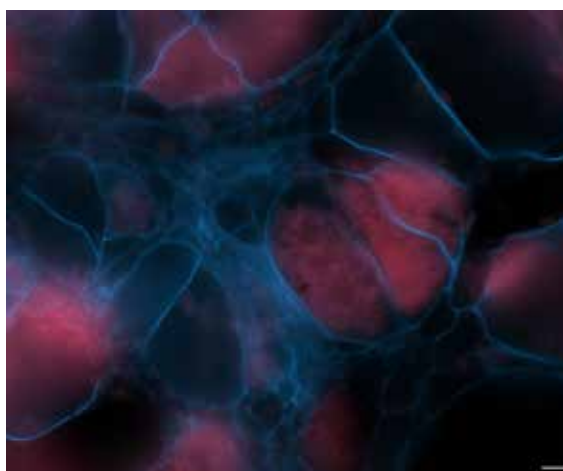
NCN OPUS 11 2016/21/B/NZ9/02020, Rola transportu floemowego w adaptacji grochu do warunków niedoboru wody. Kierownik Robert Malinowski, 2017-2021.

NCN SONATA BIS 2 2012/07/E/NZ3/00510, Kompleksowa analiza mechanizmów prowadzących do zaburzenia równowagi między proliferacją a różnicowaniem komórek w trakcie infekcji przez *Plasmodiophora brassicae*. Kierownik Robert Malinowski, 16-09-2013 - 15-04-2018.

NCN SONATA 9 2015/17/D/NZ9/01977, Znaczenie przemian ściany komórkowej roślin zainfekowanych przez *Plasmodiophora brassicae* dla rozwoju patogena.

Kierownik Karolina Stefanowicz, 03-06-2016 - 02-12-2019

NCN ERA-CHAIR BIO-TALENT The Creation of the Department of Integrative Plant Biology EU FP7 No. 621321. Koordynator Małgorzata Jędryczka, ERA Chair Holder Robert Malinowski.



Laboratorium Multiomiki

Kierownik dr Katarzyna Juszczyk



Laboratorium Multiomiki zostało utworzone w 2020 r. pod kierownictwem prof. dr hab. Piotra Kachlickiego. Od 1.07.2022 r. kierownikiem laboratorium jest dr Katarzyna Juszczyk. Laboratorium zostało powołane w celu wykonywania analiz składników niskocząsteczkowych i białkowych organizmów roślinnych. Współpracuje ono z zakładami naukowymi Instytutu, a także z polskimi i zagranicznymi instytucjami naukowymi oraz firmami prywatnymi. Laboratorium dysponuje chromatografem gazowym, aparaturą do wysokosprawnej i ultrasprawnej chromatografii cieczowej oraz spektrometrami mas. Połączenie standardowych i nanoprzepływowych chromatografów cieczowych ze spektrometrem mas o wysokiej rozdzielczości OrbiTrap umożliwia prowadzenie celowanych i niecelowanych analiz metabolomicznych i proteomicznych.

Wybrane zastosowania:

Analiza jakościowa i ilościowa alkaloidów łubinu – GC-FID

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 (źródło jonów nanoESI z wbudowanym auto-samplerem – TriVersa NanoMate, Advion)

Słowa kluczowe

metabolomika, lipidomika, proteomika, chromatografia, spektrometria mas

Aparatura

- Wysoko rozdzielczy 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)



Administracja i obsługa Instytutu Genetyki Roślin PAN

Zastępca Dyrektora ds. administracyjnych
Dział Techniczno-Gospodarczy

Główny Księgowy
Dział Finansowo-Księgowy

Sekretarz Naukowy

Kierownik Działu Kadr
Dział Kadr

Asystentka Dyrektora, Sekretariat

Grupa Polowa

Obsługa

mgr Piotr Woźniak
mgr Daria Chocholska, Marta Paczkowska-Fąferek

mgr Arkadiusz Sobierajski
mgr Aneta Gaczyńska, mgr Mirosława Kozak

mgr inż. Magdalena Roth

mgr Natalia Grzanka
mgr Julianna Petral

mgr Marta Jabłońska

Maria Paczkowska, Barbara Trzybińska,
Zbigniew Frąckowiak, Waldemar Kryk,
Tomasz Krysiak

Agnieszka Cofta, Regina Witkowska,
Lucyna Łagodzińska, Marek Kniat

Firmy i osoby współpracujące z IGR PAN

Doradztwo prawne

Obsługa informatyczna

Zamówienia Publiczne

Inspektor BHP

Inspektor Ochrony Danych Osobowych

Kancelaria Radcy Prawnego Anna Kwasizur

PPHU GIGABAJTER Rafał Basek

mgr Monika Urbańska-Kicuła

mgr Bartosz Szymanek

mgr Michał Pawłowski



Administracja IGR PAN, od lewej: mgr Daria Chocholska, mgr Piotr Woźniak, Zastępca Dyrektora ds. administracyjnych, Marta Paczkowska-Fąferek



Dział Finansowo-Księgowy IGR PAN, od lewej: mgr Mirosława Kozak, mgr Arkadiusz Sobierajski, Główny Księgowy i mgr Aneta Gaczyńska



mgr Marta Jabłońska, Asystentka Dyrektora (z lewej)
i mgr inż. Magdalena Roth, Sekretarz Naukowy IGR PAN



Dział Kadr IGR PAN: mgr Julianna Petral (z lewej)
i mgr Natalia Grzanka, Kierownik Działu

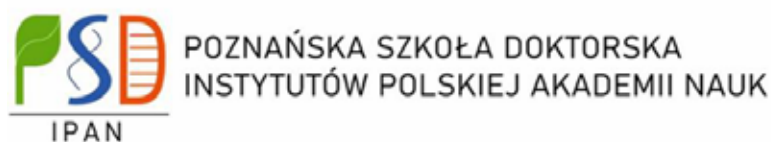


Grupa Polowa IGR PAN, od lewej: Waldemar Kryk, Zbigniew Frąckowiak,
Barbara Trzybińska, Maria Paczkowska i Tomasz Krysiak



Grupa Obsługi IGR PAN, od lewej: Agnieszka Cofta, Marek Kniat,
Regina Witkowska i Lucyna Łagodzińska

Poznańska Szkoła Doktorska Instytutów Polskiej Akademii Nauk



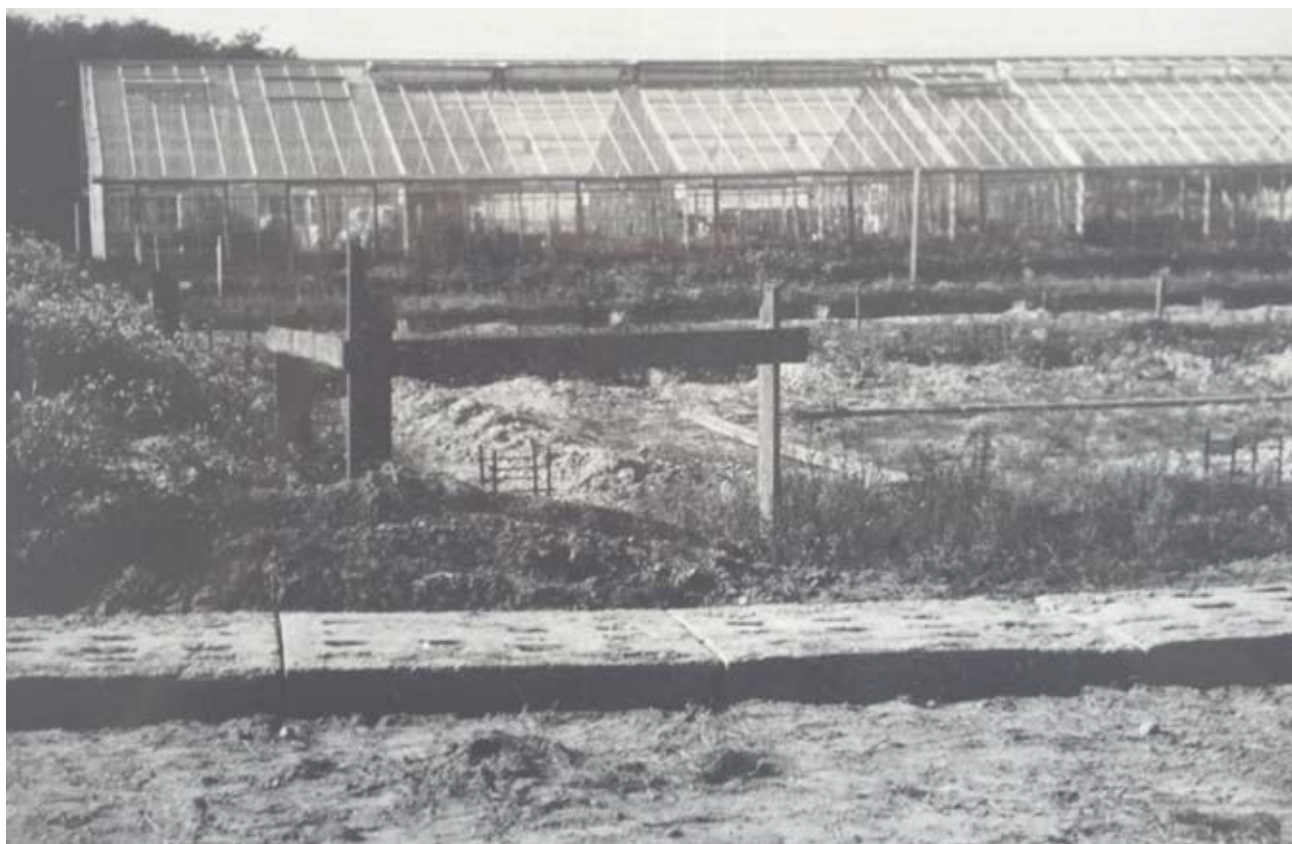
Doktoranci PSD IPAN,
od lewej: Anna Surma,
Adrianna Czapiewska,
Ester Wojtkowiak,
Julia Górna,
Martyna Michałek,
Martyna Przewoźnik,
Allen Eldho Paul,
Elsie Ayamoh Enow,
Ishani Dogra,
Namarta Chatar Singh,
Humaira Jamil,
Deeksha Singh

Od 1 października 2019 roku Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk wraz z Instytutem Chemii Bioorganicznej PAN, Instytutem Dendrologii PAN, Instytutem Fizyki Molekularnej PAN i Instytutem Genetyki Człowieka PAN prowadzą wspólnie Poznańską Szkołę Doktorską Instytutów Polskiej Akademii Nauk. Szkoła kształci kandydatów do stopnia doktora w dyscyplinach nauk biologicznych, chemicznych, fizycznych, medycznych oraz rolnictwie i ogrodnictwie. Koordynatorem dyscypliny rolnictwo i ogrodnictwo w IGR PAN jest dr hab. Lidia Błaszczuk, prof. IGR PAN, a jej zastępcą – prof. dr hab. Anetta Kuczyńska. Sekretariat naukowy i sprawy doktorantów prowadzi mgr inż. Magdalena Roth. Koordynatorzy wchodzi w skład Rady Programowej PSD IPAN, przy czym prof. dr hab. Anetta Kuczyńska pełni również funkcję Zastępcy Kierownika PSD IPAN, którą jest dr hab. Mariola Dutkiewicz, prof. ICHB PAN.

PSD IPAN identyfikuje się za pomocą logo zaprojektowanego przez mgr inż. Adriannę Czapiewską, doktorantkę z IGR PAN, a wytypowanego na drodze konkursu.

W pierwszym roku funkcjonowania do PSD IPAN zostało przyjętych 25 doktorantów. W IGR PAN pierwszą doktorantkę – mgr inż. Martynę Annę Przewoźnik zrekrutowano w dniu 21 grudnia 2020 roku. Obecnie w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo kształci się 12 osób, w tym 6 osób z Polski, 4 z Indii, 1 osoba z Pakistanu i 1 z Kamerunu. Ten międzynarodowy zespół uczestniczy zarówno w obowiązkowych zajęciach organizowanych w ramach dyscypliny rolnictwo i ogrodnictwo, jak i w wykładach fakultatywnych proponowanych przez PSD IPAN. Ważnym elementem kształcenia są też seminaria odbywające się w IGR PAN, podczas których doktoranci mogą prezentować wyniki swoich badań oraz treści najnowszych publikacji z tematyki ich pracy doktorskiej w ramach tzw. Journal Mini Club. Dane dotyczące działania PSD IPAN, w tym regulaminy i zasady rekrutacji, znajdują się na stronie <http://www.psd-ipan.ibch.poznan.pl>

Baza doświadczalna

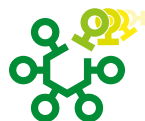


Budowa obiektów przy ul. Strzeszyńskiej, rok 1970



Szklarnie i pola doświadczalne, rok 2024

Projekt BIO-TALENT



BIO-TALENT FP7-ERACHairs-Pilot Call-2013
The Creation of the Department of Integrative Plant Biology



i powstanie Zakładu Zintegrowanej Biologii Roślin

Realizacja projektu EU FP7 BIO-TALENT "The Creation of the Department of Integrative Plant Biology" (nr 621321) rozpoczęła się w roku 2015. Był to pierwszy projekt typu ERA Chairs przyznany polskiej jednostce naukowej. W ramach projektu powstał Zakład Zintegrowanej Biologii Roślin. Ideą projektu było stworzenie jednostki, w której prowadzone będą multidyscyplinarne badania, których celem jest całościowy opis zjawisk biologicznych. Projekt koordynowany był przez prof. dr hab. Małgorzatę Jędrzyckę i kierowany przez prof. dr hab. Roberta Malinowskiego, który objął stanowisko ERA Chair Holder. W ramach zakładu istniały trzy niezależne zespoły badawcze zajmujące się odpowiednio: molekularnymi i komórkowymi aspektami biologii rozwoju roślin (Zespół Biologii Systemów Roślinnych, prof. dr hab. Robert Malinowski), biotechnologią i nanotechnologią roślin (Zespół Nanobiotechnologii i Biosyntezy Metabolitów Wtórnych, dr hab. Franklin Gregory) oraz biologią roślin drzewiastych (Zespół Inżynierii



Główne pomieszczenie laboratoryjne ZZBR w roku 2015 i w roku 2017

Ściany Komórkowej Roślin, dr Jorge Paiva). Zakład powstał w pustym budynku C, który dzięki wspólnemu wysiłkowi Instytutu oraz członków nowych zespołów po pewnym czasie uzyskał formę pozwalającą na prowadzenie zaawansowanych prac naukowych. W ramach funduszy Narodowego Centrum Nauki zespoły zdobyły dofinansowanie na badania (osiem projektów), a dzięki wsparciu Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego również niezbędną do prowadzenia prac aparaturę badawczą.

W ramach projektu BIO-TALENT przeprowadzono wiele szkoleń, wykładów oraz warsztatów, w których wzięli udział liderzy nauki krajowych i zagranicznych jednostek. Wykłady prowadzili między innymi: Prof. Edward Farmer – Uniwersytet w Lozannie, Szwajcaria; Prof. Stephen Long – Uniwersytet Illinois, USA; Prof. Vicky Vance – Uniwersytet stanu Południowa Karolina, USA; Prof. Cyryl Zipfel z John Innes Centre, UK; Prof. Jerzy Paszkowski z University of Cambridge, UK; Prof. Dirk Inze z VIB, Ghent, Belgia; Prof. Christian Hardtke z Uniwersytetu w Lozannie, Szwajcaria; Prof. Andrew Fleming z Uniwersytetu w Sheffield, UK; Prof. Gerrit Beemster z Uniwersytetu w Antwerpii, Belgia; Prof. Alan Schulman z Uniwersytetu w Helsinkach, Finlandia; Dr Laura Ragni z Uniwersytetu w Tubingen, Niemcy; Dr Ute Voss z Uniwersytetu w Nottingham, UK; Dr Nuria de Diego z Uniwersytetu w Ołomuńcu, Czechy; Dr Lukas Spichal z Uniwersytetu w Ołomuńcu, Czechy; Prof. Adam J. Łukaszewski z Uniwersytetu Kalifornijskiego w Riverside, Dr Anne-Lise Routier-Kierzkowska oraz Dr Daniel Kierzkowski z Instytutu Maxa Plancka w Köln, Niemcy.

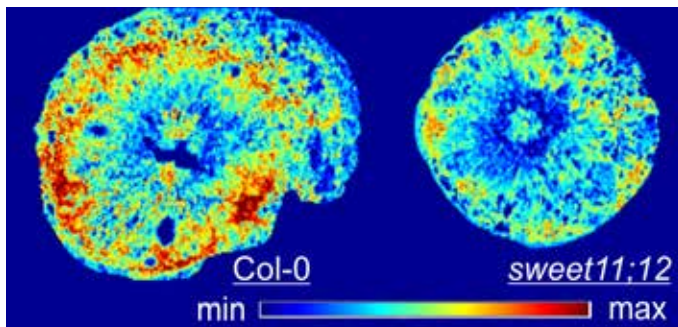
Naukowe efekty pracy Zespołu Zintegrowanej Biologii Roślin

Praca pierwszego składu zespołu zaowocowała w roku 2018 i 2019 opisem zdarzeń komórkowych oraz mechanizmu przekierowania cukrów w rozwijających się naroślach u roślin *Arabidopsis thaliana* porażonych przez *Plasmidiophora brassicae* – pierwotniaka wywołującego chorobę zwaną kiłą kapusty. Prace ukazały się w renomowanych czasopismach *Plant Cell* (Walerowski *et al.*, 2018) oraz *Plant Journal* (Olszak *i wsp.*, 2019). Pierwszy autor artykułu z *Plant Cell*, Piotr Walerowski, w roku 2019 obronił z wyróżnieniem pracę doktorską.

W kolejnych latach zespół kontynuował prace nad rolą tkanek przewodzących w dostosowaniu się roślin do stresów abiotycznych. Doktorantka, mgr Sara Blicharz przeprowadziła eksperymenty, w których analizowano zmiany anatomiczne floemu



Wizyta Profesora Dirka Inze, ówczesnego dyrektora VIB Ghent. Na zdjęciu (od lewej): Prof. dr hab. Małgorzata Jędrzycka, dr Marcin Olszak, dr. Karolina Stefanowicz, mgr Piotr Walerowski, Prof. Dirk Inze, dr hab. Robert Malinowski, dr William Truman, dr Franklin Gregory, mgr Preeti Shakya



Obraz spektroskopii Fourierowskiej pokazujący depozycję cukrów w indukowanych przez *Plasmidiophora brassicae* naroślach u kontrolnej rośliny *Arabidopsis thaliana* oraz podwójnego mutantu transporterów Sugars Will Eventually be Exported Transporter SWEET (Walerowski *i wsp.* *Plant Cell* 2018).

oraz zmiany metaboliczne eksudatów floemowych u roślin grochu poddanych stresowi suszy. W pracy wykazano, że rośliny w obliczu, związanych z obniżeniem aktywności metabolicznej, niedoborów węgla i azotu dokonują swego rodzaju „recyclingu” korzystając z aminokwasów oraz cukrów zapasowych. To wszystko wiąże się również z aktywacją mediowanego przez floem długodystansowego przekazu informacji o warunkach stresowych. Praca ukazała się w roku 2021 w czasopiśmie *Plant Journal* (Blicharz i wsp., 2021) i tego samego roku mgr Sara Blicharz uzyskała stopień doktora.

W międzyczasie dwóch doktorantów, Juan Camilo Ochoa oraz Soham Mukhopadhyay, pod okiem Dr Williama Trumana (adiunkta w Zespole Zintegrowanej Biologii Roślin), prowadzili badania nad poszukiwaniem genu odporności na kiłę kapusty u *Arabidopsis thaliana*. Ponad trzyletnia praca zaowocowała identyfikacją i funkcjonalną analizą pierwszego u tego gatunku dominującego, pojedynczego genu *RPB1* warunkującego odporność roślin. Praca ukazała się w czasopiśmie *Plant Journal* w roku 2023 (Ochoa i wsp., 2023). Obaj młodzi naukowcy również uzyskali stopień doktora; obecnie dr Soham Mukhopadhyay pracuje w Laval University, Kanada, a dr Juan Camilo Ochoa w IBB PAN w Warszawie. Inni młodzi naukowcy zatrudnieni w projekcie BIO-TALENT również kontynuują karierę naukową: dr Marcin Olszak w IBB PAN, a dr Piotr Walerowski w bio-medycznym sektorze prywatnym.

W ciągu ośmiu lat Zakład Zintegrowanej Biologii Roślin osiągnął status jednej z głównych międzynarodowych grup badawczych pracujących nad oddziaływaniem pomiędzy *Plasmodiophora brassicae* a roślinami kapustowatymi. To wszystko możliwe było dzięki pasji i entuzjazzmowi członków zespołu. Ważna była również współpraca z ekspertami odpowiednio z zakresu fitopatologii i fizjologii roślin – grupami badawczymi prof. dr hab. Małgorzaty Jędrzycki oraz prof. dr hab. Arkadiusza Kosmali. Pojawiają się kolejne nowe odkrycia, pomysły i projekty. Prawie wszyscy wypromowani pracownicy nadal pracują naukowo w Polsce lub za granicą. W roku 2024 wyniki uzyskanych prac były prezentowane w formie wykładu zaproszonego na konferencji Plant and Animal Genomes w San Diego USA. Zespół w swoim dorobku posiada również prace przeglądowe w prestiżowych czasopismach z zakresu nauk roślinnych (*Molecular Plant Microbe Interactions* – Malinowski i wsp., 2019; *New Phytologist* – Malinowski i wsp., 2024).

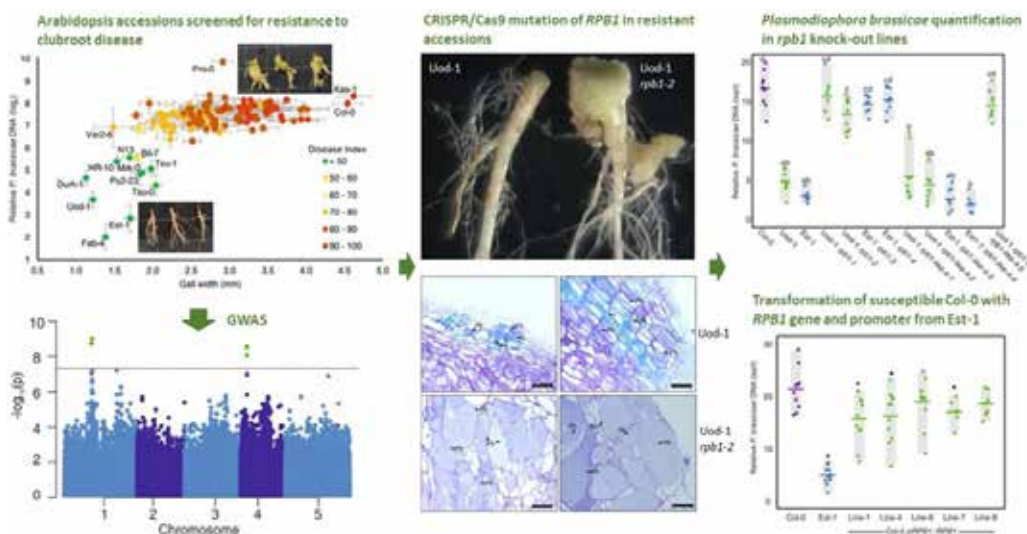
Aktualnie Zakład dysponuje wysokiej klasy mikroskopami (w tym mikroskopem dysekcji laserowej), w pełni zautomatyzowaną platformą do ilościowych oznaczeń zmian ekspresji genów oraz pracownią histologii wykonującą analizy na skrawkach z mikrotomów, kriotomów czy wibratomów.

Z tym ostatnim urządzeniem wiąże się również publikacja zoptymalizowanej metody obserwowania zmian w naroślach z wykorzystaniem techniki ClearSee oraz mikroskopii fluorescencyjnej (Singh i wsp., 2022).

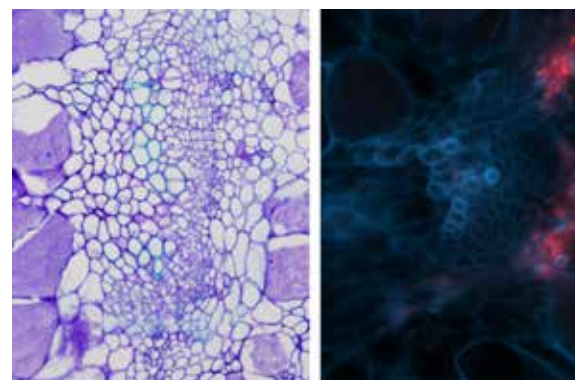
Aktualnie prowadzone są prace dotyczące plastyczności rozwojowej roślinnych tkanek przewodzących oraz ich roli w długodystansowej koordynacji umożliwiającej zmiany adaptacyjne pozwalające na dostosowanie się do niekorzystnych warunków abiotycznych i biotycznych.

Bibliografia:

- Blicharz S. i wsp. 2021. Phloem exudate metabolic content reflects the response to water-deficit stress in pea plants (*Pisum sativum* L.). *Plant J.* 106(5): 1338-1355.
- Malinowski R, Truman W, Blicharz S. 2019. Genius Architect or Clever Thief-How *Plasmodiophora brassicae* Reprograms Host Development to Establish a Pathogen-Oriented Physiological Sink. *Mol Plant Microbe Interact* 32(10): 1259-1266.
- Ochoa JC, Mukhopadhyay S, Bieluszewski T, Jędrzycka M, Malinowski R, Truman W. 2023. Natural variation in *Arabidopsis* responses to *Plasmodiophora brassicae* reveals an essential role for *Resistance to Plasmodiophora brassicae 1 (RPB1)*. *Plant J.* 116(5): 1421-1440.
- Olszak M, Truman W, Stefanowicz K, Sliwiska E, Ito M, Walerowski P, Rolfe S, Malinowski R. 2019. Transcriptional profiling identifies critical steps of cell cycle reprogramming necessary for *Plasmodiophora brassicae*-driven gall formation in *Arabidopsis*. *Plant J* 97(4): 715-729.
- Singh D, Blicharz S, Stefanowicz K, Ragni L, Michalak K, Bagniewska-Zadworna A, Malinowski R. 2022. Combining Clearing and Fluorescence Microscopy for Visualising Changes in Gene Expression and Physiological Responses to *Plasmodiophora brassicae*. *J Vis Exp*(186): e64297.
- Walerowski P, Gündel A, Yahaya N, Truman W, Sobczak M, Olszak M, Rolfe S, Borisjuk L, Malinowski R. 2018. Clubroot Disease Stimulates Early Steps of Phloem Differentiation and Recruits SWEET Sucrose Transporters within Developing Galls. *The Plant Cell* 30(12): 3058-3073.



Identyfikacja genu *RPB1* warunkującego odporność na kiłę kapusty (Ochoa i wsp. *Plant Journal* 2023)



Fragment wiązki przewodzącej w hipokotyli *A. thaliana* zainfekowanego *P. brassicae* zwizualizowany przy pomocy klasycznej mikroskopii świetlnej (po lewej) oraz obrazowania fluorescencyjnego na skrawkach z wibratomu po traktowaniu Clear See (sygnał przedstawia specyficzną dla floemu ekspresję genu HCA2) (Singh i wsp., Jove 2022)

Projekt NANOPLANT

i utworzenie Zakładu Nanotechnologii Roślin



Nanotechnologia roślin zajmuje się zastosowaniami nanomateriałów i ich wpływem na rośliny. Ze względu na zdolność nanomateriałów do poprawy wzrostu i plonów roślin oraz działanie przeciwdrobnoustrojowe oczekuje się, że ich włączanie do środków agrochemicznych (pestycydy, środki grzybobójcze, herbicydy, nawozy itp.) będzie wykorzystane w nowoczesnym inteligentnym rolnictwie. Z drugiej strony rośliny, jako organizmy osiadłe i ściśle powiązane z dwoma głównymi środowiskowymi pochtaniaczami nanomateriałów, a mianowicie wodą i glebą, będą narażone na wpływ agrochemikaliów zawierających nanomateriały. Rośliny są najbardziej narażone na ryzyko związane z obecnością w środowisku nowych materiałów.

Projekt NANOPLANT (nr 856961) "The Creation of the Department of Plant Nanotechnology to Maximise the Impact of the ERA Chair Culture on the IPG PAS" jest realizowany od roku 2019 w ramach programu EU Horyzont 2020, Coordination and Support Action, H2020-ERAC Chairs. Ma na celu wzmocnienie potencjału badawczo-innowacyjnego Instytutu w dziedzinie nanotechnologii. Głównym przejawem tego wzmocnienia jest utworzenie, w roku 2020, Zakładu Nanotechnologii Roślin.

Początków badań w dziedzinie nanotechnologii w IGR PAN należy szukać w działaniu Zespołu Nanobiotechnologii i Biosyntezy Metabolitów Wtórnych, kierowanego przez dr. hab. Franklina Gregory'ego, powstałego w ramach projektu ERA Chairs BIO-TALENT. Dr hab. F. Gregory został następnie koordynatorem projektu NANOPLANT (przejmując tę funkcję od dr Anny Stachowiak-Szrejbrovskiej), a stanowisko ERA Chair Holder NANOPLANT i kierownika Zakładu Nanotechnologii Roślin objął dr Dibyendu Mondal. Personel projektu tworzą pracownicy zatrudnieni formalnie w tymże Zakładzie.

Celem projektu NANOPLANT jest poszerzenie potencjału badawczego zasobów ludzkich IGR PAN, jego zaplecza laboratoryjnego i spektrum zielonych nanomateriałów nowej generacji badanych w jednostce, przy jednoczesnym wspieraniu zastosowań w rolnictwie oraz sektorach chemicznym i farmaceutycznym. Ważnym aspektem jest badanie wpływu opracowanych rozwiązań na środowisko. Jako dziedzina stosunkowo nowa, nanotechnologia roślinna ma liczne nieprzetestowane jeszcze potencjalne ścieżki rozwoju, co jest wykorzystywane w tym projekcie na drodze do innowacji, przy zaangażowaniu zainteresowanych stron na poziomie regionalnym, krajowym i międzynarodowym.

Cele szczegółowe projektu:

1. Zwiększenie potencjału ludzkiego w zakresie nanotechnologii roślinnej.
2. Poprawa kompetencji i wyników badawczych.
3. Pomyślnie wdrożenie nowego, interdyscyplinarnego podejścia badawczego.
4. Doskonalenie organizacji i zarządzania badaniami.
5. Stworzenie ciągłej i silnej sieci współpracy krajowej i międzynarodowej pomiędzy Instytutem a prestiżowymi instytucjami badawczymi.
6. Rozwój silnej współpracy z partnerami sektora publicznego.
7. Organizacja spotkań angażujących szerokie spektrum interesariuszy.
8. Lepsza integracja w Europejskiej Przestrzeni Badawczej poprzez wzmocnienie istniejących powiązań, nawiązanie nowych kontaktów i współpracę z wiodącymi ośrodkami badawczymi w dziedzinie nanotechnologii roślinnej.
9. Zwiększenie udziału Instytutu w projektach badawczych UE.



Warsztaty Nanoplant



Warsztaty Nanoplant

Wśród licznych dotychczasowych aktywności projektu NANO-PLANT należy wymienić:

– Zapraszanie wysokiej klasy naukowców do wygłoszenia w IGR PAN wykładów przedstawiających wyniki badań na styku nanotechnologii i nauk o roślinach, a także innowacje technologiczne i sposoby ich wdrażania. W ostatnim czasie gośćmi IGR PAN byli: Dr Kyeong-Hwan Lee z Dept. of Convergence Biosystems Engineering, dyrektor Agricultural Automation Research Center, Chonnam National University, Korea Południowa; Prof. Pushpito K. Ghosh z Institute of Chemical Technology, Mumbai, dyrektor CSIR-Central Salt and Marine Chemicals Research Institute, Bhavnagar, India; Prof. Arup Ghosh z CSIR-Central Salt and Marine Chemicals Research Institute, Bhavnagar, India; Prof. Qingshan Wei z Department of Chemical and Biomolecular Engineering, North Carolina State University, USA; Prof. Ajayan Vinu, Global Innovation Chair Professor i dyrektor Global Innovative Center for Advanced Nanomaterials, University of Newcastle.

– Zapraszanie wysokiej klasy specjalistów do przeprowadzenia w IGR PAN warsztatów i prezentacji poszerzających kompetencje zespołu w sferach okołonaukowych. Podczas takich spotkań przedstawiano m.in. ramy prawne praw własności intelektualnej w nanotechnologii (Jan Dobrzański, polski i europejski rzecznik patentowy oraz pełnomocnik ds. patentów europejskich), biznes i startupy deeptechowe (Prof. Samuel Gnana Prakash Vincent, koordynator Parku Badawczego Uniwersytetu Manonmaniam Sundaranar), spektrometrię TXRF (Dr Nicolas Schaeffer z Uniwersytetu w Aveiro i dr Mónia Martins z Instituto Politécnico de Bragança), komunikację w nauce (Dr Eliza Kania z Brunel University London) czy obecność kobiet w nauce (Prof. Iwetta Andruszkiewicz z Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu).

– Promocję projektu i jego wyników na konferencjach i targach branżowych. Zespół uczestniczył w roku 2022 w konferencji 3rd Conference of Advances in Green Chemistry – AGChem w Poznaniu; w 4th World Nanotechnology Conference; w roku 2023 w 6th International Conference on Functional Nanomaterials and Nanodevices NANOMAT w Warszawie; w konferencji „NanoTech Poland 2023” w Poznaniu; w 9th Congress On Ionic Liquids w Villeurbanne, Lyon, Francja; w roku 2024 w 8th Green & Sustainable Chemistry Conference, Drezno, Niemcy; w konferencji „NanoTech Poland 2024” w Poznaniu.

– Popularyzację wiedzy w społeczeństwie. Zespół zorganizował w roku 2023 warsztaty dla młodzieży z Liceum Ogólnokształcącego nr 2 w Poznaniu i warsztaty dla uczniów Szkoły Podstawowej nr 69 w Poznaniu.

– Nawiązywanie kontaktów z innowacyjnymi firmami z sektora nano- i biotechnologii.

Zespół NANOPLANT prowadzi badania naukowe przy wykorzystaniu finansowania uzyskanego w sposób konkursowy. ERA-Chair Holder, dr Dibyendu Mondal, jest kierownikiem projektu NCN SONATA 17 2021/43/D/ST4/00699 “NanoBioCat: Developing biopolymer-based enzyme nano-construct (protein friendly ionic liquids assisted) with improved efficacy against multiple stresses for tandem biocatalysis”. W tematykę nanotechnologii wpisuje się też projekt badawczy kierowany przez koordynatora NANOPLANT, dr hab. Franklina Gregory’ego, NCN Opus 23 2022/45/B/NZ9/02135, “NANO-HORMESIS: Nanoparticle-mediated Hormetic Dose Response in Hypericum species: How do plants perceive engineered metal nanoparticles and translate their concentration into a quantitative response?”.

Zespół publikuje swoje wyniki badań w czasopismach wysoko notowanych w dziedzinie chemii, nauk biologicznych i rolniczych, nanotechnologii i biotechnologii, m.in. w Green Chemistry, Chemical Communications, Chemical Reviews, ACS Sustainable Chemistry and Engineering, Science of The Total Environment, Chemosphere i Industrial Crops & Products.



Wizyta International Advisory Board



Warsztaty dla dzieci



Stoisko promocyjne podczas konferencji Nanomat 2023, Warszawa

Projekt INCREASE

i eksperyment nauki obywatelskiej



Projekt UE Horyzont 2020 "INCREASE – Inteligentne kolekcje zasobów genowych roślin strączkowych ważnych w żywieniu człowieka w europejskich systemach rolno-spożywczych" (nr 862862), w którym jednym z partnerów jest IGR PAN, jest realizowany od roku 2020. Celem projektu jest opracowanie innowacyjnych narzędzi ochrony różnorodności biologicznej oraz jej wykorzystanie w rolnictwie w Europie. Prace koncentrują się na czterech gatunkach roślin strączkowych, ważnych w żywieniu człowieka: fasoli, ciecierzycy, soczewicy i łubinie. Ponadto, w ramach projektu testowane jest zdecentralizowane podejście do ochrony, zarządzania i charakteryzowania zasobów genetycznych roślin strączkowych, poprzez badania partycypacyjne, z udziałem obywateli i obywateli UE.

Projekt opiera się na czterech filarach: I) innowacyjnych rozwiązaniach w zarządzaniu danymi o zasobach genetycznych; II) opracowaniu nowatorskich narzędzi i zasad zarządzania zasobami genetycznymi; III) zastosowaniu najnowocześniejszych technologii genotypowania i fenotypowania w połączeniu z potencjałem sztucznej inteligencji; IV) międzynarodowej współpracy, z udziałem partnerów w Europie i spoza Europy, a także organizacji międzynarodowych, mającej na celu poprawę dostępności i wykorzystania zasobów genetycznych roślin strączkowych.



W IGR PAN są realizowane zadania projektu INCREASE związane z opracowaniem czystych linii łubinów (*Lupinus albus* i *L. mutabilis*) i ich charakterystyką przy zastosowaniu wysokoprzepustowych metod genotypowania i fenotypowania roślin (na poziomie klasycznym – morfologicznym i na poziomie molekularnym, tj. transkryptomu i metabolomu oraz sekwencjonowania całego genomu).

Zespół bierze także udział w prowadzonych w projekcie przedsięwzięciach z zakresu nauki obywatelskiej. Jest to eksperyment, którego wykonawcami są obywatelki i obywatele otrzymujący nasiona fasoli zwyczajnej, zbierający dane fenotypowe w środowisku specyficznym dla ich miejsca zamieszkania. Głównym celem inicjatywy jest przetestowanie zdecentralizowanego zarządzania zasobami genetycznymi roślin.

Komisja Europejska przyznała projektowi INCREASE główną nagrodę EU dla Nauki Obywatelskiej 2024 – jako wyraz uznania wpływu projektu i jego wybitnych osiągnięć w przyczynianiu się do tworzenia pluralistycznego, inkluzywnego i zrównoważonego społeczeństwa w Europie oraz wspierania wiedzy poprzez wzmacnianie pozycji społeczeństwa obywatelskiego.



Koordynatorem projektu INCREASE jest prof. Roberto Papa z Polytechnic University of Marche, Włochy. Grupą projektową w IGR PAN kieruje dr hab. Karolina Susek. Projekt jest realizowany w Zakładzie Genetyki Roślin Strączkowych kierowanym przez dr hab. Magdalenę Kroc.

Journal of Applied Genetics

Czasopismo zostało założone w roku 1960 z inicjatywy prof. Stefana Barbackiego pod nazwą *Genetica Polonica*. Redaktorami naczelnymi byli kolejno: prof. Stefan Barbacki (1960-1979), prof. Tadeusz Ruebenbauer (1980-1991), prof. Zygmunt Kaczmarek (1992-2000) i prof. Marek Świtoński (2000-2022). Od roku 2023 redaktorem naczelnym jest prof. Łukasz Stępień (IGR PAN).

Redaktorami działów są:

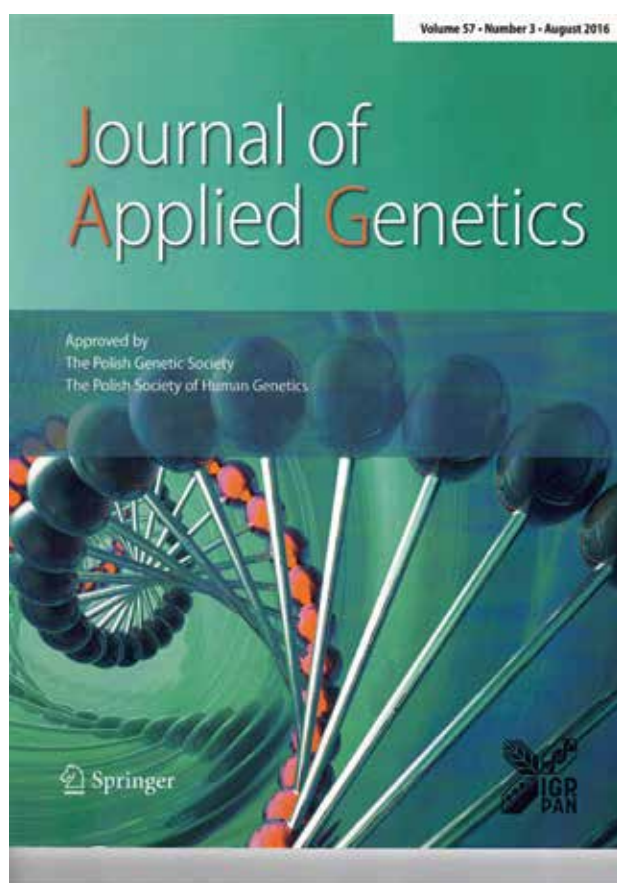
genetyka roślin – dr hab. Izabela Pawłowicz (IGR PAN),

genetyka człowieka – prof. dr hab. n. med. Ewa Ziętkiewicz (Instytut Genetyki Człowieka PAN),

genetyka zwierząt – prof. dr hab. Tomasz Strabel (Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu),

genetyka drobnoustrojów – prof. dr hab. Agnieszka Szalewska-Pałasz (Uniwersytet Gdański).

JAG publikuje recenzowane prace oryginalne, krótkie komunikaty oraz artykuły przeglądowe koncentrujące się na badaniach aplikacyjnych nad wszelkimi aspektami genetyki i genomiki roślin, ludzi, zwierząt i drobnoustrojów. Jest czasopismem o zasięgu światowym, indeksowanym przez Web of Science, Scopus i przez inne systemy bibliograficzne.



Artykuły mogą być publikowane w systemie Open Access z licencją Creative Commons Attribution 4.0 International License.

Od roku 2011 wydawcą JAG jest platforma Springer. Na stronie wydawcy dostępne są artykuły opublikowane od roku 2006.

Uchwałą Prezydium Kapituły Medalu im. Michała Oczapowskiego z dnia 20 września 2021 r. Journal of Applied Genetics został odznaczony Medalem im. Michała Oczapowskiego.



Aparatura badawcza

zakupiona w ostatnich kilku latach



Analizator wielkości cząstek



Automatyczna stacja do Izolacji DNA i RNA



Aparat do izolacji kwasów nukleinowych



AZURE AZI 600 system obrazowania



Automatyczny mikrotom wibrujący Leica



Bioanalyzer 2100



Czytnik mikroplatek



Fast Gene FAS-Digi PRO



Komora nablutowa do pracy z RNA



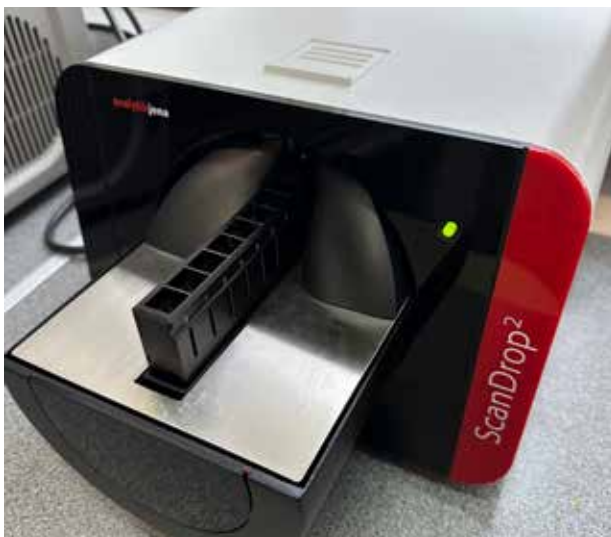
Mikrotom rotacyjny półautomatyczny Leica HistoCore Multicut



Miernik wielopigmentowy MPM - 100



Porometr SC-1



ScanDrop z adapterem na kuwety



Skaner laserowy Typhoon FLA 9500



Sonicator Q705 z sondą



Spektrofotometr Nanodrop ONEc



Spektrometr dichroizmu kołowego



Spektrofotometr UV-1900i



Spektrometr fluorescencji rentgenowskiej



Termocykler do RT-qPCR w czasie rzeczywistym



Termocykler do Digital PCR QIAcuity One 2plex PLT-BAS-2



Fot. 1. Zadrzewienia wprowadzone na teren Instytutu kształtują siedliska sprzyjające rozwojowi gatunków roślin pochodzących ze zbiorowisk leśnych.

Zarys szaty roślinnej Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu

Bogdan Jackowiak

Zakład Botaniki Systematycznej i Środowiskowej,
Wydział Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu,
ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań
bogjack@amu.edu.pl

Jubileusz siedemdziesięciolecia Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu (dalej: Instytut) stanowi okazję do świętowania oraz podsumowania działalności naukowo-badawczej i organizacyjnej. Wraca się do historii, wspomina ludzi, którzy tworzyli Instytut, nadawali mu kształt, decydowali o jego sukcesach i rozwoju. Odpowiadając na zaproszenie Dyrekcji Instytutu chciałbym podzielić się moimi obserwacjami i refleksjami na temat szaty roślinnej (flory i roślinności), pokrywającej siedzibę Instytutu przy ul. Strzeszyńskiej w Poznaniu. Zasadniczy akcent będzie położony na rośliny naczyniowe (w zasadzie kwiatowe), które występują spontanicznie, czyli bez intencjonalnego wpływu człowieka, gospodarza tego terenu, a niekiedy wbrew jego woli. Flora i roślinność spontaniczna nie jest jednak odizolowana od roślin wprowadzonych świadomie i w określonym celu na teren Instytutu, tworzących tzw. zieleni urządzoną, a także od roślin będących przedmiotem badań genetycznych prowadzonych w Instytucie. Aby lepiej ją odczytać i zrozumieć trzeba w odpowiednim zakresie uwzględnić również te dwa komponenty szeroko tutaj rozumianej szaty roślinnej.

Instytut zajmuje znaczące miejsce na naukowej mapie Poznania. Przystępując do obserwacji szaty roślinnej pokrywającej jego siedzibę zadawałem sobie pytanie o miejsce i rolę jaką pełni ona w układzie ekologicznym intensywnie rozwijającego się miasta. Kilka tez dotyczących tego ważnego, bo wybiegającego poza Instytut zagadnienia, przedstawię w końcowej części artykułu.

Położenie i historia siedziby Instytutu na tle rozwijającego się miasta

Z wielu ważnych dat w historii Instytutu na czoło wybijają się¹: (1) utworzenie Zakładu Hodowli Roślin PAN w 1954 roku, który nie miał swojej siedziby, lecz mieścił się w różnych pomieszczeniach, głównie należących do Wyższej Szkoły Rolniczej; (2) połączenie w 1961 roku Zakładu Hodowli Roślin PAN z istniejącym od 1952 roku Zakładem Genetyki PAN w Skierniewicach; w wyniku fuzji powstał Zakład Genetyki Roślin PAN z lokalizacją w Poznaniu; (3) uzyskanie przez Zakład Genetyki Roślin PAN w 1970 roku siedziby przy ulicy Strzeszyńskiej w Poznaniu; (4) powołanie w 1979 roku Instytutu Genetyki Roślin PAN, zlokalizowanego w obecnej siedzibie.

Instytut leży w północno-zachodniej części Poznania, zwanej Podolany. Teren Instytutu położony jest na wysoczyźnie morenowej falistej², która w środkowej Wielkopolsce stanowi naturalne podłoże dla siedlisk łąkowych, zajmowanych przez lasy liściaste, dębowo-grabowe *Galio sylvatici-Carpinetum*³. Jeszcze w latach 60-tych XX wieku, zanim teren został przejęty przez Zakład Genetyki Roślin PAN, dominowały w tej części miasta użytki rolne. W najbliższej okolicy Instytutu przeważały gleby żytne bardzo dobre i dobre, wykształcone na piaskach gliniastych lekkich i mocnych⁴. W tym podmiejskim krajobrazie rolniczym wyróżniały się już wówczas dwie blisko położone „wyspy zieleni wysokiej” utworzone wokół obiektów wchodzących w skład systemu fortyfikacji poznańskich. Teren siedziby zmienił zasadniczo swoje oblicze w wyniku prac budowlanych prowadzonych na nim w latach 1968–1970. W kolejnych latach bardzo dynamicznie zmieniał się krajobraz w otoczeniu Instytutu i sąsiadujących z nim instytutów naukowych: Instytutu Genetyki Człowieka PAN (IGCz) i Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin (IHAR). Aktualnie w tej części miasta przeważają powierzchnie zabudowane, przede wszystkim obiektami o charakterze magazynowym, usługowym i produkcyjnym.

Rośliny jako obiekt badań w Instytucie

Domeną działalności Instytutu są badania naukowe w zakresie genetyki roślin, ze szczególnym uwzględnieniem potrzeb rolnictwa¹. Podejmując w tym artykule refleksję historyczną nad szatą roślinną siedziby Instytutu postawił sobie pytanie dotyczące badanych w nim roślin, bowiem część z nich zajmuje znaczącą powierzchnię na polatkach doświadczalnych, a niektóre mogą – przynajmniej potencjalnie – rozprzestrzeniać się poza miejsce ich uprawy. Korzystając z wykazu opracowanego przez Profesora Zbigniewa Zwierzykowskiego⁵ można sformułować kilka wniosków istotnych z florystycznego punktu widzenia.

Przedmiotem badań genetycznych prowadzonych w Instytucie w latach 1961–2024 było co najmniej 427 gatunków i odmian roślin, w tym ponad 270 gatunków, które przygotowywano do analizy w jego poznańskiej siedzibie (na polatkach, w szklarniach lub fitotronach). Pozostałe taksony były badane we współpracy międzynarodowej i nie były uprawiane w Instytucie. W grupie interesującej nas tutaj 270 gatunków dominują rośliny zielne, wyjątkowo zajmowano się krzewami (*Salix purpurea*, *S. viminalis*).

Badane w Instytucie gatunki należą do 67 rodzajów i 12 rodzin. Zdecydowanie najliczniej reprezentowane są dwie rodziny: bobowate (Fabaceae) – 129 gatunków z 26 rodzajów oraz wiechlinowate – trawy (Poaceae) – 75 gatunków z 23 rodzajów. W dalszej kolejności znajdują się: psiankowate (Solanaceae) – 27 gatunków, kapustowate (Brassicaceae) – 12, dziurawcowate (Hypericaceae) – 11 i krwawnicowate (Lythraceae) – 8. Na kolejnych pozycjach znajdują się astrowate (Asteraceae) i wierzbowate (Salicaceae) – po 2 gatunki oraz konopiowate (Cannabaceae), goździkowate (Caryophyllaceae), inowate (Linaceae) i różowate (Rosaceae) – po 1 gatunku. Największym zainteresowaniem cieszyły się cztery rodzaje roślin bobowatych: łubin *Lupinus* – 34 gatunki, wyka *Vicia* – 18, groszek *Lathyrus* – 17 i koniczyna *Trifolium* – 16 gatunków. Badania traw obejmowały najwięcej taksonów z czterech rodzajów: pszenica *Triticum* – 12 gatunków, aegilops *Aegilops* i życica *Lolium* – po 8 gatunków oraz kostrzewa *Festuca* – 7 gatunków, w tym *F. arundinacea* z czterema formami o różnej ploidalności.

Wykaz badanych w Instytucie roślin obejmuje 41 gatunków rodzimych w Polsce i 20 antropofitów, czyli gatunków obcego pochodzenia trwale zdomowionych w naszym kraju. Wśród tych ostatnich znajdują się archeofity – 8 gatunków zawleczonych przed końcem XV wieku oraz kenofity – 12 gatunków zdomowionych w późniejszym okresie, przede wszystkim w XIX–XXI wieku. Uwagę zwraca też obecność na liście badanych roślin 16 obcych geograficznie gatunków, które poza uprawami pojawiają się tylko efemerycznie.

Zieleń urządzona

Poletka doświadczalna, szklarnie i budynki Instytutu, otoczone są zielenią urządzoną, której kształt nadawano dwukrotnie. Pierwsze założenia opracował prof. Bolesław Sękowski w 1973 roku⁶. Projekt uzupełniający przygotowała w 1996 roku inż. Maria Tukałło⁷. Współczesna architektura i kompozycja zieleni urządzonej w zasadniczym zarysie odpowiada tym założeniom.

Zgodnie z planem prof. B. Sękowskiego od strony ul. Strzeszyńskiej występuje rząd topoli włoskich *Populus nigra* 'Italica'. Od strony północnej (wzdłuż granicy z IHAR) rozciąga się pas zieleni izolacyjnej złożony z gatunków drzew



Fot. 2. Fragment łąki będącej siedliskiem wielu gatunków traw oraz różnorodnych bylin o barwnych kwiatach przyciągających liczne owady. Warto kontynuować ekstensywne zabiegi pielęgnacyjne (2-3 krotne koszenie).

iglastych, takich jak: świerk srebrny *Picea pungens*, sosna czarna *Pinus nigra*, daglezwia zielona *Pseudotsuga menziesii*, oraz liściastych, m.in. brzoza zwisała *Betula pendula* i klon zwyczajny *Acer platanoides*. W centrum zabudowanej części Instytutu dużą powierzchnię zajmują trawniki, które – jak podkreślała inż. M. Tukałto z perspektywy 20 lat – były dobrze pielęgnowane. Przed głównym gmachem występowały wówczas kwietniki obsadzone roślinami jednorocznymi⁷.

Celem projektu opracowanego w roku 1996 było uzupełnienie szaty roślinnej, która wykazywała zmiany i ubytki⁷. Projekt zakładał między innymi: (1) oddzielenie pasem zieleni izolacyjnej terenu Instytutu od strony południowej, tj. od sąsiedniej posesji, poprzez obsadzenie jej daglezwia zieloną *P. menziesii* w 2 rzędach oraz brzozą zwisałą *B. pendula* na załamaniach linii parkanu; (2) wzbogacenie oprawy centralnie położonego trawnika, poprzez wprowadzenie grupy drzew i krzewów iglastych oraz dosadzenie drzew liściastych stosując gatunki już tam rosnące; (3) obsadzenie trwałą zielenią budynku B (tzw. stodoły); (4) zadrzewienie terenu za trafostacją dla osłonięcia tego budynku, a także parkingu oraz uzupełnienie zieleni parkingu klonami zwyczajnymi i osłonięcie go żywopłotem z cisa pośredniego *Taxus media*; (5) zakrzewienie pasa pod napowietrzną linią energetyczną gatunkami kwitnącymi wiosną, takimi jak: forsycja pośrednia *Forsythia intermedia* i tawuła japońska *Spiraea japonica* 'Macrophylla'; (6) obsadzenie betonowych słupów krzewami forsycji; (7) zasłonięcie śmietnika wysokimi krzewami liściastymi, takimi jak: pęcherznica kalino-listna *Physocarpus opulifolius* i tawuła van Houtte'a *Spiraea × vanhouttei*.

Znaczące uzupełnienie zieleni urządzonej, wpisujące się w poprzednie projekty, miało miejsce w 2013 r. i zostało wykonane przez pracowników Instytutu. W tym czasie posadzono różne gatunki krzewów, m.in. w otoczeniu budynku A-D i B. Ponadto, w latach 2007–2008 na nowo założono połowę centralnego trawnika (Z. Zwierzykowski – inf. ustna).

Zróżnicowanie siedlisk przyrodniczych

Zajęcie terenu rolniczego przez Instytut i jego zagospodarowanie pod kątem prowadzonej działalności naukowej, wprowadzenie zieleni urządzonej i wieloletnie zarządzanie terenem decydują o siedliskach przyrodniczych dostępnych dla spontanicznie występujących tutaj roślin i innych organizmów. Obecnie można wyróżnić 11 rodzajów siedlisk.

1) Zadrzewienia (Fot. 1) – siedliska kształtowane przez jedno- lub wielogatunkowe skupiny kilkudziesięcioletnich drzew iglastych i liściastych, posadzonych głównie w celach ozdobnych lub izolacyjnych. Występują wzdłuż granicy siedziby Instytutu, przy większości budynków i wzdłuż drogi betonowej, rozdzielają powierzchnie asfaltowe przeznaczone na parking i dawny kort tenisowy oraz basen, tworzą ramę zamykającą centralnie położony trawnik. Zadrzewienia przy granicy terenu mają kształt liniowy o co najwyżej kilkumetrowej szerokości. Formę kępową przyjmują zadrzewienia w części centralnej i w okolicy śmietnika.

Zadrzewienia iglaste utworzone są przez takie gatunki jak: świerk srebrny *P. pungens*, sosna czarna *P. nigra*, daglezwia zielona *P. menziesii*, jodła kalifornijska *Abies concolor*, modrzew *Larix* sp. i żywotniki *Thuja* sp. W skład

zadrzewień liściastych wchodzi między innymi: topola włoska *P. nigra* 'Italica', klon zwyczajny w kilku odmianach *Acer platanoides*, jawor *A. pseudoplatanus*, klon jesionolistny *A. negundo*, lipa krymska *Tilia euchlora* i lipa drobnotlistna *T. cordata*, brzoza zwisła *B. pendula*, kasztanowiec pospolity *Aesculus hippocastanum*, wierzba zwisająca *Salix elegantissima*, śliwa wiśniowa *Prunus cerasifera*, czereśnia *Prunus avium*, jarząb pospolity *Sorbus aucuparia* i jarząb szwedzki *S. intermedia*.

Skupiny drzew iglastych są na ogół silniej zwarte niż drzew liściastych, przestrzeń pod okapem ich koron jest zwykle mocno zacieniona, mało dostępna dla roślin pojawiających się spontanicznie w tym dla obsiewających się drzew i krzewów. Dotyczy to w szczególności skupin świerka srebrnego *P. pungens*.

2) Zakrzewienia iglaste i liściaste – siedliska kształtowane przez jedno- lub wielogatunkowe skupiny krzewów, posadzonych w celach ozdobnych, okrywowych i maskujących mniej efektowne elementy infrastruktury technicznej. Rozmieszczone są podobnie jak zadrzewienia i często w bezpośrednim z nimi kontakcie. Zwykle tworzą silnie zwartą okrywę roślinną, co znacząco ogranicza wnikanie gatunków rozprzestrzeniających się spontanicznie.

Zakrzewienia iglaste zbudowane są między innymi z kosodrzewiny *Pinus mugo*, cisa pośredniego *T. media*, jałowca chińskiego *Juniperus chinensis*, j. sabińskiego *J. sabina* i j. wirginijskiego *J. virginiana*. Zakrzewienia liściaste utworzone są przez takie gatunki jak: czeremcha amerykańska *Padus serotina*, dereń biały *Cornus alba*, forsycja pośrednia *Forsythia x intermedia*, tawuła japońska *Spiraea japonica* i t. van Houtte'a *S. x vanhouttei*, bukszpan wieczniezielony *Buxus sempervirens*, berberys Thunberga *Berberis thunbergii*, lilak pospolity *Syringa vulgaris*, głóg jednoszyjkowy *Crataegus monogyna*, ligustr pospolity *Ligustrum vulgare*, a także, lecz rzadziej, przez pęcherznicę *Physocarpus opulifolius* i perukowiec podolski *Cotinus coggygria*.

3) Łąka świeża (Fot. 2) – to siedlisko umiarkowanie wilgotne do dość suchego, wykształcone na podłożu mineralnym, zdominowane przez wysokie trawy, koszone 2-3 razy w ciągu roku. Zajmuje niewielką powierzchnię, częściowo ocienioną przez drzewa rosnące wzdłuż granicy z IGCz.

4) Murawy kserofilne (Fot. 3) – siedliska suche lub bardzo suche wykształcające się na lokalnych wzniesieniach terenu, w miejscach niezagospodarowanych lub nie obsianych trawą. Siedliska muraw kserofilnych występują także na centralnym trawniku, szczególnie w strefie oddziaływania drzew i krzewów powodujących osuszanie intensywnie nasłonecznionego podłoża.

5) Trawniki (Fot. 4) – siedliska suche, założone po raz pierwszy ponad pół wieku temu, okresowo zasilane wodą, regularnie koszone (przynajmniej 5-6 krotnie w ciągu roku). Intensywność zabiegów i formy pielęgnacji zmieniały się w całym okresie funkcjonowania tych siedlisk. Trawnik centralny, którego część zakładana była dwukrotnie, to obecnie mozaika siedlisk zróżnicowanych pod względem warunków abiotycznych, głównie wilgotnościowych. Ich odzwierciedleniem są dwa rodzaje zbiorowisk roślinnych: dywanowe i murawowe.



Fot. 3. Murawa z kocankami piaskowymi *Helichrysum arenarium* – siedlisko roślin kserofilnych, przystosowanych do pełnego nasłonecznienia i ograniczonego dostępu wody.



Fot. 4. Trawniki zajmują znaczącą powierzchnię siedliska i wykazują dużą różnorodność gatunkową roślin. W toku wieloletniej, systematycznie zakładanej koszenia sukcesji, zostały zdominowane przez gatunki z rodziny bobowatych (Fabaceae).



Fot. 5. Przdyżoża i miedze są siedliskiem wielu gatunków roślin rozsiewanych z trawników, poletek doświadczalnych, a także gatunków swoistych dla flory ruderalnej, takich jak widoczny na pierwszym planie jęczmień płonny *Hordeum murinum* – gatunek obcego pochodzenia zaliczany do archeofitów.

6) Przdyżoża, obrzeża poletek doświadczalnych (miedze), pasma między szklarniami (Fot. 5) – siedliska rozdzielające powierzchnie o różnych funkcjach, wykształcone na podłożach o zróżnicowanym składzie mechanicznym. Pasma między szklarniami i przynajmniej niektóre przdyżoża swego czasu były obsiane mieszkanką traw, ale nie były tak intensywnie pielęgnowane jak trawniki, szczególnie centralny.

7) Przypłocia – siedliska wąskopasmowe, rozciągające się wzdłuż ogrodzenia siedziby Instytutu. Zajmują podłoże o bardzo różnorodnym składzie mechanicznym, trudne do pielęgnacji ze względu na ograniczony dostęp dla odpowiednich narzędzi.

8) Pola uprawne – poletka doświadczalne (Fot. 6) – siedliska kształtowane pod kątem uprawianych na nich roślin. Zabiegi agrotechniczne są dostosowane do specyfiki gatunków badanych w Instytucie. Obecnie poletka zajmują znaczącą powierzchnię terenu Instytutu, przede wszystkim w części niezbudowanej.

9) Składowiska ziemi i odpadów organicznych wraz z otaczającym je nieużytkiem (Fot. 7) – siedliska wyniesione ponad powierzchnię gruntu o przemieszonym składzie mechanicznym, wzbogacane w związki organiczne w procesie rozkładu składowanego materiału roślinnego. Przynajmniej raz w roku porastająca je roślinność jest koszona.

10) Place i drogi utwardzone (Fot. 8) – siedliska wykształcające się na podłożach zawierających komponenty sztuczne użyte do utwardzenia, a także znajdujące się pod ciągłą lub okresowo silną presją mechaniczną, w tym pojazdów mechanicznych.

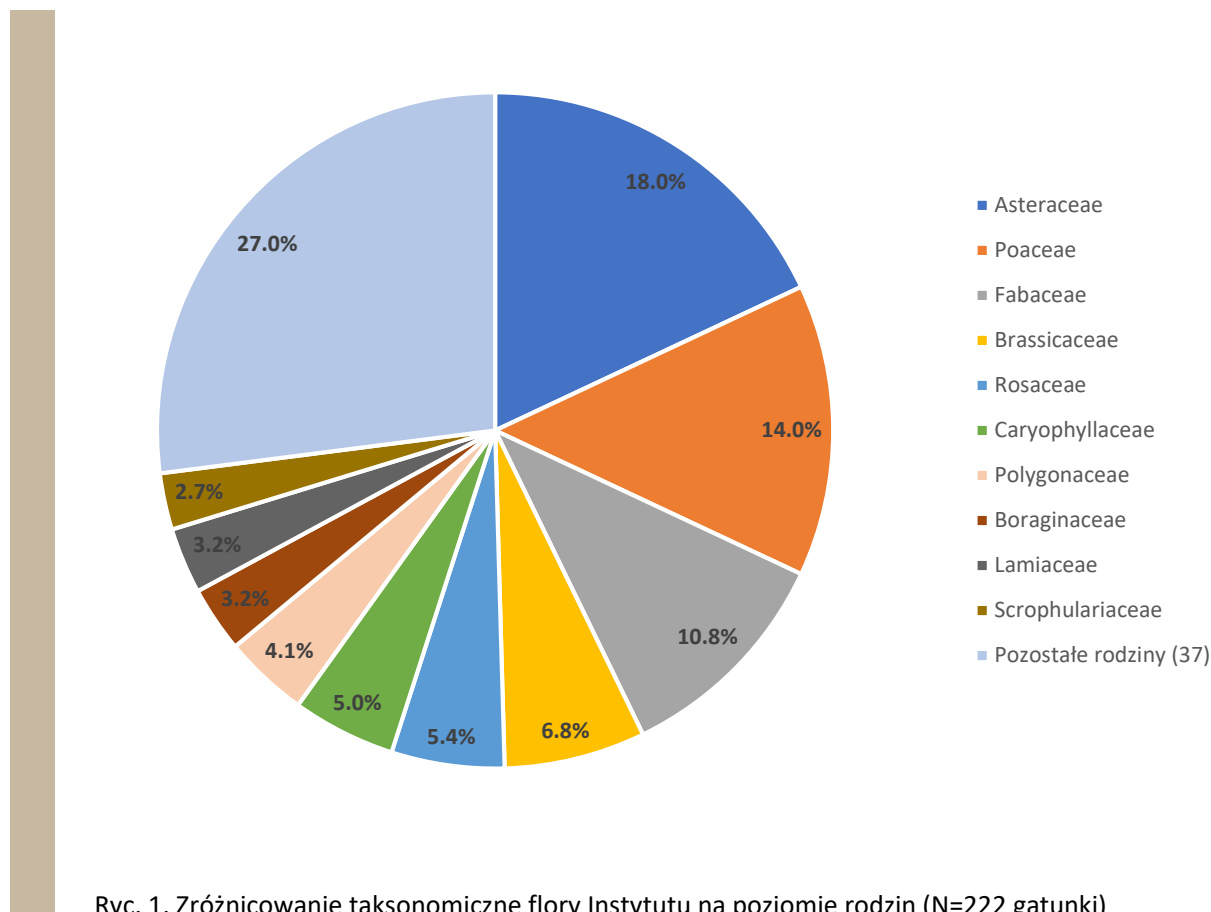
11) Mikrosiedliska – grupa siedlisk zajmujących niewielkie powierzchnie, charakteryzujących się szczególnie trudnymi, często ekstremalnymi warunkami abiotycznymi, nadal jednak dostępne dla roślin naczyniowych; np. szczeliny w murach i asfalcie, wybetonowany basen, betonowy zbiornik wodny.

Na terenie Instytutu brak siedlisk naturalnych. Nie ma tutaj zbiorników i cieków wodnych osadzonych w gruncie. Teren jest płaski, w większości silnie nasłoneczniony. O zróżnicowaniu siedlisk decydują sposoby i natężenie wywieranej na nie presji antropogenicznej. Ma ona wpływ na przebieg sukcesji ekologicznej, a więc także na strukturę flory i roślinności spontanicznej. W 9-stopniowej skali hemerobii, która jest miarą oddziaływania człowieka na środowisko przyrodnicze⁸, siedliska zlokalizowane na terenie Instytutu mieszczą się w zakresie od 5 do 9. Stopień 5, reprezentowany przez łąkę i fragmenty muraw kserofilnych, oznacza umiarkowany efekt antropopresji, natomiast stopień 9, obejmujący mikrosiedliska, wskazuje maksymalne natężenie presji antropogenicznej.

Rośliny naczyniowe występujące spontanicznie na terenie Instytutu

Zróżnicowanie taksonomiczne flory

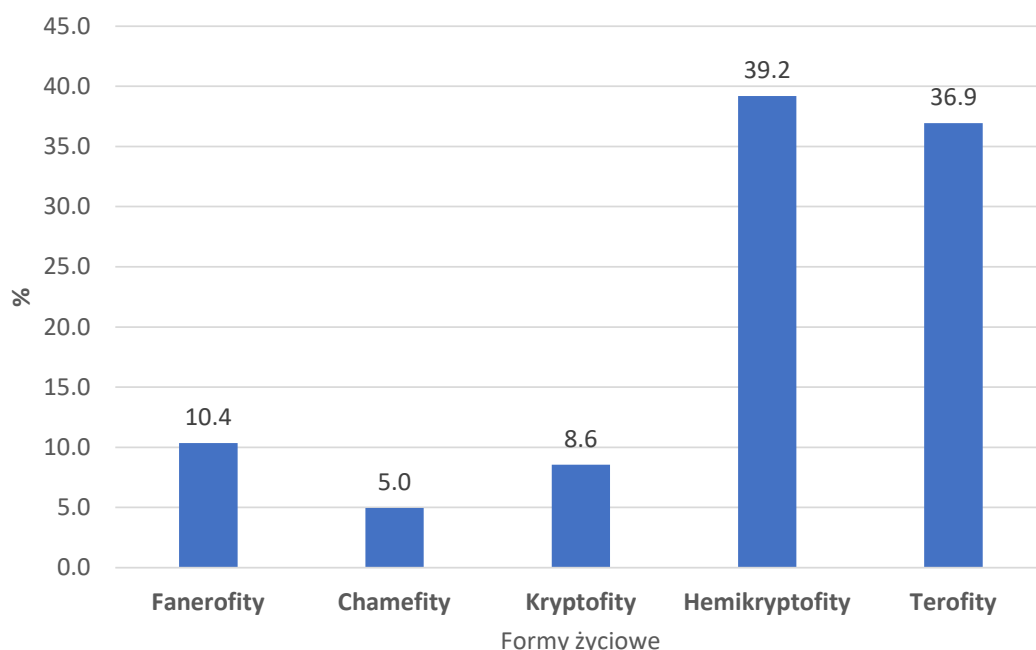
W 2024 roku stwierdzono na terenie Instytutu 222 gatunki roślin naczyniowych, co stanowi około 21% współczesnej flory Poznania⁸. Zważywszy na to, że średnia liczba gatunków występujących na powierzchni 1 km² wynosi w granicach miasta około 150⁹ można uznać, że jest to liczba względnie wysoka. Gatunki te reprezentują 47 rodzin, przy czym 73,0% gatunków należy do 10 rodzin. Najbogatsze w gatunki są astrowate (Asteraceae), wiechlinowate – trawy (Poaceae) oraz bobowate (Fabaceae) (ryc. 1).



Ryc. 1. Zróżnicowanie taksonomiczne flory Instytutu na poziomie rodzin (N=222 gatunki)

Spektrum form życiowych roślin

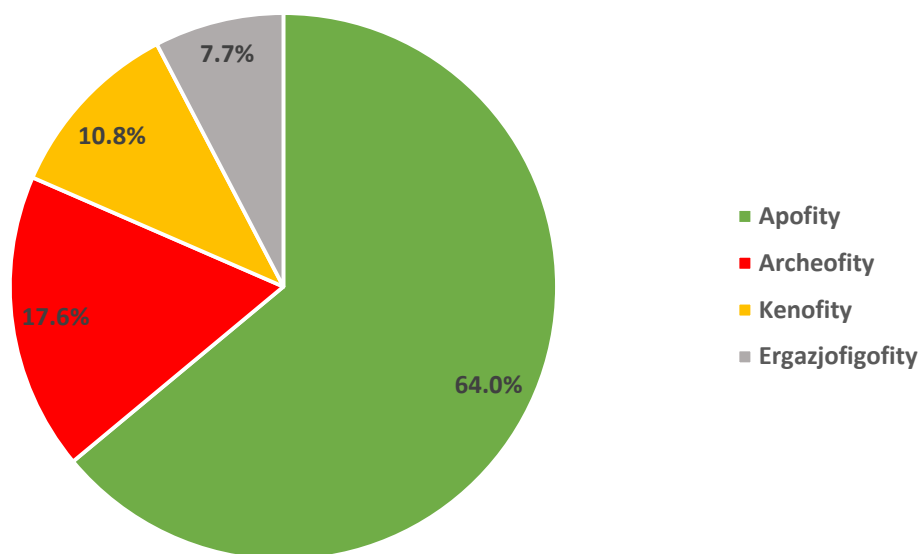
We florze Instytutu są reprezentowane główne grupy form życiowych roślin ujęte w klasyfikacji C. Raunkiaera, w tym rośliny wieloletnie: fanerofity (jawnopączkowe), chamefity (niskopączkowe), hemikryptofity (naziemnopączkowe), kryptofity (skrytopączkowe) oraz jednoroczne terofity (ryc. 2). Największy udział hemikryptofitów, w głównej mierze bylin, odzwierciedla tak ważny status tych roślin w całej strefie klimatu umiarkowanego, natomiast bardzo duże znaczenie terofitów wskazuje już na specyfikę flory obszaru pozbawionego siedlisk naturalnych i seminaturalnych, poddanego od wieków silnej antropopresji. W odniesieniu do drzew i krzewów (fanerofitów) warto podkreślić, że na ich udział składają się przede wszystkim formy juwenilne, pochodzące z miejscowego obsiewu drzew posadzonych w ramach urządzania zieleni.



Ryc. 2. Spektrum form życiowych roślin we florze Instytutu (n=222 gatunki)

Pochodzenie geograficzno-historyczne gatunków

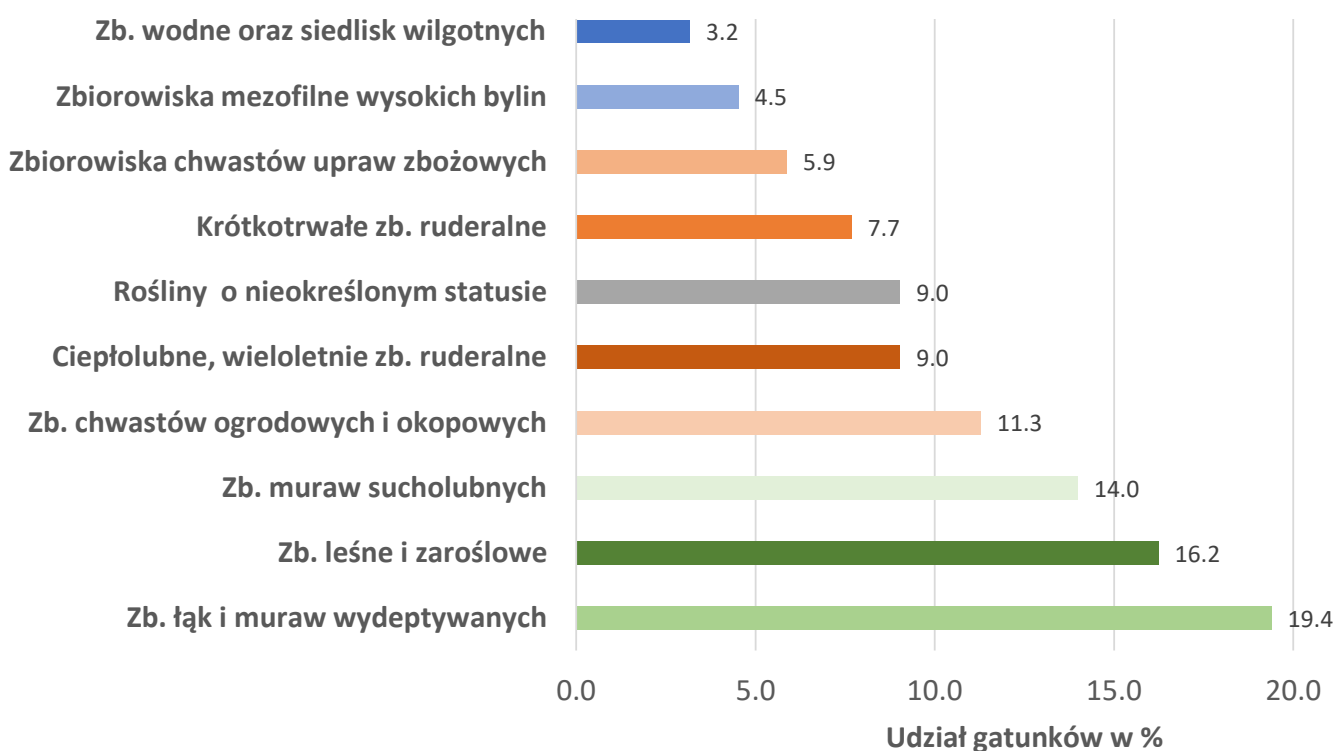
Efektom braku siedlisk naturalnych na terenie Instytutu jest w pełni synantropijna struktura flory, w której uwzględnia się pochodzenie geograficzno-historyczne gatunków (rys. 3). Oznacza to, iż nawet w grupie dominujących gatunków rodzimych znajdują się wyłącznie rośliny od dawna związane z człowiekiem i przystosowane do różnorodnych form antropopresji (apofity). Silnie synantropijny charakter miejscowej flory podkreśla dodatkowo relatywnie wysoki wskaźnik udziału gatunków obcego pochodzenia (antropofitów), wynoszący 36%. Przeważają wśród nich rośliny zawleczone na teren Polski przed końcem XV wieku (archeofity), przede wszystkim ze zbożem. Mniejszy jest udział nowszych przybyszów (kenofitów), zdomowionych w Polsce w XIX i XX wieku. Grupę gatunków obcego pochodzenia uzupełniają rośliny rozprzestrzeniające się z miejsc ich uprawy (ergazjofigofity), ale niezdolne jeszcze do utrzymywania się na nowych siedliskach.



Ryc. 3. Spektrum geograficzno-historyczne flory Instytutu (n=222 gatunki)

Struktura fitosocjologiczno-ekologiczna flory

Wiernym odbiciem zróżnicowania siedlisk na terenie Instytutu jest struktura fitosocjologiczno-ekologiczna flory, uwzględniająca związki gatunków ze zbiorowiskami roślinnymi i warunkami abiotycznymi, w których się one wykształcają. Jak można zauważyć, zasadniczy zrąb flory tworzą gatunki łąkowe i murawowe, obejmujące łącznie ok. 33,3% (ryc. 4). Wprowadzone w ramach urządzania zieleni skupiny drzew i krzewów stwarzają warunki siedliskowe dostępne dla 36 gatunków z natury leśnych. Poletka doświadczalne są domeną dwóch grup fitosocjologiczno-ekologicznych, związanych ze zbiorowiskami segetalnymi, przy czym wyraźnie zaznacza się przewaga chwastów upraw ogrodowych i okopowych nad chwastami upraw zbożowych. Zbiorowiska ruderalne są reprezentowane przez gatunki wieloletnie, przywiązane do siedlisk suchych oraz w nieco mniejszym zakresie przez gatunki jednoroczne, tworzące zespoły krótkotrwale. Niewielki jest udział zbiorowisk budowanych przez mezofilne byliny, a marginalną rolę odgrywają gatunki siedlisk podmokłych i wilgotnych.



Ryc. 4. Struktura fitosocjologiczno-ekologiczna flory Instytutu (n=222 gatunki); zb. - zbiorowisko

Zależności między głównymi komponentami szaty roślinnej Instytutu

Uzyskanie przez Zakład Genetyki Roślin PAN własnej siedziby, a następnie utworzenie Instytutu, otworzyło zupełnie nowe możliwości i perspektywy badawcze. Równoległe z integracją i rozwojem naukowym tej jednostki toczył się proces formowania szaty roślinnej na zajętych wówczas terenach. Kiedy przyglądamy się jej z perspektywy 50 lat to zauważamy, że rośliny będące przedmiotem badań, zieleń urządzona oraz roślinność spontaniczna stanowią układ o licznych, w tym ekologicznych i taksonomicznych powiązaniach. Relacje pomiędzy tymi komponentami są różnej natury.

Zwróćmy najpierw uwagę na kilka przykładów dotyczących relacji ekologicznych między roślinami badanymi w Instytucie i składnikami roślinności spontanicznej:

- 1) Część z badanych w Instytucie roślin uprawia się na specjalnie w tym celu urządzonych poletkach, które stają się także siedliskiem chwastów odpornych na zabiegi agrotechniczne. Oczywiście są więc relacje między takimi badanymi roślinami jak łubin *Lupinus* sp., miskant *Miscanthus* sp. czy kostrzewa trzcinowa *Festuca arundinacea*, a chwastami typu szarłat szorstki *Amaranthus retroflexus*, jasnota różowa *Lamium amplexicaule*, rumianek bezpromieniowy *Chamomilla suaveolens* czy palusznik nitkowaty *Digitaria ischaemum*.
- 2) Niektóre z uprawianych w celach badawczych roślin wykazują tendencję do rozprzestrzeniania się poza miejsca hodowli, wchodząc w ten sposób w skład lokalnej flory spontanicznej; np. proso różgowe *Panicum virgatum* czy rożnik przerośnięty *Silphium perfoliatum*. W tym miejscu pojawia się nawet pytanie ogólniejsze, czy hodowle te mogą stać się źródłem dalszej ekspansji takich roślin.

Jeszcze wyraźniejszy jest wpływ zieleni urządzonej na roślinność spontaniczną, dokonujący się w sposób bezpośredni przez zasilenie flory rozprzestrzeniającymi się gatunkami roślin wcześniej wysianych lub posadzonych oraz pośredni poprzez oddziaływanie na siedlisko. Relacje te można zilustrować dwoma przykładami.

- 1) Bezpośredni wpływ zieleni urządzonej na florę i roślinność spontaniczną polega między innymi na tym, że część posadzonych drzew i krzewów obsiewa się zarówno w pobliżu roślin macierzystych jak również z dala od miejsca uprawy, a następnie przechodzi kolejne fazy rozwoju. Dotyczy to zarówno gatunków rodzimych, np. klona zwyczajnego *A. platanoides*, jak też drzew i krzewów obcego pochodzenia, takich jak klon jesionolistny *A. negundo* czy czeremcha amerykańska *P. serotnia*. Uruchamia to bardzo ważny i godny uwagi proces kształtowania zbiorowisk roślinnych w kierunku leśno-zaroślowym.



Fot. 6. Poletka doświadczalne są siedliskiem wielu gatunków chwastów, przede wszystkim związanych z uprawami okopowymi; np. żółtocy drobnokwiatowej *Galinsoga parviflora*, pochodzącej z Ameryki Środkowej i Południowej, sprowadzonej do Europy pod koniec XVIII.



Fot. 7. Na wysypisku ziemi i odpadów organicznych, w czerwcu, można obserwować zakwity gatunków zawleczonych do Polski w różnych okresach i z różnych stron świata. Razem występują tam między innymi archeofity – np. mak polny *Papaver rhoeas*, mak wątpliwy *P. dubium*, maruna bezwonna *Matricaria maritima* subsp. *inodora* oraz kenofity – np. stulisz Loesela *Sisymbrium loeseli* i przymiotno kanadyjskie *Conyza canadensis*

2) Pośredni wpływ zieleni urządzonej na roślinność spontaniczną manifestuje się bardzo ciekawie na głównym trawniku Instytutu. Obecnie przedstawia on mozaikę zbiorowisk roślinnych, których skład gatunkowy i struktura dalece odbiegają od stanu pierwotnego. Efekty tego są widoczne nie tylko z poziomu oczu, ale także na zdjęciach satelitarnych. Miejsce dość jednolitego trawnika zbudowanego z kilkunastu gatunków i odmian traw z rodzajów *Lolium*, *Festuca* i *Poa* zajmują zbiorowiska złożone z co najmniej 50 gatunków w większości roślin dwuliściennych. W poszerzającej się strefie oddziaływania drzew tworzących ramę trawnika wykształciły się zbiorowiska roślin kserofilnych z takimi gatunkami jak jastrzębiec kosmaczek *Hieracium pilosella* i pięciornik srebrny *Potentilla argentea*. Szczególnie ten pierwszy gatunek wykazuje dużą ekspansywność, wykorzystując nie tylko osuszanie siedliska, ale także swoje właściwości biologiczne. Bylina ta jest bardzo dobrym modelem do badania znaczenia rozrodu klonalnego i płciowego¹⁰, wpływu mikoryzy na rozmnażanie płciowe¹¹ oraz apomiksji gametofitowej¹². Na trawniku Instytutu można też zaobserwować „rywalizację” między klonalnym jastrzębcem a szczawiem polnym *Rumex acetosella* – wiatropylnym, dwupiennym geofitem korzeniowym.

W końcu warto zwrócić uwagę na kilka przykładów z grupy kilkudziesięciu gatunków badanych w laboratoriach i występujących dziko, niejako równolegle na terenie Instytutu. Ta relacja ma głównie charakter zbieżności taksonomicznej. Poniżej podano kilka przykładów.

1) Spontanicznie występuje na terenie Instytutu rzodkiewnik pospolity *Arabidopsis thaliana* – gatunek modelowy wykorzystywany między innymi w badaniach molekularnych i fizjologicznych mechanizmów adaptacji do stresu niskiej temperatury lub niedoboru wody¹. Rzodkiewnik dziko rosnący zajmuje szeroki wachlarz siedlisk: od poletek doświadczalnych, poprzez przydroża, wysypiska ziemi, gorzej pielęgnowane fragmenty trawników do utwardzonych placów i szczelin w asfalcie.

2) Istotną rolę w strukturze zbiorowisk roślinnych odgrywają badane w Instytucie gatunki z rodziny bobowatych (Fabaceae), w szczególności koniczyna białoróżowa *Trifolium hybridum*, koniczyna biała *T. repens*, komonica zwyczajna *Lotus corniculatus*, które spontanicznie występują na trawnikach i przydrożach, a także wyka kosmata *Vicia villosa* licznie obserwowana na poletkach doświadczalnych, przypłociach i na wysypisku.

3) Trzecią grupą gatunków o dużym znaczeniu w badaniach laboratoryjnych a jednocześnie występujących spontanicznie na terenie Instytutu są trawy (Poaceae), w tym: kupkówka pospolita *Dactylis glomerata*, kostrzewa trzinowa *F. arundinacea*, kostrzewa czerwona *F. rubra* i życica trwała *Lolium perenne*, które rosną dziko na łące, trawnikach i przydrożach, a także dwa gatunki stokłosa: s. dachowa *Bromus tectorum*, występująca masowo na nieużytku w części gospodarczej oraz s. płonna *B. sterilis*, który oprócz tego spotykana jest na kilku innych siedliskach.

Szata roślinna Instytutu w krajobrazie miasta

Pół wieku rozwoju szaty roślinnej na terenie Instytutu przy ul. Strzeszyńskiej ugruntowało jego pozycję w krajobrazie północnej części Poznania. W poprzednim rozdziale starano się wykazać, że trzy główne grupy występujących tutaj roślin, pomimo swojej specyfiki, stanowią organiczną całość. W przestrzeni Instytutu ciekawie współbrzmia ich główne funkcje: naukowa, roślin badanych eksperymentalnie, wielorakie funkcje zieleni urządzonej (np. środowiskotwórcza, estetyczna,) oraz funkcja bioindykacyjna roślin występujących spontanicznie. Jest to „symbioza” zasługująca na uwagę, tym bardziej, że niezbyt często jest dostrzegana i podkreślana w przypadku tego typu obiektów. Zwykle eksponuje się funkcje przepisane jednemu z komponentów, który uznaje się za charakterystyczny dla danego typu obiektu (np. parku czy ogrodu botanicznego).

Spoglądając na szatę roślinną Instytutu z tak szerokiej perspektywy warto zwrócić uwagę na jej rosnące znaczenie ekologiczne w krajobrazie północnej części miasta, w szczególności coraz bardziej zabudowanych Podolan. Już obecnie, rozwijająca się w Instytucie szata roślinna tworzy obok zieleni wysokiej, towarzyszącej pobliskim fortyfikacjom, istotną powierzchnię czynną biologicznie. Wydaje się, iż warto rozważyć możliwość dalszego wzbogacenia tej funkcji.

Unikatowa koegzystencja trzech składników szaty roślinnej Instytutu zasługuje na uwagę także z edukacyjnego punktu widzenia, otwiera bowiem zupełnie nową możliwość popularyzacji wiedzy przyrodniczej w oparciu o trzy komponenty, modele roślinne znajdujące się w Instytucie w tak bliskiej i interesującej relacji.



Fot. 8. Utwardzone i przesuszone place składowe są zasiedlane najpierw przez porosty, mchy i rośliny jednoroczne. W kolejnej fazie sukcesji dużą rolę odgrywają gatunki z rodziny bobowatych (Fabaceae), m.in. lucerna nerkowata *Medicago lupulina* i wyka kosmata *Vicia villosa*.

Podziękowania

Serdecznie dziękuję za zaproszenie do czynnego udziału w Jubileuszu 70-lecia Panu prof. dr hab. Pawłowi Krajewskiemu – Dyrektorowi Instytutu Genetyki Roślin PAN oraz zastępcom dyrektora – Pani prof. dr hab. Barbarze M. Naganowskiej i Panu prof. dr hab. Arkadiuszowi Kosmali. Panu prof. dr hab. Zbigniewowi Zwierzykowskiemu uprzejmie dziękuję za udostępnienie informacji o roślinach badanych w Instytucie i dyskusję. W opracowaniu pomocne były informacje przekazane przez Pana mgr. Piotra Woźniaka, zastępcę d.s. administracyjnych oraz przez Pana Tomasza Krysiaka.

Przypisy:

- 1) Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Informator, 2014 – wydany z okazji Jubileuszu 60-lecia Instytutu (red. L. Błaszczyk, A. Kuczyńska, A. Stachowiak-Szrejbrowska, Z. Zwierzykowski). Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań 2014.
- 2) Bartkowski T. 1977. Fizjografia Poznania. W: Początki i rozwój Starego Miasta w Poznaniu w świetle badań archeologicznych i urbanistyczno-architektonicznych (red. W. Błaszczyk). Bibl. Fontes Archeolog. Posnaniensis, 3: 19-35.
- 3) Wojterski T., Wojterska H., Wojterska M. 1981. Mapa potencjalnej roślinności naturalnej środkowej Wielkopolski. Bad. Fizjogr. nad Polską Zach., 32: 7-35.
- 4) Mapa glebowo-rolnicza Poznania i okolic. https://sipwww.pl/imapclient/#gmap=gpSIPWW_MapaGlebowo_Rolnicza
- 5) Zwierzykowski Z. 2024. Gatunki roślin wykorzystane w badaniach prowadzonych w Instytucie Genetyki Roślin PAN w Poznaniu w latach 1961-2024 (mskr.).
- 6) Sękowski B. 1973. Plan urządzenia terenów zieleni IGR PAN, ul. Strzeszyńska. Skala 1:500.
- 7) Tukało M. 1996. Projekt szaty roślinnej dla terenu Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu przy ul. Strzeszyńskiej 34. Poznań, lipiec 1996 (mskr.).
- 8) Jackowiak B. 1990. Antropogeniczne przemiany flory roślin naczyniowych Poznania. Wyd. Nauk. UAM. Seria Biologia, 42, 232pp. Poznań.
- 9) Jackowiak B. 1998. Struktura przestrzenna flory dużego miasta. Studium metodyczno-problemowe. Bogucki Wyd. Nauk. Prace ZTR UAM, 8, 222pp.
- 10) Winkler E., Stöcklin J. 2002. Sexual and Vegetative Reproduction of *Hieracium pilosella* L. under Competition and Disturbance: a Grid-based Simulation Model, *Annals of Botany*, 89, 5, 525–536, doi: <https://doi.org/10.1093/aob/mcf075>.
- 11) Dominiak-Świgoń M., Kasprzykowski Z., Lembicz M. 2021. Changes in the growth and reproduction of a clonal plant as a result of disruption of mycorrhizal network. *Plant and Fungal Systematics* 66(2): 195–200. doi: <https://doi.org/10.35535/pfsyst-2021-0017>.
- 12) Bicknell R, Gaillard M, Catanach A, McGee R, Erasmus S, Fulton B and Winefield C (2023) Genetic mapping of the LOSS OF PAR-THENOGENESIS locus in *Pilosella piloselloides* and the evolution of apomixis in the Lactuceae. *Front. Plant Sci.* 14:1239191. doi: 10.3389/fpls.2023.1239191.

Spis treści

List Dyrektora Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk	3
Dyrekcja Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk	5
Struktura Organizacyjna	5
Kierownictwo IGR PAN w latach 2012–2024	6
Zakłady Naukowe 2015–2020	6
Zakłady Naukowe i Laboratoria 2021–2024	7
Rys historyczny	8
Działalność naukowa	10
Rada Naukowa IGR PAN kadencji 2023–2026	12
Zakłady naukowe i laboratoria	13
Zakład Biologii Roślin i Nanotechnologii	14
Zakład Biometrii i Bioinformatyki	16
Zakład Biotechnologii Roślin	18
Zakład Fenomiki Zbóż	20
Zakład Fizjologii Roślin	22
Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin	24
Zakład Genomiki Roślin Strączkowych	26
Zakład Interakcji Roślina-Patogen	28
Zakład Mikrobiomiki Roślin	30
Zakład Nanotechnologii Roślin	32
Zakład Regulacji Ekspresji Genów	34
Zakład Struktury i Funkcji Genów	36
Zakład Zintegrowanej Biologii Roślin	38
Laboratorium Multiomiki	40
Administracja i obsługa Instytutu Genetyki Roślin PAN	42
Poznańska Szkoła Doktorska Instytutów Polskiej Akademii Nauk	44
Baza doświadczalna	45
Projekt BIO-TALENT i powstanie Zakładu Zintegrowanej Biologii Roślin	46
Projekt NANOPLANT i utworzenie Zakładu Nanotechnologii Roślin	48
Projekt INCREASE i eksperyment nauki obywatelskiej	50
Journal of Applied Genetics	51
Aparatura badawcza	52
Zarys szaty roślinnej Instytutu Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	56
Spis treści	68



Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk

ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

tel. (+48 61) 65 50 255

e-mail: office@igr.poznan.pl

www.igr.poznan.pl

ISBN 978-83-85583-34-9