



Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk



INFORMATOR

Poznań 2014

**Instytut Genetyki Roślin
Polskiej Akademii Nauk**

I N F O R M A T O R

Poznań 2014

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk

Informator, 2014

– wydany z okazji Jubileuszu 60-lecia Instytutu

Redakcja:

Lidia Błaszczuk,
Anetta Kuczyńska,
Anna Stachowiak-Szrejbrowska,
Zbigniew Zwierzykowski

Autorzy fotografii:

Anetta Kuczyńska, Łukasz Stępień, Piotr Krybus

© Instytut Genetyki Roślin PAN
Poznań 2014

ISBN 978-83-64246-22-7

Przygotowanie do druku, druk i oprawa:
Wydawnictwo-Drukarnia ProDRUK
ul. Błażeja 3, 61-699 Poznań

Spis treści

Dyrekcja Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk	4
Z kart historii Instytutu	5
Instytut dzisiaj	7
Rada Naukowa Instytutu Genetyki Roślin PAN w kadencji 2011-2014	8
Zakład Biologii Stresów Środowiskowych	11
Zespół Regulacji Ekspresji Genów	12
Zespół Sygnalizacji Stresowej	14
Zespół Cytogenetyki i Fizjologii Molekularnej Traw	16
Zespół Genetyki Odżywiania się Roślin i Fizjologii Plonu	18
Zakład Biometrii i Bioinformatyki	21
Zespół Biometrii i Bioinformatyki	22
Zespół Ewolucji Funkcji Systemów Biologicznych	24
Zakład Biotechnologii	27
Zespół Fenotypowania i Genotypowania Zbóż	28
Zespół Bioinżynierii	30
Zespół Roślin Energetycznych	32
Zespół Biochemii i Technologii Zbóż	34
Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin	37
Zespół Genetyki Patogenów i Odporności Roślin	38
Zespół Interakcji Roślina-Mikroorganizm	40
Zespół Metabolomiki	42
Zakład Genomiki	45
Zespół Genomiki Strukturalnej i Funkcjonalnej Roślin Strączkowych	46
Zespół Genomiki Porównawczej Roślin Strączkowych	48
Zespół Genomiki Zbóż	50
Środowiskowe Studium Doktoranckie	52
Administracja	53
Sekretariat	53
Dział finansowo-księgowy	53
Dział gospodarczo-techniczny	54
Pole doświadczalne w Cerekwicy	54
Dział zaopatrzenia	55
Biblioteka	55
Wydawnictwo	56
Lokalny Punkt Kontaktowy ds. Programów Ramowych Unii Europejskiej	56
Sukcesy Instytutu Genetyki Roślin PAN	57
Utworzenie Zakładu Zintegrowanej Biologii Roślin	57
Projekt POLAPGEN-BD	57
System Prognozowania Epidemii Chorób	58
Human Resources Excellence in Research	59
Działalność Promująca Naukę	60
Lista kontaktowa	62

Dyrekcja Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk



Dyrektor

prof. dr hab. Bogdan Wolko
e-mail: bwol@igr.poznan.pl
tel.: (+48 61) 65 50 225



Zastępca dyrektora ds. naukowych

prof. dr hab. Piotr Kachlicki
e-mail: pkac@igr.poznan.pl
tel.: (+48 61) 65 50 264



Zastępca dyrektora ds. ogólnych

prof. dr hab. Zbigniew Zwierzykowski
e-mail: zzwi@igr.poznan.pl
tel.: (+48 61) 65 50 230

Z kart historii Instytutu

W 1954 roku z inicjatywy profesora Stefana Barbackiego został utworzony Zakład Hodowli Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu. Powstanie Zakładu było realizacją idei profesora Barbackiego stworzenia w Wielkopolsce silnego centrum nauk rolniczych. Powstały Zakład nie miał swojej siedziby – mieścił się w różnych pomieszczeniach, głównie należących do Wyższej Szkoły Rolniczej w Poznaniu. W 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. Profil naukowo-badawczy Zakładu Genetyki Roślin PAN związany był z jednej strony z genetyką roślin uprawnych i dziedzinami pokrewnymi, takimi jak cytologia, fizjologia i biochemia, a z drugiej strony z hodowlą, doświadczalnictwem i biometrią, przede wszystkim 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.

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 problematykę dotyczącą kultur *in vitro*. Była ona związana z analizą procesów różnicowania tkanek i komórek, metodami otrzymywania haploidów i linii podwojonych haploidów poprzez androgenezę i gynogenezę oraz eliminacji chromosomów u zbóż, traw i roślin motylkowatych. Metody *in vitro* wykorzystano także do otrzymywania mieszańców oddalonych poprzez kultury niedojrzałych zarodków

uzyskiwanych z krzyżowań międzygatunkowych i międzyrodzajowych. Nowatorskie były też badania nad zastosowaniem mutacji indukowanych za pomocą fizycznych i chemicznych środków mutagennych, w celu poszerzenia zmienności gatunków uprawnych. Tematyka badawcza uwzględniała aspekty powstawania mutacji i zwiększania ich częstotliwości, a także pozyskiwania mutantów do analizy genetycznej i programów praktycznej hodowli.

Z dniem 30 stycznia 1979 roku Prezydium Polskiej Akademii Nauk 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 tematyce badawczej Instytutu. Zastosowanie nowych metod przy użyciu nowoczesnej aparatury pozwoliło 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 (tendencji) w badaniach genetycznych, molekularnych i biochemicznych, zmianom ulegały również pracownie Instytutu zarówno pod względem realizowanej w nich tematyki badawczej, jak i składu osobowego oraz nazwy.

W latach 1970-2012 w Zakładzie Genetyki Roślin PAN, a od 1979 roku w Instytucie Genetyki Roślin PAN działały następujące Pracownie:

- Pracownia Cytogenetyki (1970-2009) → Pracownia Cytogenetyki i Biologii Molekularnej (2009-2012);
kierownik: prof. dr hab. Tadeusz Kazimierski (1970-1998), prof. dr hab. Zbigniew Zwierzykowski (1998-2011), dr hab. Arkadiusz Kosmala (2012).
- Pracownia Heterozji i Transgresji (1970-1992) → Pracownia Genetyki Ilościowej (1992-2012);
kierownik: prof. dr hab. Stefan Barbacki (1970-1973), dr Gertruda Kurhańska (1973-1979), prof. dr hab. Tadeusz Adamski (1980-2012).

- Pracownia Mutagenyzy (1970-2000) → Pracownia Analizy Genomu (2000-2012);
kierownik: prof. dr Mirosław Małuszyński (1970-1975), dr Henryk Patyna (1976-1992), prof. dr hab. Wojciech Świącicki (1992-2012).
- Pracownia Statystyki Matematycznej (1970-1973) → Pracownia Metod Matematycznych w Genetyce (1973-1993) → Pracownia Biometrii (1993-2012);
kierownik: prof. dr hab. Tadeusz Caliński (1970-1973), prof. dr hab. Zygmunt Kaczmarek (1973-2009), prof. dr hab. Paweł Krajewski (2009-2012).
- Pracownia Zasobów Genowych Roślin Uprawnych (1970-1974);
kierownik: dr Bogusław Molski (1970-1974).
- Pracownia Genetyki Analitycznej (1971-1973);
kierownik: prof. dr hab. Edmund Malinowski (1971-1973).
- Pracownia Embriologii i Hodowli Tkanek Roślinnych (1971-2005);
kierownik: prof. dr hab. Maciej Zenkteler (1971-1981), dr Barbara Wojciechowska (1981-2005).
- Pracownia Fizjologii Roślin (1971-1972) → Pracownia Genetyki Fizjologicznej i Biochemicznej (1972-2002) → Pracownia Genetyki Biochemicznej (2002-2004 i 2010-2012);
kierownik: prof. dr hab. Janina Przybylska (1971-2002), prof. dr hab. Tadeusz Rorat (2002-2004), prof. dr hab. Bolesław Salmanowicz (2010-2012)
- Pracownia Genetyki Populacji (1971-1991);
kierownik: prof. dr hab. Jerzy Szweykowski (1971-1973), prof. dr hab. Zygmunt Kaczmarek (1973-1991).
- Pracownia Immunogenetyki (1972-1980) → Pracownia Inżynierii Genetycznej (1980-2000) → Pracownia Biologii Molekularnej (2000-2009);
kierownik: prof. dr hab. Ignacy Wiatroszak (1972-1995), prof. dr hab. Jerzy Chełkowski (1995-2009).
- Pracownia Genetyki Odporności (1972-2012);
kierownik: doc. dr hab. Irena Frencl (1972-1998), prof. dr hab. Małgorzata Jędrzycka (2000-2012).
- Pracownia Mieszkańców Międzygatunkowych (1973-1986) → Pracownia Mieszkańców Oddalonych (1986-2012);

kierownik: prof. dr hab. Stanisław Sulinowski (1973-1990), doc. dr hab. Barbara Barcikowska (1990-1999), prof. dr hab. Wojciech Sodkiewicz (1999-2008), prof. dr hab. Halina Wiśniewska (2008-2012).

- Pracownia Genetyki Molekularnej (1979-2004) → Pracownia Proteomiki (2004-2009);
kierownik: doc. dr hab. Sławomir Bartkowiak (1979-2009).
- Pracownia Genomiki Funkcjonalnej (2004-2012);
kierownik: prof. dr hab. Tadeusz Rorat (2004-2012).
- Pracownia Genomiki Strukturalnej (2004-2012);
kierownik: prof. dr hab. Bogdan Wolko (2004-2011), prof. dr hab. Barbara Naganowska (2012).
- Pracownia Metabolomiki (2010-2012);
kierownik: prof. dr hab. Piotr Kachlicki (2010-2011), dr hab. Łukasz Stępień (2012).

Kadra Kierownicza

W latach 1954-1973 Zakładem Hodowli Roślin PAN (1954-1961) i Zakładem Genetyki Roślin PAN (1961-1973) kierował prof. dr hab. Stefan Barbacki.

Począwszy od 1973 roku, dyrektorami Instytutu Genetyki Roślin PAN byli:

- prof. dr hab. Ignacy Wiatroszak (1973-1985 i 1990-1993),
- prof. dr hab. Stanisław Sulinowski (1985-1990),
- prof. dr hab. Jerzy Chełkowski (1993-2003),
- prof. dr hab. Wojciech Świącicki (2004-2011).

W tym czasie funkcje zastępców dyrektora pełnili:

prof. dr hab. Mirosław Małuszyński (1969-1975), prof. dr hab. Stanisław Sulinowski (1973-1984), prof. dr hab. Tadeusz Kazimierski (1984-1988), doc. dr hab. Irena Frencl (1988-1991), dr Henryk Patyna (1984-1988), prof. dr hab. Janina Przybylska (1990-1993), prof. dr hab. Wojciech Świącicki (1991-2003), prof. dr hab. Zygmunt Kaczmarek (1993-2007), prof. dr hab. Maria Surma (2003-2011), prof. dr hab. Bogdan Wolko (2007-2011).

Od 1 stycznia 2012 roku dyrektorem Instytutu jest prof. dr hab. Bogdan Wolko, a funkcję zastępców dyrektora pełnią: prof. dr hab. Piotr Kachlicki i prof. dr hab. Zbigniew Zwierzykowski.

Instytut dzisiaj

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk (IGR PAN) w Poznaniu to liczący się ośrodek naukowo-badawczy w regionie i kraju. Dzięki prowadzonym badaniom z zakresu genetyki, genomiki, proteomiki i biotechnologii roślin uprawnych oraz szerokiej naukowej współpracy krajowej i międzynarodowej, zajmuje on również znaczące miejsce wśród ośrodków naukowych Europejskiej Przestrzeni Badawczej.

Misją Instytutu jest prowadzenie prac badawczych w zakresie nauk biologicznych i rolniczych ze szczególnym uwzględnieniem genetyki roślin, upowszechnianie wyników tych badań oraz współpraca z podmiotami gospodarczymi w zakresie stosowania uzyskiwanych materiałów roślinnych oraz metod badawczych w praktyce rolniczej.

Rozwój Instytutu w nadchodzących latach, jako nowoczesnej placówki naukowej zyskującej uznanie na poziomie krajowym i międzynarodowym, wymaga stałego podnoszenia innowacyjności prowadzonych badań. W ostatnich latach zostały one ukierunkowane na kilka priorytetowych obszarów badawczych. Biorąc pod uwagę aktualny stan prowadzonych prac i możliwości rozwoju nowych, innowacyjnych kierunków badawczych, do takich obszarów zaliczono genomikę gatunków roślin uprawnych, genetyczne podstawy odporności na stropy biotyczne i abiotyczne, genetykę obliczeniową i biotechnologię. Przyjęcie tych założeń dało podstawę do nowej struktury organizacyjnej Instytutu, w ramach której, w miejsce działających dotychczas dziesięciu pracowni, utworzono 5 zakładów: Zakład Biologii Stresów Środowiskowych, Zakład Biometrii i Bioinformatyki, Zakład Biotechnologii, Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin oraz Zakład Genomiki. Specjalizują się one w dziedzinach badań określonych jako priorytetowe dla Instytutu. Kadra naukowa Zakładów działa w ramach zespołów badawczych kierowanych przez liderów, a zespoły badawcze,

jako plastyczne, mogące się reorganizować grupy, są tworzone w celu realizacji konkretnych zadań zarówno w ramach badań statutowych, jak również projektów badawczych i badawczo-rozwojowych, krajowych i międzynarodowych.

Bardzo ważną częścią aktywności naukowej IGR PAN jest współpraca międzynarodowa. Pracownicy Instytutu prowadzą współpracę z zagranicznymi ośrodkami naukowymi w ramach UE i w innych krajach (Australia, Chiny, Kanada, USA). Należy w tym miejscu zaznaczyć, że ten rodzaj działalności uzyskał w ostatnim czasie istotne wsparcie w postaci przyznania przez Komisję Europejską grantu na utworzenie Katedry Europejskiej Przestrzeni Badawczej (FP7-ERACHairs-PilotCall-2013). Projekt ERA-Chairs zatytułowany „The Creation of the Department of Integrative Plant Biology” (akronim BIO-TALENT) ma na celu utworzenie w naszym Instytucie nowego zakładu – Zakładu Zintegrowanej Biologii Roślin, który stanowić będzie grupa naukowców o światowej renomie, zatrudnionych w wyniku procedury konkursowej. Projekt ten będzie realizowany w IGR PAN od 2014 roku przez okres pięciu lat.

IGR PAN zapewnia naukowcom atrakcyjne środowisko pracy, realizację zaleceń zawartych w Europejskiej Karcie Naukowca oraz Kodeksie Postępowania przy Rekrutacji Pracowników Naukowych. Zostało to dofinansowane przez Komisję Europejską, która przyznała IGR PAN prawo do posługiwania się prestiżowym logo HR Excellence in Research.

Oddając do rąk Czytelników niniejsze opracowanie mam nadzieję, iż zaprezentowane w nim informacje pozwolą bliżej poznać nasz Instytut i zachęcą Państwa do nawiązywania i zacieśniania z nim współpracy.

Bogdan Wolko
Dyrektor Instytutu

Rada Naukowa Instytutu Genetyki Roślin PAN w kadencji 2011-2014



Przewodniczący

prof. dr hab. Franciszek Dubert
– Instytut Fizjologii Roślin im. Franciszka Górskiego PAN w Krakowie

Zastępcy przewodniczącego

prof. dr hab. Tadeusz Adamski
– Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu
prof. dr hab. Wiesław Prus-Głowacki
– Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

Sekretarz

dr Aurelia Ślusarkiewicz-Jarzina
– Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu

Członkowie Rady Naukowej (spoza IGR PAN)

prof. dr hab. Andrzej Anioł
– Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin-PIB w Radzikowie
prof. dr hab. Iwona Bartkowiak-Broda
– Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin-PIB oddz. w Poznaniu
prof. dr hab. Tadeusz Caliński
– Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
prof. dr hab. Edward Gacek
– Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych w Słupi Wielkiej
prof. dr hab. Daniela Gruszecka
– Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

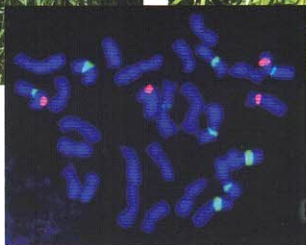
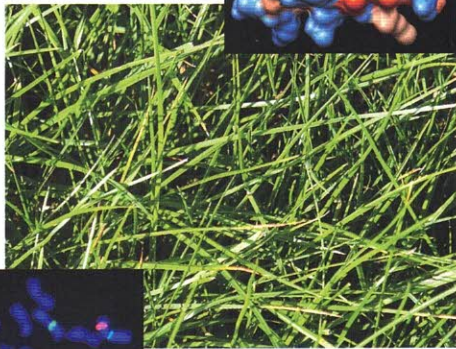
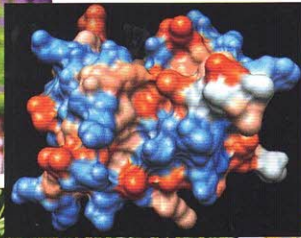
- prof. dr hab. Ryszard Górecki, czł. koresp. PAN
– Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie
- prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski, czł. koresp. PAN
– Uniwersytet Warszawski
- prof. dr hab. Jan Kaczmarek
– Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu
- prof. dr hab. Jerzy J. Lipa, czł. rzecz. PAN
– Instytut Ochrony Roślin-PIB w Poznaniu
- prof. dr hab. Tadeusz Łuczkiwicz
– Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
- prof. dr hab. Stefan Malepszy, czł. koresp. PAN
– Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie
- prof. dr hab. Jolanta Małuszyńska
– Uniwersytet Śląski w Katowicach
- prof. dr hab. Marcin Rapacz
– Uniwersytet Rolniczy w Krakowie
- prof. dr hab. Stanisława Rogalska
– Uniwersytet Szczeciński
- prof. dr hab. Jan Sadowski
– Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
- prof. dr hab. Marian Saniewski, czł. rzecz. PAN
– Instytut Warzywnictwa-PIB im. Emila Chroboczka w Skierniewicach
- prof. dr hab. Marek Świtoński, czł. koresp. PAN
– Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
- prof. dr hab. Erwin Wąsowicz, czł. koresp. PAN
– Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
- prof. dr hab. Zbigniew Weber
– Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
- prof. dr hab. Maciej Zenkteler
– Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

Członkowie Rady Naukowej (zatrudnieni w IGR PAN)

- dr hab. Barbara Apolinaraska, prof. IGR PAN
- prof. dr hab. Jerzy Chełkowski
- dr hab. Andrzej Górny, prof. IGR PAN
- prof. dr hab. Stanisław Jeżowski
- prof. dr hab. Małgorzata Jędryczka
- prof. dr hab. Piotr Kachlicki
- prof. dr hab. Zygmunt Kaczmarek
- prof. dr hab. Paweł Krajewski
- prof. dr hab. Barbara Naganowska
- dr hab. Jan Olejniczak, prof. IGR PAN
- prof. dr hab. Tadeusz Rorat
- prof. dr hab. Wojciech Rybiński
- prof. dr hab. Bolesław Salmanowicz
- prof. dr hab. Maria Surma
- prof. dr hab. Wojciech Święcicki, czł. koresp. PAN
- prof. dr hab. Halina Wiśniewska
- prof. dr hab. Bogdan Wolko
- prof. dr hab. Zbigniew Zwierzykowski

Przedstawiciele asystentów i adiunktów IGR PAN

- dr Agnieszka Kiełbowicz-Matuk
- dr hab. Tomasz Pniewski



ZAKŁAD BIOLOGII STRESÓW ŚRODOWISKOWYCH

Kierownik: **prof. dr hab. Tadeusz Rorat**
Z-ca kierownika: dr hab. Arkadiusz Kosmala

Głównym kierunkiem badań Zakładu są mechanizmy adaptacji roślin do zmiennych warunków środowiska w okresie rozwoju wegetatywnego i generatywnego. Zasadniczym celem badań jest poznanie molekularnych i fizjologicznych podstaw mechanizmów adaptacji do stresu niskiej temperatury i/lub niedoboru wody u gatunków z rodzajów: *Solanum*, *Brassica*, *Lolium*, *Festuca* oraz u *Hordeum vulgare* i *Arabidopsis thaliana*. Kierunkiem równoległym badań jest opracowanie genetycznych podstaw efektywności pobierania i wykorzystania wody i składników mineralnych przez rośliny uprawne, w tym *Pisum sativum*, *Hordeum vulgare* i *Triticum* spp. Zakres badań obejmuje: (i) poznanie szlaków przenoszenia sygnału stresowego; (ii) identyfikację genów działających na różnych etapach odpowiedzi na czynnik stresowy na podstawie analizy transkryptomu, proteomu lub wykorzystując mutanty insercyjne i chemiczne; (iii) poznanie mechanizmów regulacji ekspresji genów kodujących białka regulatorowe oraz białka tzw. odpowiedzi końcowej na czynnik stresowy; (iv) określenie funkcji białkowych produktów genów stresowych w systemie *in vitro* i *in planta*; (v) identyfikację obszarów chromatyny niosących geny związane z tolerancją stresu niskiej temperatury lub suszy oraz analizę regulacji ekspresji genów stresowych na poziomie kompleksu chromatynowego; (vi) poznanie fizjologicznej podstawy odpowiedzi na stres: zmian w potencjale osmotycznym komórek, zmian w wymianie gazowej, wydajności aparatu fotosyntetycznego, zmian w transporcie w wiązkach przewodzących; (vii) analizę podłoża genetycznego morfologiczno-fizjologicznych komponentów efektywności pobierania i wykorzystania wody i składników pokarmowych w formowaniu plonu w zmiennych warunkach środowiska. Dla rozwiązania postawionych celów prowadzone są zintegrowane badania na poziomie fizjologicznym, biochemicznym, genetycznym, cytogenetycznym i molekularnym.

W skład Zakładu wchodzi 4 zespoły badawcze: Zespół Regulacji Ekspresji Genów, Zespół Sygnalizacji Stresowej, Zespół Cytogenetyki i Fizjologii Molekularnej Traw oraz Zespół Genetyki Odżywiania się Roślin i Fizjologii Plonu.

Zespół Regulacji Ekspresji Genów



Lider: dr Agnieszka Kiełbowicz-Matuk

Skład: prof. dr hab. Tadeusz Rorat, mgr inż. Magdalena Biegańska,
mgr inż. Jagoda Czarnecka (doktorantka)

O biektem badań Zespołu są dwa gatunki z rodzaju *Solanum*, gatunek uprawny *S. tuberosum* i gatunek dziki *S. soganandinum*, różniące się tolerancją na zamarzanie i zdolnością do aklimatyzacji do niskich temperatur, a także dziewięć genotypów jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare*) różniących się tolerancją na niedobór wody.

Profil badawczy:

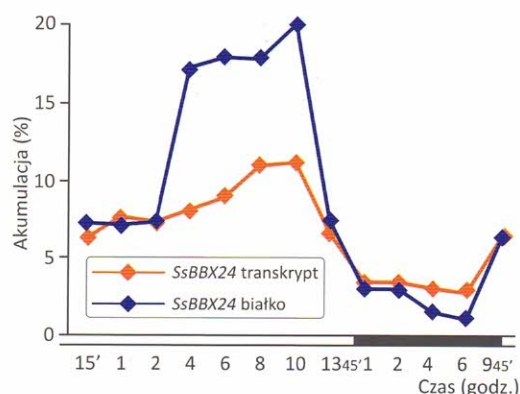
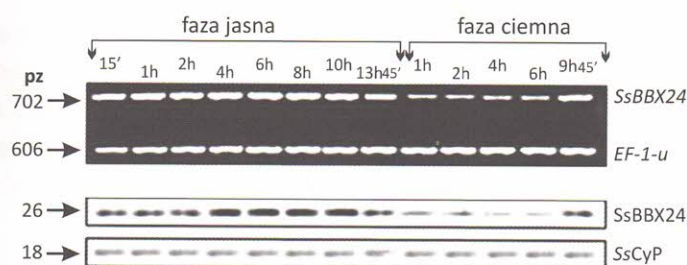
- molekularne podstawy tolerancji roślin na stropy abiotyczne (niska temperatura, susza, zasolenie),
- izolacja i identyfikacja genów, których aktywność prowadzi do aklimatyzacji roślin do niskiej temperatury oraz adaptacji do warunków suszy glebowej,
- identyfikacja genów, których ekspresja jest związana z utrzymaniem parametrów plonu w warunkach stresowych,
- analiza funkcji białkowych produktów ekspresji wyizolowanych genów w rozwoju oraz aklimatyzacji do warunków stresowych.

Metody:

- uprawa roślin w warunkach *in vitro* i *in vivo* w fitotronie,
- testy tolerancji roślin na niską temperaturę i suszę w warunkach symulowanych,
- analizy fizjologiczne (RWC, wyciek elektrolitów, parametry wymiany gazowej),
- analiza ekspresji genów na poziomie transkrypcyjnym (RT-PCR, Northern blot) oraz kodowanego białka (Western blot),
- izolacja czynników transkrypcyjnych wiążących się do sekwencji *cis* regulatorowych obecnych w rejonach promotorowych genów (drożdżowy system jednohybrydowy, Y1H; test przesunięcia mobilności elektroforetycznej, EMSA),
- badanie oddziaływań białko-białko (immunoprecypitacja, koimmunoprecypitacja, drożdżowy system dwuhybrydowy, Y2H).

Wybrane publikacje:

- DE MEZER M., TURSKA-TARASKA A., KACZMAREK Z., GŁOWACKA K., SWARCEWICZ B., RORAT T. (2014). Differential physiological and molecular response of barley genotypes to water deficit. *Plant Physiol. Biochem.* 80: 234-248.
- KIEŁBOWICZ-MATUK A., REY P., RORAT T. (2014). Interplay between circadian rhythm, time of the day and osmotic stress constraints in the regulation of the expression of a *Solanum* double B-box gene. *Ann. Bot.* doi: 10.1093/aob/mct303.
- KIEŁBOWICZ-MATUK A., CZARNECKA J. (2014). Interplays of plant circadian clock and abiotic stress response network. In: *Emerging Technologies and Management of Crop Stress Tolerance* (P. Ahmud and S. Rasool, Eds), Volume 1 – Biological Techniques. Elsevier. Chapter 20: 487-506.
- SZABAŁA B.M., FUDALI S., RORAT T. (2014). Accumulation of acidic SK3 dehydrins in phloem cells of cold- and drought-stressed plants of the Solanaceae. *Planta* doi: 10.1007/s00425-013-2018-6.
- KIEŁBOWICZ-MATUK A. (2012). Involvement of plant C2H2-type zinc finger transcription factors in stress responses. *Plant Sci.* 185-186: 78-85.
- RORAT T. (2010). Stres termiczny. Red. A. Goździcka-Józefiak i A. Woźny. *Reakcje komórek roślin na czynniki stresowe*. Wydawnictwo Naukowe UAM, ISBN 978-83-232-2198-2. Tom II, str. 175-199.
- RORAT T. (2009). Zastosowanie genetyki klasycznej i molekularnej do identyfikacji genów warunkujących tolerancję oraz aklimatyzację roślin do niskiej temperatury. Red. Paweł M. Pukacki. *Reakcje roślin na stres niskich temperatur*. Bogucki Wydawnictwo Naukowe, ISBN 978-61320-76-0, Poznań, str. 38-45.



Analiza ekspresji genu *SsBBX24* kodującego białko zawierające domeny palca cynkowego typu B-box w cyklu dobowym na poziomie transkryptu (RT-PCR) i kodowanego białka (Western blot) u gatunków z rodzaju *Solanum*



Uprawa roślin *Solanum tuberosum* w warunkach *in vitro* i *in vivo* w fitotronie

Zespół Sygnalizacji Stresowej



Lider: dr Danuta Babula-Skowrońska

Skład: dr Olga Fedorowicz-Strońska, dr Małgorzata Kaczmarek

Głównym kierunkiem badań Zespołu jest poznanie procesów zachodzących podczas adaptacji roślin do stresów środowiskowych. Pierwszy kierunek badań dotyczy poznania plastyczności odpowiedzi roślin na warunki stresowe wynikającej z obecności większej liczby homeologów (wariantów genowych) u paleopoliploidów, do których należy przeważająca większość roślin uprawnych, w tym gatunków z rodzaju *Brassica* (m.in. rzepak). Drugi kierunek badań dotyczy mechanizmów odpowiedzi jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare*) na stres suszy po traktowaniu nasion CaCl_2 .

Profil badawczy:

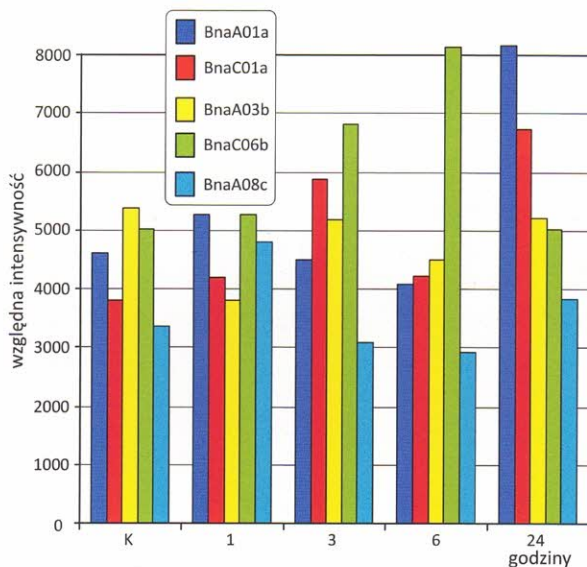
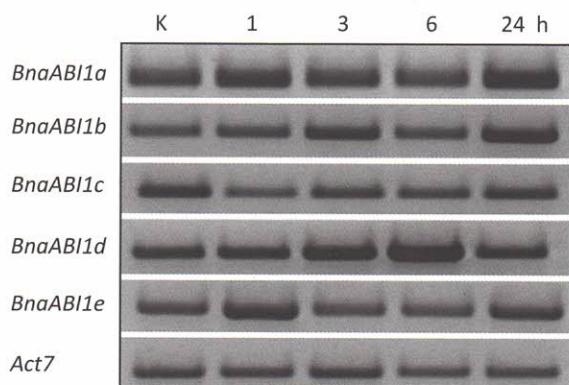
- poznanie mechanizmów prowadzących do zróżnicowania strukturalnego i funkcjonalnego (na poziomie transkryptu) zduplikowanych kopii genu *ABI1* w genomie rzepaku ozimego (*Brassica napus* var. *oleifera*) i ich udziału w plastyczności odpowiedzi roślin na różne stropy – analiza aktywności promotorów,
- identyfikacja białek oddziałujących z fosfatazami białkowymi *ABI1* i *ABI2* pod wpływem różnych bodźców/stresów u *Arabidopsis thaliana* i gatunków z rodzaju *Brassica* (egzogenny ABA, H_2O_2 , NaCl, susza) – zbudowanie sieci interakcji różnych białek powiązanych z sygnalizacją ABA,
- określenie zakresu zmian poziomów ekspresji genów (transkrypt i białko) w stresie suszy,
- identyfikacja białek wchodzących w skład kompleksów funkcjonalnych z kinazami CDPK.

Metody:

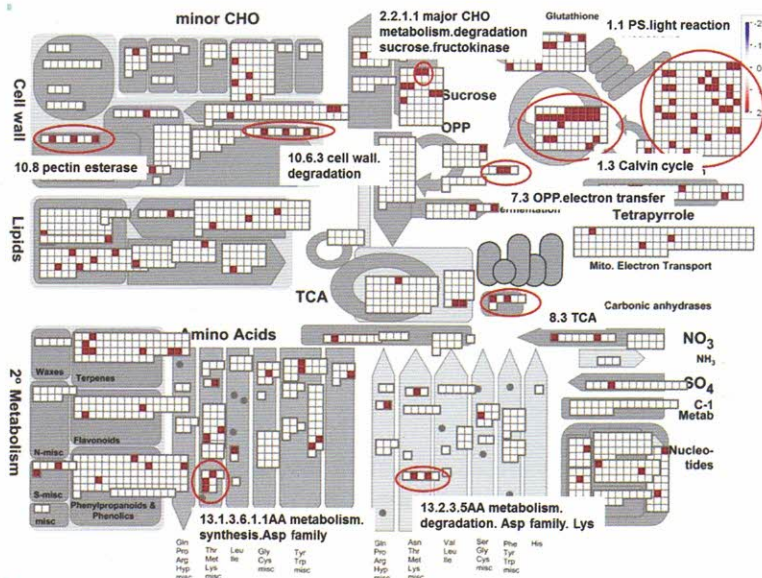
- analiza ekspresji genów na poziomie transkryptu (northern blot, qRT-PCR, mikromacierze oligonukleotydowe i cDNA),
- analiza ekspresji genów na poziomie produktu białkowego (western blot, ELISA, SDS-PAGE, oczyszczanie kompleksów białkowych, GST-pull down),
- tworzenie konstruktów genowych, transformacja bakterii i komórek roślinnych,
- prowadzenie roślinnych kultur zawiesinowych,
- bioinformatyczne i statystyczne metody analizy danych (Blast2Go, GSEA, Graph Pad Prism), analiza bioinformatyczna promotorów,
- badanie aktywności promotorów (GUS, GFP),
- ekspresja przejściowa białek fuzyjnych w liściach roślin na drodze agroinfiltracji,
- badania oddziaływań typu białko – białko: chromatografia powinowactwa i koimmunoprecypitacja z wykorzystaniem specyficznych przeciwciał, spektrometria mas, dwuhybrydowy system drożdżowy (Y2H).

Wybrane publikacje:

- LUDWIKÓW A., BABULA-SKOWROŃSKA D., SZCZEPANIAK M., BELTER N., DOMINIAK E., SADOWSKI J. (2013). Expression profiles and genomic organisation of group A protein phosphatase 2C genes in *Brassica oleracea*. *Ann. Appl. Biol.* 163: 124-134.
- PNIEWSKI T., KAPUSTA J., BOCIĄG P., KOSTRZAK A., FEDOROWICZ-STROŃSKA O., CZYŻ M., GDULA M., KRAJEWSKI P., WOLKO B., PŁUCIENNICZAK A. (2012). Plant expression, lyophilisation and storage of HBV medium and large surface antigens for a prototype oral vaccine formulation. *Plant Cell Rep.* 31: 585-595.
- BABULA-SKOWROŃSKA D., CIEŚLA A., SADOWSKI J. (2011). Molecular linkage maps: strategies, resources and achievements. In: *Vegetable Brassica. In: Genetics, Genomics and Breeding of Vegetable Brassicas*. Series editors: C. Kole and A.G. Abbott. Ed. J. Sadowski. Science Publishers, Enfield, New Hampshire: 4, pp. 125-196.
- KACZMAREK M., NELSON M.N., COWLING W.A. (2011). Molecular mapping of complex traits. In: *Genetics, genomics and breeding of vegetable Brassicas*. Eds.: J. Sadowski and Ch. Kole, p.cm. (Genetics, genomics and breeding of crop plants). Science Publishers, Enfield, New Hampshire: 4, pp. 197-256.
- ZIOŁKOWSKI P.A., KACZMAREK M., BABULA-SKOWROŃSKA D., SADOWSKI J. (2011). *Brassica* genome evolution: dynamics and plasticity. In: *Genetics, genomics and breeding of oilseed Brassicas*. Eds.: D. Edwards et al., p.cm. (Genetics, genomics and breeding of crop plants). Science Publishers, Enfield, New Hampshire: 4, pp. 14-46.



Różnice w profilach ekspresji zduplikowanych kopii genu *ABI1* kodujących różne warianty fosfatazy białkowej typu 2C u rzepaku ozimego (*Brassica napus* var. *oleifera*)



Analiza funkcjonalna grupy genów jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare*) o zróżnicowanej genotypowo i zależnej od egzogennej Ca^{2+} ekspresji w stresie suszy

Zespół Cytogenetyki i Fizjologii Molekularnej Traw



Lider: dr hab. Arkadiusz Kosmala

Skład: prof. dr hab. Zbigniew Zwierzykowski, dr Tomasz Książczyk, dr Izabela Pawłowicz, mgr Joanna Chojnicka (doktorantka), mgr Dawid Perlikowski (doktorant), mgr inż. Włodzimierz Zwierzykowski

Głównym obiektem badań Zespołu są trawy pastewne kompleksu *Lolium-Festuca*. Najważniejsze gatunki uprawne z rodzaju *Lolium* – *L. multiflorum* (życica wielokwiatowa) oraz *L. perenne* (życica trwała) – to trawy o wysokiej jakości paszowej, lecz niskiej tolerancji stresów abiotycznych i biotycznych. Z kolei uprawne gatunki z rodzaju *Festuca* – *F. pratensis* (kostrzewa łąkowa) i *F. arundinacea* (kostrzewa trzcinowa) – charakteryzują się wysokim stopniem odporności na patogeny oraz tolerancji mrozu, suszy i wysokiego zasolenia, lecz nie dorównują gatunkom *Lolium* pod względem produktywności i jakości. Oba gatunki kostrzew są uznawane za gatunki modelowe wśród traw pastewnych do badań związanych z tolerancją stresu suszy (*F. arundinacea*) i niskiej temperatury (*F. pratensis*).

Profil badawczy:

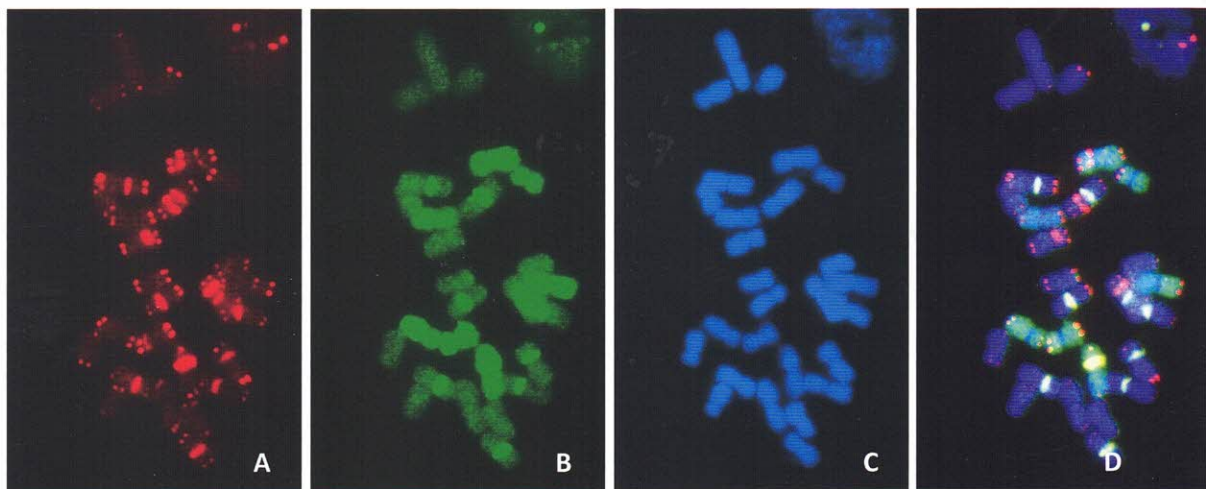
- molekularne podstawy tolerancji stresów abiotycznych u roślin (niska temperatura, susza, zasolenie),
- organizacja i ewolucja sekwencji chromosomowo i genomowo specyficznych u roślin,
- transfer genów tolerancji stresów środowiskowych z gatunków rodzaju *Festuca* do gatunków rodzaju *Lolium*,
- genomowa struktura, liczba i rozmieszczenie loci rDNA u mieszańców międzyrodzajowych kompleksu *Lolium-Festuca*,
- identyfikacja chromosomów u gatunków kompleksu *Lolium-Festuca*,
- mapowanie fizyczne sekwencji DNA.

Metody:

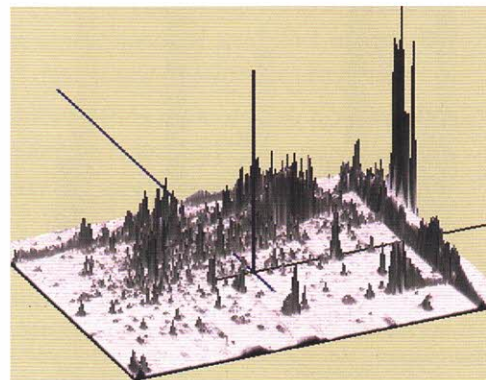
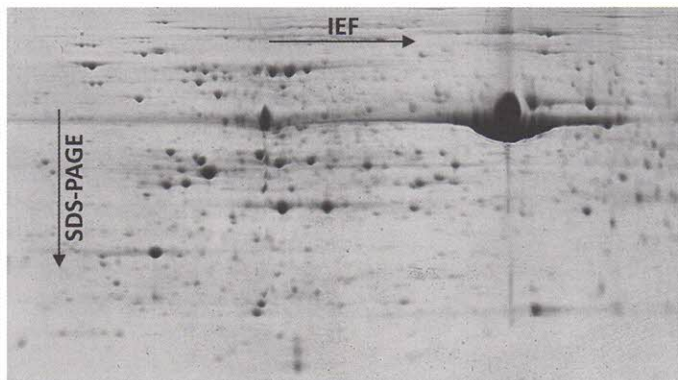
- identyfikacja genów związanych z tolerancją stresów abiotycznych u traw,
- analiza ekspresji genów na poziomie transkryptu (RT-PCR w czasie rzeczywistym) i białka (Western blot, 2-D elektroforeza, spektrometria mas),
- analizy fizjologiczne (WC, RWC, wyciek elektrolitów, parametry wymiany gazowej, fluorescencja chlorofilu),
- testy tolerancji suszy i niskiej temperatury w warunkach naturalnych i symulowanych,
- fluorescencyjna hybrydyzacja *in situ* (FISH) z sondami rDNA,
- FISH z sondami BAC pochodzącymi z biblioteki genomowego DNA *Festuca pratensis*,
- genomowa hybrydyzacja *in situ* (GISH).

Wybrane publikacje:

- PERLIKOWSKI D., KOSMALA A., RAPACZ M., PAWŁOWICZ I., ZWIERZYKOWSKI Z. (2014). Influence of short-term drought conditions and subsequent re-watering on the physiology and proteome of *Lolium multiflorum*/*Festuca arundinacea* introgression forms with contrasting levels of tolerance to long-term drought. *Plant Biol.* doi: 10.1111/plb.12074.
- KOSMALA A., PERLIKOWSKI D., PAWŁOWICZ I., RAPACZ M. (2012). Changes in the chloroplast proteome following water deficit and subsequent watering in a high and a low drought tolerant genotype of *Festuca arundinacea*. *J. Exp. Bot.* 63: 6161-6172.
- PAWŁOWICZ I., KOSMALA A., RAPACZ M. (2012). Expression pattern of the *psbO* gene and its involvement in acclimation of the photosynthetic apparatus during abiotic stresses in *Festuca arundinacea* and *F. pratensis*. *Acta Physiol. Plant.* 34: 1915-1924.
- BOCIAN A., KOSMALA A., RAPACZ M., JURCZYK B., MARCZAK Ł., ZWIERZYKOWSKI Z. (2011). Differences in leaf proteome response to cold acclimation between *Lolium perenne* plants with distinct levels of frost tolerance. *J. Plant Physiol.* 168: 1271-1279.
- ZWIERZYKOWSKI Z., ZWIERZYKOWSKA E., TACIAK M., KOSMALA A., JONES N., ZWIERZYKOWSKI W., KSIĄŻCZYK T., KRAJEWSKI P. (2011). Genomic structure and fertility in advanced generations of breeding populations derived from the allotetraploid *Festuca pratensis* × *Lolium perenne*. *Plant Breed.* 130: 476-480.
- KSIĄŻCZYK T., TACIAK M., ZWIERZYKOWSKI Z. (2010). Variability of ribosomal DNA sites in *Festuca pratensis*, *Lolium perenne*, and their intergeneric hybrids, revealed by FISH and GISH. *J. Appl. Genet.* 51: 449-460.



Lokalizacja sekwencji telomerowych i 5S rDNA (kolor czerwony; A) oraz 35S rDNA (kolor żółty, D) i klonu BAC L16 (kolor zielony, B) w chromosomach mieszańca *Festuca pratensis* × *Lolium perenne* (kolor niebieski, C; nałożenie 3 kanałów fluorescencji, D)



Analiza akumulacji białek *Festuca pratensis* w trakcie hartowania na mróz przy wykorzystaniu 2-D elektroforezy. Mapa białkowa 2-D (A), mapa białkowa 3-D (B)

Zespół Genetyki Odżywiania się Roślin i Fizjologii Plonu



Lider: dr hab. Andrzej Górny, prof. IGR PAN

Skład: mgr inż. Dominika Ratajczak, mgr inż. Magdalena Tomaszewska, Katarzyna Beczek, Magdalena Dziubałka

Warunki glebowo-klimatyczne panujące w Polsce nie sprzyjają wysokiemu, a wiernemu plonowaniu pszenicy, jęczmienia i grochu. Są to gatunki o zwiększonych wymaganiach w stosunku do środowiska uprawowego. Na przeważających w kraju lekkich glebach, zaburzenia w dostępności wody i głównych składników pokarmowych są główną przyczyną spadków ich plonowania i braku jego stabilności. Podłoże genetyczne tych reakcji roślin nie jest dobrze poznane. Poszerzenie wiedzy genetycznej o fizjologicznych podstawach ich plonowania, sposobie odżywiania się oraz adaptacji do obniżonego poziomu nawożenia i niedoborów wody jest nadrzędnym celem badań Zespołu.

Profil badawczy:

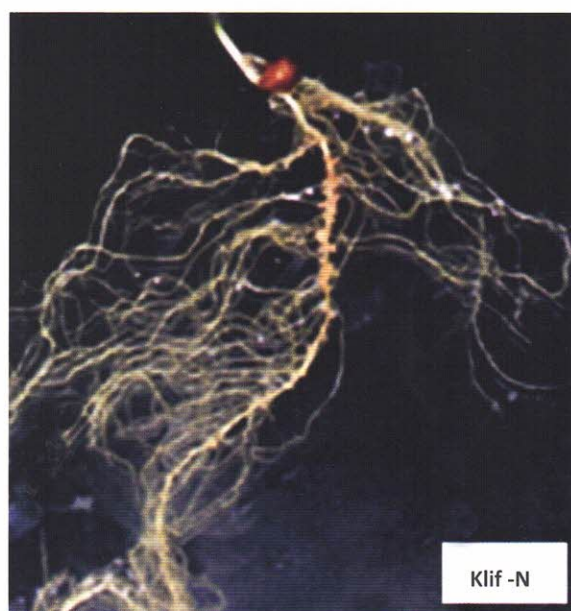
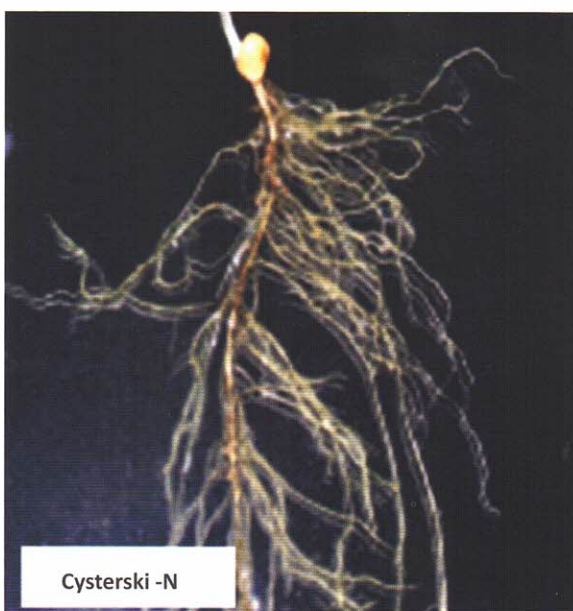
- badania zmienności głównych cech-komponentów fizjologicznej efektywności i tolerancji stresu wodno-mineralnego wśród różnorodnych kolekcji hodowlanych pszenicy, jęczmienia i grochu,
- analiza sposobu dziedziczenia cech-komponentów pędu i systemu korzeniowego związanych z efektywnością pobierania i wykorzystania wody, CO₂, azotu i fosforu w formowaniu masy plonu w zmiennych i stresowych warunkach środowiska,
- identyfikacja pszenicznych chromosomów oraz regionów genomu (QTL) pszenicy i jęczmienia determinujących komponenty efektywności wykorzystania wody i azotu,
- ocena wpływu warunków środowiska oraz efektów interakcji genotyp-środowisko na wariację badanych cech,
- próby identyfikacji nowych donorów efektywności i tolerancji w kolekcjach dzikich i pokrewnych gatunków roślin.

Metody:

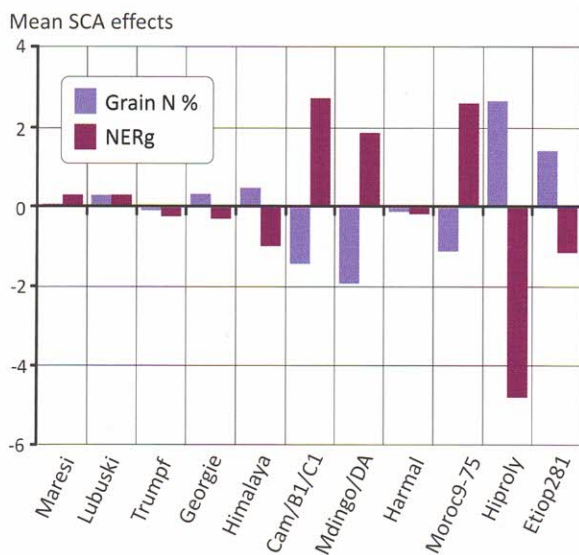
- czynnikowe doświadczenia wazonowe i polowe o zmiennym poziomie nawożenia, wilgotności gleby i warunkach lokalizacji,
- standardowe metody wykorzystujące nowoczesne urządzenia do oceny sposobu ukorzenia się, ilości pobranego N i P, koncentracji N i P w tkankach, ilości wytranspirowanej wody i efektywności jej wykorzystania, ilości pochłanianej i wykorzystanej energii promienistej, aktywności fotosyntetycznej liści i efektywności wymiany gazowej, efektywności wykorzystania N i P w formowaniu masy plonu oraz poziomu tolerancji na stres deficytu.

Wybrane publikacje:

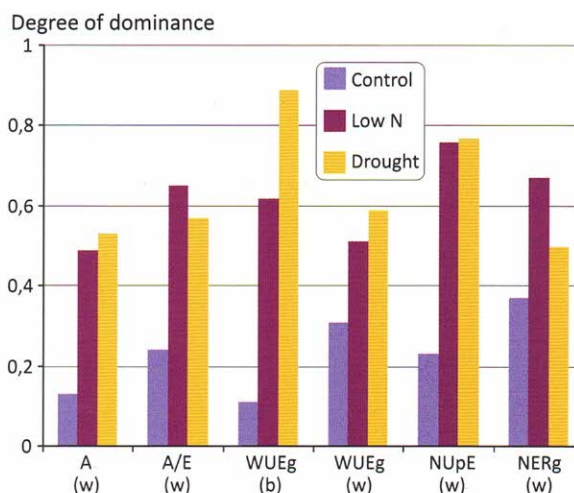
- RATAJCZAK D., GÓRNY A.G. (2012). Water- and nitrogen-dependent alterations in the inheritance mode of transpiration efficiency in winter wheat at the leaf and whole-plant level. *J. Appl. Genet.* 53: 377-388.
- GÓRNY A.G., BANASZAK Z., ŁUGOWSKA B., RATAJCZAK D. (2011). Inheritance of the efficiency of nitrogen uptake and utilization in winter wheat (*Triticum aestivum* L.) under diverse nutrition levels. *Euphytica* 177: 191-206.
- GÓRNY A.G., ŚWIĘCICKI W.K. (2011). Doskonalenie odmian grochu siewnego (*Pisum sativum* L.) w kierunku lepszego wykorzystania słonecznej energii promienistej. *Post. Nauk Roln.* 4/2011 (nr 348/64): 169-191.
- GÓRNY A.G., GARCZYŃSKI S. (2008). Nitrogen and phosphorus efficiency in wild and cultivated species of wheat. *J. Plant Nutrition* 31: 263-279.
- GÓRNY A.G., RATAJCZAK D. (2008). Efficiency of nitrogen and phosphorus utilization in progenies of factorial crosses between European and exotic cultivars of spring barley. *J. Appl. Genet.* 49: 349-355.



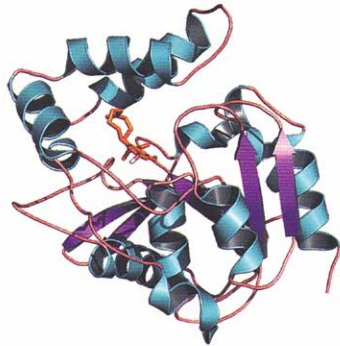
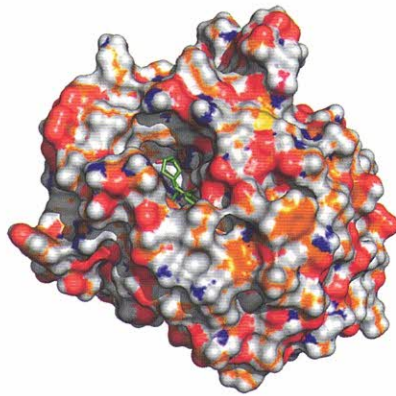
Różnice w rozwoju brodawek i rozmiarach systemu korzeniowego między odmianami grochu przy deficycie azotu w glebie



Efekty SCA europejskich i „egzotycznych” linii jęczmienia dla wybranych komponentów efektywności azotowej



Wpływ niedoboru wody i azotu na stopień dominacji genów warunkujących intensywność i efektywność fotosyntezy (A, A/F) oraz efektywność pobierania i wykorzystywania N (NUPE, NERg) i wody (WUEg); pszenica (w), jęczmień (b)



$$v(s, t) = \frac{1}{N} \sum_{i=0}^N x_i(s)x_i(t)$$

```

FDB:2Y6U      MEQNFKKETKCSASWFA  FQ-----STLCATDRL  ELTYDVTSAERQSRRTAT
AM171         -----MR  IR-----STISTFHGI  TWYIEQGG-----T
AM154         -----MR  IR-----STISTFHGI  TWYIEQGG-----T
AM169         -----MR  IR-----STISTFHGI  TWYIEQGG-----T
GSK:AB076037 -----MR  IR-----STISTFHGI  TWYIEQGG-----T
JGI:58672     -----MR  IR-----STISTFHGI  TWYIEQGG-----T
MHM_00923    -----MR  IR-----STISTFHGI  TWYIEQGG-----T
FDB:2XUA     -----MR  IR-----STISTFHGI  TWYIEQGG-----T

61
RLHLVFLMGCHKVVPEEY  LFRIVAAEAGHYAIDKVL  LDQVHGDSAVNRGRLGTH
GPOVVLVFLGECQMFDRS  VSQIAGQF-----RVTT  FDMGMSRSKAPPETTY-E
GPOVVLVFLGECQMFDRS  VSQIAGQF-----RVTT  FDMGMSRSKAPPETTY-E
GPOVVLVFLGECQMFDRS  VSQIAGQF-----RVTT  FDMGMSRSKAPPETTY-E
GPIVLVSDYDQCHYFDRA  HSLLAQGF-----YVTS  YDAFGLSRVAPPETTY-D
GRIILLIYGGSSVYDHL  GDLLES-NF-----RITT  FDMGMSRTIAP-VFSGE-D
APVIVLSHELQTLSDGAP  VALSK-NF-----RVLR  YDTRHGSRSEAF---KGF--

FDB:2Y6U      FHWIDGARVLIATCELOS  IDSHPALV----VIGRSG  GFQALACDVLQPHFLILL
AM171         -----MR  IR-----ALDIKHAIVHCGSG  ASTVVALLLGTFDRINAMC
AM154         -----MR  IR-----ALDIKHAIVHCGSG  ASTVVALLLGTFDRINAMC
AM169         -----MR  IR-----ALDIKHAIVHCGSG  ASTVVALLLGTFDRINAMC
GSK:AB076037 -----MR  IR-----ALDIKHAIVHCGSG  ASTVVALLLGTFDRINAMC
JGI:58672     -----MR  IR-----ALDIKHAIVHCGSG  ASTVVALLLGTFDRINAMC
MHM_00923    -----MR  IR-----ALDIKHAIVHCGSG  ASTVVALLLGTFDRINAMC
FDB:2XUA     -----MR  IR-----ALDIKHAIVHCGSG  ASTVVALLLGTFDRINAMC

121
LTFEIGARVFLTLLD-----ALSDVATVHGSAG  GATALTATLTPVVRNALM
LTVQILATVTVLMD-----ELAIPTATFFSVRSG  SILVAGLVYTPDPRERIL
YIEQLTQVFLGDM-----TLKIDARVFCGLSG  GLTFVALANRARDRIERVAL

FDB:2Y6U      LEPVVI---LTKAIGRSP  GLPDPSPQIPENLYSLAK  TCDHFANESEYKYHGNGSF
AM171         -----MR  IR-----LEPFLKLLNFSHTAVLED-----KEISKILIA
AM154         -----MR  IR-----LEPFLKLLNFSHTAVLED-----KEISKILIA
AM169         -----MR  IR-----LEPFLKLLNFSHTAVLED-----KEISKILIA
GSK:AB076037 -----MR  IR-----LEPFLKLLNFSHTAVLED-----KEISKILIA
JGI:58672     -----MR  IR-----LEPFLKLLNFSHTAVLED-----KEISKILIA
MHM_00923    -----MR  IR-----LEPFLKLLNFSHTAVLED-----KEISKILIA
FDB:2XUA     -----MR  IR-----LEPFLKLLNFSHTAVLED-----KEISKILIA

241
FTHARSQILQNI-DYERAT  ASGDDEDDGGVPTDGEAQN  LCTHMGOTTFAPFLISNVEF
NYMLNDVSGGSEAMQNGDE  VHA-----RLKHNYVH  ARGYFR-TIPPSAPVKOLEA
NYMLNDVSGGSEAMQNGDE  VHA-----RLKHNYVH  ARGYFR-TIPPSAPVKOLEA
NYMLNDVSGGSEAMQNGDE  VHA-----RLKHNYVH  ARGYFR-TIPPSAPVKOLEA
EMAMPDLVNGEAMQNGEAE  CHE-----RLKHNSRT  VROY-R-DFFRPFHTAQLRH
EMFPALLMSRTANAGAE  YHA-----RKHNSVTH  LKRTIG-QLCHRDGGLL-
RMTADYKERE-T-VYLAHI  RQV-----TVR-TDNGS  YASRCE-AIDADGSEAFGE

FDB:2Y6U      V-RKRTIHVGARENNCFQ  NQLFLQKTLQNYHLDVPGG  SFLVNVGAPDLVIERINSHI
AM171         -----MR  IR-----LRGKFLDNTVGAATPTESEF  DNIIVATKA-GVNIIGLLP-G  MFFPVSRDPVFAKVVVEFT
AM154         -----MR  IR-----LRGKFLDNTVGAATPTESEF  DNIIVATKA-GVNIIGLLP-G  MFFPVSRDPVFAKVVVEFT
AM169         -----MR  IR-----LRGKFLDNTVGAATPTESEF  DNIIVATKA-GVNIIGLLP-G  MFFPVSRDPVFAKVVVEFT
GSK:AB076037 -----MR  IR-----LRGKFLDNTVGAATPTESEF  DNIIVATKA-GVNIIGLLP-G  MFFPVSRDPVFAKVVVEFT
JGI:58672     -----MR  IR-----LRGKFLDNTVGAATPTESEF  DNIIVATKA-GVNIIGLLP-G  MFFPVSRDPVFAKVVVEFT
MHM_00923    -----MR  IR-----LRGKFLDNTVGAATPTESEF  DNIIVATKA-GVNIIGLLP-G  MFFPVSRDPVFAKVVVEFT
FDB:2XUA     -----MR  IR-----LRGKFLDNTVGAATPTESEF  DNIIVATKA-GVNIIGLLP-G  MFFPVSRDPVFAKVVVEFT

301
I-SRLVANSVHMTMELGTF  DNIIVATKA-GVNIIGLLP-G  MFFPVSRDPVFAKVVVEFT
--GRPVVNSVSLVNGGQFY  DNIILATKL-GLVEYILP-C  KEFPLQITPEILAAIRCCV
I-RVALVISGTDLAATPA  QRELLAQIAGARYVELD-A  SHSNIERADAFKTVVDFL

FDB:2Y6U      REFVLSFPGSSHIPQLTLE  ERVNHEDRAFDSTKNEALVK  TTRQKLAALAEHRRHHH
AM171         -----MR  IR-----RQYL-----
AM154         -----MR  IR-----RQYL-----
AM169         -----MR  IR-----RQYL-----
GSK:AB076037 -----MR  IR-----RQYL-----
JGI:58672     -----MR  IR-----RQYL-----
MHM_00923    -----MR  IR-----RQYL-----
FDB:2XUA     -----MR  IR-----RQYL-----

```

ZAKŁAD BIOMETRII I BIOINFORMATYKI

Kierownik: prof. dr hab. Paweł Krajewski
Z-ca kierownika: dr Grzegorz Koczyk

Współczesna biologia roślin postępuje się metodami eksperymentalnymi, które dostarczają różnego rodzaju obserwacji. Wynikiem badań genomu i transkryptomu są zbiory danych pochodzących z sekwencjonowania DNA bądź oznaczania genotypów markerowych. W badaniach proteomu, metabolomu i fenotypu uzyskuje się dane ilościowe metodami takimi jak chromatografia, spektrometria mas czy klasyczne metody pomiaru cech anatomicznych, fizjologicznych lub plonotwórczych. Analiza danych, prowadzona z zastosowaniem właściwych metod informatycznych i statystycznych, pozwala na przetworzenie „surowych” obserwacji na oceny parametrów pozwalających biologom na wnioskowanie o badanych systemach. Właściwy wybór takich metod oraz opracowanie nowych sposobów analizy danych jest obszarem, w którym działa Zakład Biometrii i Bioinformatyki.

W skład Zakładu wchodzi dwa zespoły badawcze. Zespół Biometrii i Bioinformatyki prowadzi badania na temat modelowania i analizy danych pochodzących z doświadczeń biologicznych oraz struktur i narzędzi przetwarzania danych. Zespół Ewolucji Funkcji Systemów Biologicznych bada przede wszystkim ewolucję elementów genomu zarówno genów, jak i sekwencji niekodujących. Oba zespoły mają duże doświadczenie we współpracy z innymi grupami badawczymi w zakresie opracowywania i integracji wyników doświadczeń. Grupa posiada infrastrukturę niezbędną do prowadzonych badań w postaci sprzętu komputerowego i specjalistycznego oprogramowania; w przypadku czasochłonnych analiz dla dużych zbiorów danych wykorzystuje także klastry obliczeniowe.

Zespół Biometrii i Bioinformatyki



Lider: prof. dr hab. Paweł Krajewski

Skład: prof. dr hab. Zygmunt Kaczmarek, prof. dr hab. Augustyn Markiewicz, dr Aneta Sawikowska, mgr inż. Hanna Ćwiek, mgr inż. Wojciech Frohberg, mgr Dimitrios K. Zisis, mgr Joanna Stasiak, Bernadeta Borucka

Zespół prowadzi badania na temat modelowania i analizy danych pochodzących z doświadczeń biologicznych oraz struktur i narzędzi przetwarzania danych. Zgodnie z długoletnią tradycją zespołu, prowadzone prace bazują na podstawach matematycznych oraz zasadach statystyki matematycznej. Ze względu na aplikacyjny charakter części badań, duża uwaga jest przywiązywana do prawidłowej realizacji numerycznej i informatycznej metod. Opracowywane modele stosowane są w różnych obszarach: nadal duża część aplikacji dotyczy obserwacji fenotypowych roślin, jednak coraz większe znaczenie zyskują dane uzyskiwane na poziomie molekularnym, powstające w doświadczeniach wykorzystujących protokoły takie jak wysokoprzepustowe sekwencjonowanie DNA lub chromatografia. Ze względu na duże liczby obserwacji i komplementarność tych analiz w projektach biologicznych, istotnym zagadnieniem jest opracowywanie metod integracji różnych zbiorów danych.

Profil badawczy:

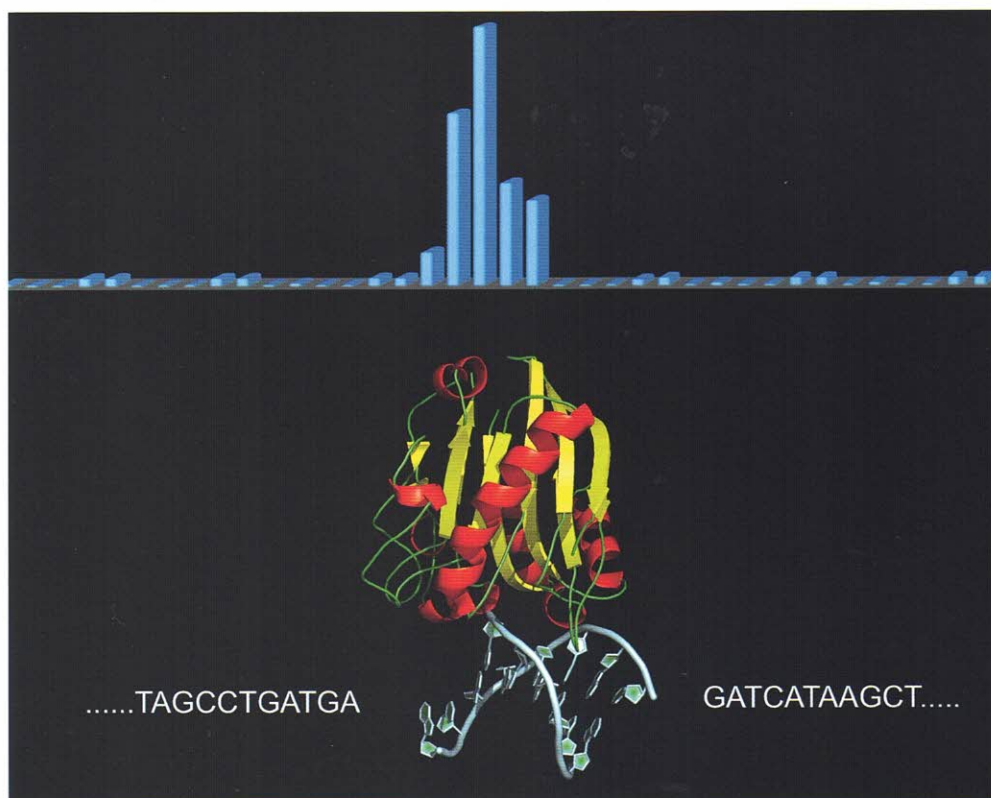
- metody statystyczne, informatyczne i bioinformatyczne służące do analizy i integracji wyników doświadczeń biologicznych, ze szczególnym uwzględnieniem doświadczeń wykonywanych w genetyce, genomice oraz w hodowli roślin,
- metody konstrukcji baz danych i narzędzi do przechowywania i przetwarzania danych z doświadczeń roślinnych.

Metody:

- analiza liniowych modeli mieszanych,
- modelowanie danych funkcjonalnych,
- analiza wielowymiarowa,
- relacyjne bazy danych,
- standaryzacja informacji eksperymentalnej,
- interpretacja oraz integracja danych pochodzących z doświadczeń wykorzystujących wysokoprzepustowe sekwencjonowanie DNA.

Wybrane publikacje:

- PAJORO A., MADRIGAL P., MUIÑO J.M., MATUS J.T., JIN J., MECCHIA M.A., DEBERNARDI J.M., PALATNIK J.F., BALAZADEH S., ARIF M., ÓZMAOILÉIDIGH D.S., WELLMER F., KRAJEWSKI P., RIECHMANN J.-L., ANGENENT G.C., KAUFMANN K. (2014). Dynamics of chromatin accessibility and gene regulation by MADS-domain transcription factors in flower development. *Genome Biol.* 15:R41 doi:10.1186/gb-2014-15-3-r41.
- BAILEY T., KRAJEWSKI P., LADUNGA I., LEFEBVRE C., LI Q., LIU T., MADRIGAL P., TASLIM C., ZHANG J. (2013). Practical guidelines for the comprehensive analysis of ChIP-seq data. *PLOS Comput. Biol.* 9: e1003326
- FILIPIAK K., MARKIEWICZ A., SAWIKOWSKA A. (2012). Determinants of multidiagonal matrices. *Electr. J. Linear Algebra* 25: 101-117.
- MADRIGAL P., KRAJEWSKI P. (2012). Current bioinformatic approaches to identify DNase I hypersensitive sites and genomic footprints from DNase-seq data. *Front. Genet.* 3: 230.
- MUIÑO J.M., KAUFMANN K., VAN HAM R.C.H.J., ANGENENT G.C., KRAJEWSKI P. (2011). ChIP-seq Analysis in R (CSAR): An R package for the statistical detection of protein-bound genomic regions. *Plant Methods* 7:11.
- KAUFMANN K., WELLMER F., MUIÑO J.M., FERRIER T., WUEST S.E., KUMAR V., SERRANO-MISLATA A., MADUEÑO F., KRAJEWSKI P., MEYEROWITZ E.M., ANGENENT G.C., RIECHMANN J.L. (2010). Orchestration of floral initiation by APETALA1. *Science* 328: 85-89.
- KAUFMANN K., MUIÑO J.M., JAUREGUI R., AIROLDI C.A., SMACZNIAK C., KRAJEWSKI P., ANGENENT G.C. (2009). Target genes of the MADS transcription factor SEPALLATA3: Integration of developmental and hormonal pathways in the *Arabidopsis* flower. *PLOS Biology* 7 (4): e1000090.



Profil nadreprezentacji fragmentów sekwencji DNA pochodzących z trawienia DNAzą I uzyskany poprzez sekwencjonowanie wysokoprzepustowe (NGS)

Zespół Ewolucji Funkcji Systemów Biologicznych



Lider: dr Grzegorz Koczyk

Skład: dr Adam Dawidziuk, dr Delfina Popiel

Badamy ewolucję elementów genomu (genów i sekwencji niekodujących) jako pochodną selekcji wynikającej zarówno z wymagań funkcjonalnych, jak i ograniczeń wynikających z praw fizyki, chemii i rachunku prawdopodobieństwa. Stosujemy, rozwijamy i testujemy algorytmy i modele łączące bioinformatykę strukturalną, filogenomikę i teorię gier. Naszym celem jest poszukiwanie uproszczonych, ogólnych reguł kształtujących ewolucję systemów biologicznych przy wykorzystaniu technik biologii molekularnej i narzędzi bioinformatycznych. W ramach prowadzonych prac staramy się również tworzyć i udostępniać nowe narzędzia, umożliwiające łatwe prowadzenie analiz i prac opartych na tychże zasadach.

Profil badawczy:

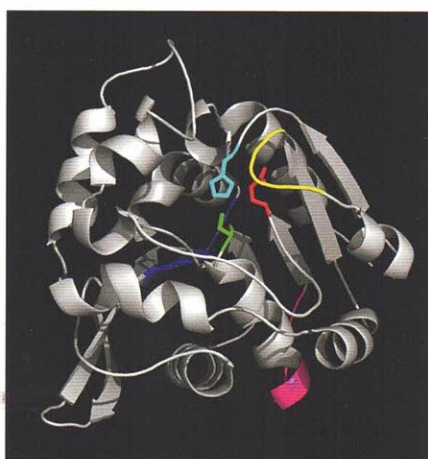
- filogenomika specyficzności substratowej i aktywności enzymatycznej w biosyntezie, modyfikacjach i transporcie metabolitów wtórnych u *Eucaryota* (w szczególności mikotoksyn i metabolitów roślin uprawnych),
- regulacja produkcji metabolitów i wzrostu modelowych grzybów w zmieniających się warunkach klimatycznych,
- rekonstrukcja scenariuszy ewolucji odporności na naturalne i sztuczne substancje grzybobójcze (strategie usuwania, akumulacji i wzrostu),
- ewolucja domen i architektury domenowej białek.

Metody:

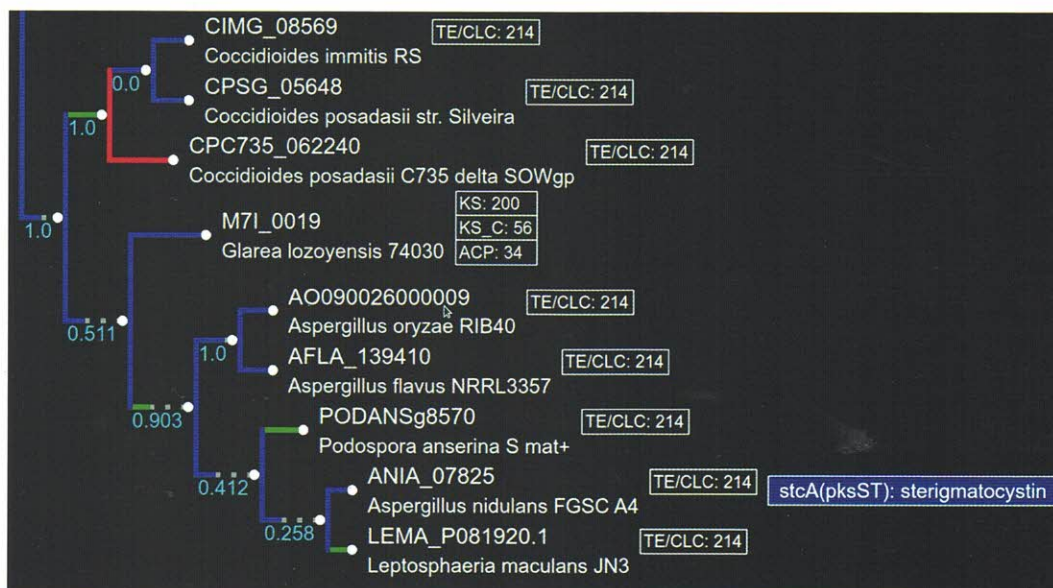
- metody diagnostyki molekularnej (m.in. PCR, qRT-PCR, bezpośrednie sekwencjonowanie produktów PCR i głębokie sekwencjonowanie próbek środowiskowych),
- filogenomika i analizy filogenetyczne (przybliżone metody maksymalizacji wiarygodności, statystyczna analiza wzorców i trendów w filogenii i fenotypie),
- modelowanie struktur białkowych w oparciu o homologię,
- nadzorowane i pozbawione nadzoru techniki analizy skupień w danych bibliograficznych i adnotacji funkcjonalnej,
- przewidywanie i adnotacja miejsc sekwencji istotnych dla funkcji z wykorzystaniem metod profilowej analizy sekwencji, interakcji molekularnych i ograniczeń strukturalnych dotyczących cząsteczek białka.

Wybrane publikacje:

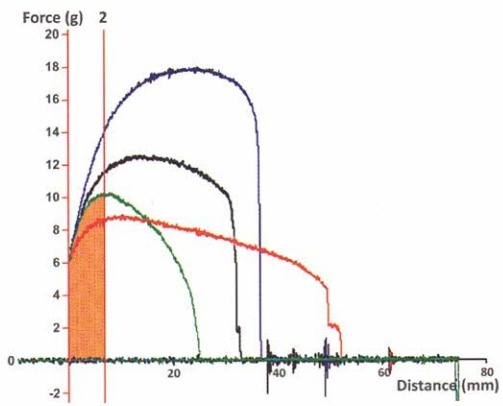
- DAWIDZIUK A, KOCZYK G, POPIEL D, KACZMAREK J, BUŚKO M. (2014). Molecular diagnostics on the toxigenic potential of *Fusarium* spp. plant pathogens. *J. Appl. Microbiol.* 116(6):1607-20.
- POPIEL, D., KOCZYK, G., DAWIDZIUK, A., GROMADZKA, K., BŁASZCZYK, L., CHEŁKOWSKI, J. (2014). Zearalenone lactonohydrolase activity in Hypocreales and its evolutionary relationships within the epoxide hydrolase subset of a/b-hydrolases. *BMC Microbiology.* 14(1), 82. doi:10.1186/1471-2180-14-82.
- DAWIDZIUK A., KACZMAREK J., JĘDRYCZKA M. (2012). The effect of winter weather conditions on the ability of pseudothecia of *Leptosphaeria maculans* and *L. biglobosa* to release ascospores. *Eur. J. Plant Pathol.* 134: 349-343.
- STĘPIEŃ L., KOCZYK G., WAŚKIEWICZ A. (2011). FUM cluster divergence in fumonisins-producing *Fusarium* species. *Fungal Biol.* 115: 112-23.
- BŁASZCZYK L., POPIEL D., CHEŁKOWSKI J., KOCZYK G., SAMUELS G.J., SOBIERALSKI K., SIWULSKI M. (2011). Species diversity of *Trichoderma* in Poland. *J. Appl. Genet.* 52: 233-243.
- ZIÓŁKOWSKI P.A., KOCZYK G., GAŁGAŃSKI L., SADOWSKI J. (2009). Genome sequence comparison of Col and Ler lines reveals the dynamic nature of *Arabidopsis* chromosomes. *Nucl. Acids Res.* 37:3189-201.
- KOCZYK G., BEREZOVSKY I.N. (2008). Domain Hierarchy and closed Loops (DHcL): a server for exploring hierarchy of protein domain structure. *Nucl. Acids Res.* 36 (Web Server issue): W239-4.



Model laktonazy detoksyfikującej zearalenon (*zhd101*)



Rekonstrukcja filogenezy podstawowego genu biosyntezy aflatoksyn (syntaza poliketazy)



ZAKŁAD BIOTECHNOLOGII

Kierownik: prof. dr hab. Tadeusz Adamski
Z-ca kierownika: dr hab. Tomasz Pniewski

Prace badawcze prowadzone w Zakładzie Biotechnologii zmierzają do ulepszania u roślin uprawnych, głównie u zbóż, zarówno naturalnych właściwości użytkowych, jak i nowych, wprowadzonych na drodze modyfikacji genetycznych. W badaniach stosowane są metody biotechnologiczne oparte na technikach inżynierii genetycznej, a także metody klasyczne obejmujące kultury in vitro, markery molekularne i białkowe oraz metody reologiczne. Metody klasyczne wykorzystywane są w badaniach nad określeniem genetycznych i molekularnych podstaw procesów wpływających na strukturę plonu zbóż (pszenicy i jęczmienia). Otrzymane populacje pszenicy i jęczmienia są fenotypowane w zmiennych warunkach środowiskowych, ze szczególnym uwzględnieniem stresu powodowanego niedoborem wody w różnych stadiach rozwojowych roślin. Dane fenotypowe w połączeniu z wynikami genotypowania populacji za pomocą markerów molekularnych stanowią podstawę tworzenia map genetycznych oraz identyfikacji rejonów genomu odpowiedzialnych za kształtowanie się cech jakościowych i ilościowych plonu oraz właściwości reologicznych ziarna. Badania te są uzupełniane przez otrzymywanie linii podwojonych haploidów pszenicy i pszenżyta w kulturach pylnikowych. Ważnym elementem prac realizowanych w Zakładzie Biotechnologii są badania dotyczące modyfikacji genetycznej roślin, które prowadzone są w dwóch kierunkach. Jednym z nich jest zwiększenie potencjału wytwarzania biomasy u roślin energetycznych, głównie gatunków i mieszańców traw olbrzymich z rodzaju *Miscanthus*. Drugim kierunkiem jest wykorzystanie roślin transgenicznych tytoniu i sałaty oraz metod ekspresji przejściowej do produkcji biofarmaceutyków. Prowadzone są badania nad otrzymaniem w roślinnych układach ekspresyjnych doustnych i iniekcyjnych szczepionek przeciwko HBV oraz innym patogenom.

Zakład Biotechnologii obejmuje cztery zespoły badawcze: Zespół Fenotypowania i Genotypowania Zbóż, Zespół Bioinżynierii, Zespół Roślin Energetycznych oraz Zespół Biochemii i Technologii Zbóż.

Zespół Fenotypowania i Genotypowania Zbóż



Lider: prof. dr hab. Maria Surma

Skład: prof. dr hab. Tadeusz Adamski, dr Karolina Krystkowiak, dr Anetta Kuczyńska, mgr Krzysztof Mikołajczak (doktorant), mgr Piotr Ogródowicz (doktorant), mgr Renata Trzeciak, Alina Anioła, Renata Holewińska

Zespół prowadzi badania z zakresu genetyki i genomiki ilościowej, głównie pszenicy i jęczmienia. Obiektem badań są populacje linii homozygotycznych uzyskiwanych różnymi technikami, które są fenotypowane w warunkach szklarniowych i polowych. Celem badań jest poszukiwanie zależności między obserwowaną zmiennością na poziomie fenotypu ze zmiennością na poziomie molekularnym. Analizowane są cechy użytkowe związane z ilością i jakością plonu oraz odpornością na stresy biotyczne i abiotyczne.

Profil badawczy:

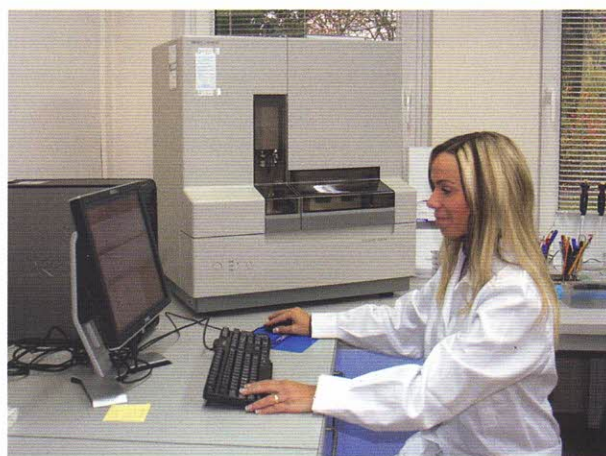
- mapy genetyczne i lokalizacja loci dla cech ilościowych,
- efekty plejotropowe genu półkarłowatości u jęczmienia,
- genetyczne uwarunkowanie jakości technologicznej ziarna pszenicy,
- reakcja na długość dnia a zdolność adaptacyjna u pszenicy,
- opracowywanie metod szybkiej homozygotyzacji mieszańców zbóż i roślin strączkowych.

Metody:

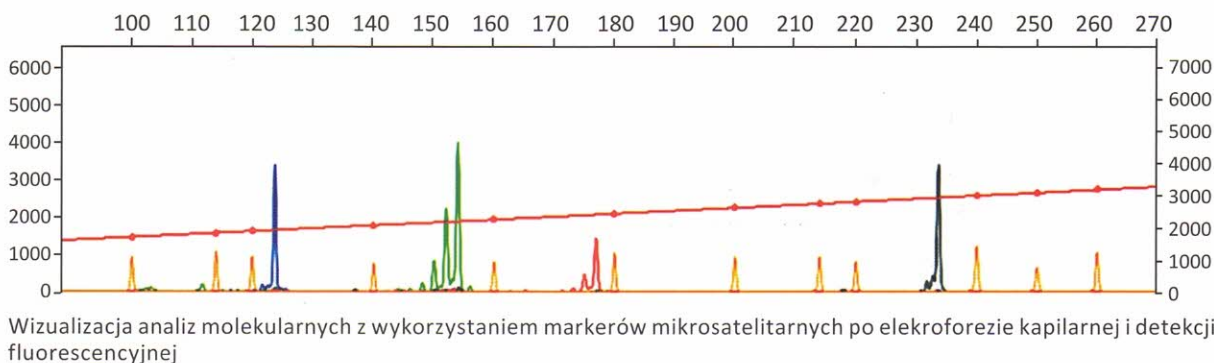
- kultury *in vitro*,
- analizy molekularne,
- doświadczenia polowe i szklarniowe,
- metody biometryczne i statystyczne analizy danych.

Wybrane publikacje:

- KUCZYŃSKA A., MIKOŁAJCZAK K., ĆWIEK H. (2014). Pleiotropic effects of the *sdw1* locus in barley populations representing different rounds of recombination. *Electron. J. Biotechnol.* 17: 217-223.
- ADAMSKI T., KRYSKOWIAK K., KUCZYŃSKA A., MIKOŁAJCZAK M., OGRADOWICZ P., PONITKA A., SURMA M., ŚLUSARKIEWICZ-JARZINA A. (2014). Segregation distortion in homozygous lines obtained via anther culture and maize doubled haploid methods in comparison to single seed descent in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Electron. J. Biotechn.* 17: 6-13.
- KUCZYŃSKA A., SURMA M., ADAMSKI T., MIKOŁAJCZAK K., KRYSKOWIAK K., OGRADOWICZ P. (2013). Effects of the semi-dwarfing *sdw1/denso* gene in barley. *J. Appl. Genet.* 54(4): 381-390.
- SURMA M., ADAMSKI T., ŚWIĘCICKI W., BARZYK P., KACZMAREK Z., KUCZYŃSKA A., KRYSKOWIAK K., MIKOŁAJCZAK K., OGRADOWICZ P. (2013). Preliminary results of in vitro culture of pea and lupin embryos for the reduction of generation cycles in single seed descent technique. *Acta Soc. Bot. Pol.* 82(3): 231-236.
- KUCZYŃSKA A., KOSMAŁA A., SURMA M., ADAMSKI T. (2012). Identification of tillering node proteins differentially accumulated in barley recombinant inbred lines with different juvenile growth habits. *Int. J. Mol. Sci.* 13: 10410-10423.
- SALMANOWICZ B., ADAMSKI T., SURMA M., KACZMAREK Z., KRYSKOWIAK K., KUCZYŃSKA A., BANASZAK Z., ŁUGOWSKA B., MAJCHER M., OBUCHOWSKI W. (2012). The relationship between grain hardness, dough mixing parameters and bread-making quality in winter wheat. *Int. J. Mol. Sci.* 13: 4186-4201.
- SURMA M., ADAMSKI T., BANASZAK Z., KACZMAREK Z., KUCZYŃSKA A., MAJCHER M., ŁUGOWSKA B., OBUCHOWSKI W., SALMANOWICZ B., KRYSKOWIAK K. (2012). Effect of genotype, environment and their interaction on quality parameters of wheat breeding lines of diverse grain hardness. *Plant Prod. Sci.* 15(3): 192-203.
- KUCZYŃSKA A., WYKA T. (2011). The effect of the *denso* dwarfing gene on morpho-anatomical characters in barley recombinant inbred lines. *Breeding Sci.* 61: 275-280.



Badania nad polimorfizmem markerów molekularnych wykorzystywanych w kontroli odmian zbóż o zróżnicowanej odporności na niedobór wody



Wizualizacja analiz molekularnych z wykorzystaniem markerów mikrosatelitarnych po elektroforezie kapilarnej i detekcji fluorescencyjnej

Zespół Bioinżynierii



Lider: dr hab. Tomasz Pniewski

Skład: dr Aurelia Ślusarkiewicz-Jarzina, mgr Marcin Czyż (doktorant), mgr Karolina Malec (doktorantka), mgr inż. Marcin Pyrski (doktorant), mgr Hanna Pudelska, Teresa Szcześniak

WZespole Bioinżynierii prowadzone są badania nad otrzymywaniem linii podwojonych haploidów (DH) zbóż oraz nad modyfikacjami genetycznymi roślin. Linie DH z mieszańców pszenicy, pszenżyta i amfiploidów (\times *Triticosecale* \times *Aegilops* spp.) wyprowadzane są z wykorzystaniem kultur pylnikowych, co umożliwia otrzymanie w krótkim okresie linii homozygotycznych. Linie DH stanowią materiał wyjściowy do prac nad uzyskaniem form mieszańcowych stabilnych genetycznie dla potrzeb badań podstawowych i hodowlanych. Modyfikacje genetyczne roślin prowadzone są w dwóch kierunkach. Pierwszym z nich jest wytwarzanie w roślinach (tytoń, sałata) biofarmaceutyków, przede wszystkim szczepionek doustnych i iniekcyjnych. Prace prowadzone są głównie nad profilaktyczną szczepionką przeciwko wirusowi zapalenia wątroby typu B (wzwB, HBV), jak również nad szczepionką terapeutyczną przeciwko chronicznej postaci wzwB, szczepionką biwalentną przeciwko HBV i HIV oraz zastosowaniu nośników białkowych dla epitopów różnych antygenów. W ostatnim okresie, wspólnie z Zespołem Roślin Energetycznych, rozpoczęto również badania nad regeneracją i transformacją miskanta (*Miscanthus* spp.) w celu zwiększenia potencjału biotechnologicznego tego gatunku, w szczególności wykorzystania biomasy do produkcji bioetanolu. Prowadzone są także badania nad modyfikacją genetyczną miskanta w kierunku zmiany zawartości cukrów i składu oraz struktury ścian komórkowych w celu zwiększenia wydajności produkcji bioetanolu z biomasy ligno-celulozowej.

Profil badawczy:

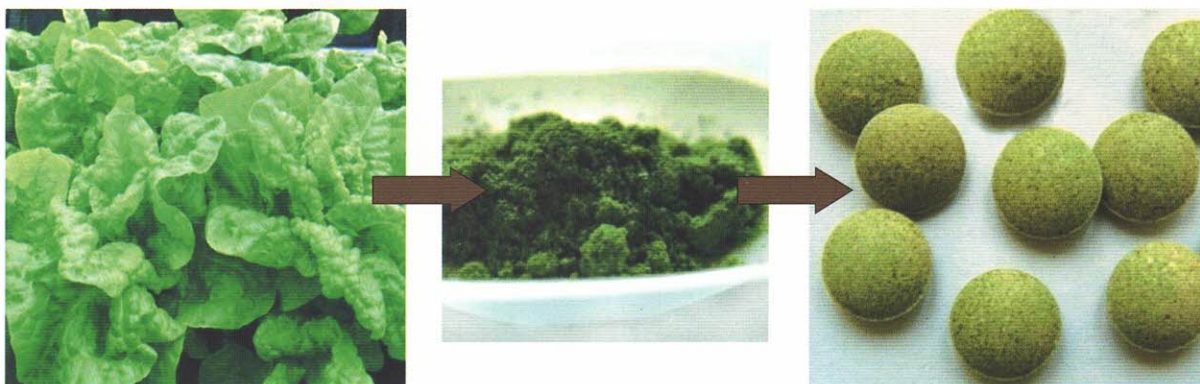
- otrzymywanie linii DH z mieszańców pszenicy, pszenżyta i amfiploidów (\times *Triticosecale* \times *Aegilops* spp.),
- produkcja białek antygenowych w roślinach,
- przetwarzanie materiału roślinnego do form szczepionek doustnych i iniekcyjnych,
- opracowanie efektywnej immunizacji doustnej oraz iniekcyjno-doustnej,
- wykorzystanie VLPs i CLPs jako nośników dla epitopów białek o właściwościach szczepionek,
- opracowanie metod transformacji i regeneracji miskanta,
- otrzymanie transgenicznego miskanta o zmienionych właściwościach biomasy.

Metody:

- kultury roślin *in vitro*: mikrorozmnażanie, kultury kalusa i organogeneza zbóż, kultury pylnikowe i otrzymywanie linii podwojonych haploidów,
- transformowanie za pomocą *Agrobacterium* i regeneracja roślin transgenicznych (tytoń, sałata, miskant i inne),
- techniki rekombinacji DNA *in vitro*,
- analizy DNA za pomocą PCR i Southern blot,
- analizy białek z wykorzystaniem testów immunoenzymatycznych (ELISA) i Western blot,
- liofilizacja materiału roślinnego i oczyszczanie białek (tytoń, sałata) dla potrzeb immunizacji,
- analizy klas i podklas przeciwciał w humoralnej odpowiedzi immunologicznej.

Wybrane publikacje:

- PNIEWSKI T. (2013). The twenty-year story of a plant-based vaccine against hepatitis B: stagnation or promising prospects? *Int. J. Mol. Sci.* 14: 1978-1998.
- PNIEWSKI T. (2012). Is an oral plant-based vaccine against Hepatitis B Virus possible? *Curr. Pharm. Biotech.* 13: 2692-2704.
- PNIEWSKI T., KAPUSTA J., BOCIĄG P., KOSTRZAK A., FEDOROWICZ-STROŃSKA O., CZYŻ M., GDULA M., KRAJEWSKI P., WOLKO B., PŁUCIENNICZAK A. (2012). Plant expression, lyophilisation and storage of HBV medium and large surface antigens for a prototype oral vaccine formulation. *Plant Cell Rep.* 31: 585-595.
- PNIEWSKI T., KAPUSTA J., BOCIĄG P., WOJCIECHOWICZ J., KOSTRZAK A., GDULA M., FEDOROWICZ-STROŃSKA O., WÓJCIK P., OTTA H., SAMARDAKIEWICZ S., WOLKO B., PŁUCIENNICZAK A. (2011). Low-dose oral immunization with lyophilized tissue of herbicide-resistant lettuce expressing hepatitis B surface antigen for prototype plant-derived vaccine tablet formulation. *J. Appl. Genet.* 52: 125-136.
- KAPUSTA J., PNIEWSKI T., WOJCIECHOWICZ J., BOCIĄG P., PŁUCIENNICZAK A. (2010). Nanogram doses of alum-adjuvanted HBs antigen induces humoral immune response in mice when orally administered. *Arch. Immunol. Ther. Exp.* 58: 143-151.
- KOSTRZAK A., CERVANTES GONZALEZ M., GUETARD D., NAGARAJU D.B., WAIN-HOBSON S., TEPFER D., PNIEWSKI T., SALA M. (2009). Oral administration of low doses of plant-based HBsAg induced antigen-specific IgAs and IgGs in mice, without increasing levels of regulatory T cells. *Vaccine* 27: 4798-4807.
- PONITKA A., ŚLUSARKIEWICZ-JARZINA A. (2009). Regeneration of oat androgenic plants in relation to induction media and culture conditions of embryo-like structures. *Acta Soc. Bot. Pol.* 78: 209-213.



Otrzymywanie prototypowej szczepionki doustnej przeciwko HBV w formie tabletki z liofilizowanych liści sałaty produkującej podjednostkę S antygenu powierzchniowego wirusa (S-HBstg)

Zespół Roślin Energetycznych



Lider: prof. dr hab. Stanisław Jeżowski
Skład: dr Katarzyna Głowacka, mgr Szymon Ornatowski, mgr Joanna Cerazy (doktorantka)

Celem badań jest poszerzenie zmienności genetycznej pod względem plonu biomasy i jego jakości u traw olbrzymich z rodzaju *Miscanthus* i prosa wiechowatego (*Panicum virgatum*). Prowadzone są także prace nad poznaniem genetycznego uwarunkowania wybranych cech użytkowych oraz określeniem wpływu stresów biotycznych i abiotycznych na wzrost, rozwój i plonowanie wyselekcjonowanych rodów. Materiał do badań stanowią rośliny pozyskane z kolekcji światowych. Zmienność w obrębie rodzaju *Miscanthus* indukowana jest na drodze krzyżowań międzygatunkowych i międzyrodzajowych z wykorzystaniem techniki *in vitro* (kultura niedojrzałych zarodków, poliploidyżacja poprzez kalus, kultura pylników) jak i metodami klasycznymi. Wartość użytkowa otrzymanych rodów określona zostanie na podstawie w serii doświadczeń polowych.

Profil badawczy:

- naturalna zmienność genetyczna traw z rodzaju *Miscanthus* i gatunku *Panicum virgatum*,
- poszerzanie zmienności genetycznej wybranych genotypów traw energetycznych poprzez krzyżowanie, poliploidyżację, haploidyżację i transformacje genetyczne,
- odporność badanych traw energetycznych na stresse abiotyczne (niskich temperatur i suszy),
- selekcja genotypów traw energetycznych w kierunku plonu biomasy pod względem ilościowym i jakościowym jako surowca dla produkcji biopaliw.

Metody:

- ocena zmienności fenotypowej – doświadczenia polowe i szklarniowe,
- ocena zmienności genetycznej – metody analizy DNA z wykorzystaniem procedur PCR-AFLP,
- poliploidyżacja, haploidyżacja i transformacja – z wykorzystaniem technologii kultur *in vitro* i inżynierii genetycznej.

Wybrane publikacje:

- GŁOWACKA K., KACZMAREK Z. AND JEŻOWSKI S. (2012). Androgenesis in the bioenergy plant *Miscanthus sinensis*: From calli induction to plant regeneration. *Crop Sci.* 52: 2659-2673.
- SWAMINATHAN K., CHAE B., MITROS T., VARALA K., XIE L., BRLING A., GŁOWACKA K., JEŻOWSKI S., MING R., HUDSON M., JUVIK A., D., ROKHSAR S. AND MOOSE S., P. (2012). A framework genetic map for *Miscanthus sinensis* from RNAseq-basaed markers shows recent tetraploidy. *BMC Genomics* 13: 142-159.
- JEŻOWSKI S., GŁOWACKA K., KACZMAREK Z. (2011). Variation in biomass yield and morphological traits of energy grasses from the genus *Miscanthus* during the first years of crop establishment. *Biomass and Bioenergy* 35: 814-821.
- JEŻOWSKI S., GŁOWACKA K., KACZMAREK Z., SZCZUKOWSKI S. (2011). Yield traits of eight *Salix viminalis* clones in the first three years following planting. *Biomass Bioenergy*. 35: 1205-1210.
- GŁOWACKA K., JEŻOWSKI S., KACZMAREK Z. (2010). In vitro induction of polyploids in two *Miscanthus* species by treatment of shoots with colchicine. *Ind. Crops Prod.* 32: 88-96.
- GŁOWACKA K., JEŻOWSKI S., KACZMAREK Z. (2010). Impact of colchicine application during callus induction and callus regeneration on micropropagation and polyploidyztation rates in two *Miscanthus* species. *In Vitro Cell. Dev. Biol.* 46: 161-171.
- GŁOWACKA K., JEŻOWSKI S., KACZMAREK Z. (2010). Effects of genotype, developmental stage of explant and induction medium on callus induction and plant regeneration in two *Miscanthus* species. *Plant Cell. Tiss. Org.* 102: 79-86.



Poletka doświadczalne *Miscanthus* w fazie kwitnienia

Zespół Biochemii i Technologii Zbóż



Lider: prof. dr hab. inż. Bolesław Salmanowicz
Skład: dr Monika Langner, mgr Sławomir Franaszek (doktorant), Ewa Dopiera

Prace badawcze realizowane w ramach Zespołu w znacznym stopniu ukierunkowane są na ocenę wpływu składu bielma ziarniaków na cechy jakościowe zbóż (pszenica, pszenżyto, żyto, owies). Opracowywane są metody biochemiczne, molekularne i reologiczne przeprowadzane w mikroskali dla oceny wartości użytkowej pszenicy i pszenżyta na wstępnych etapach selekcji hodowlanej.

Profil badawczy:

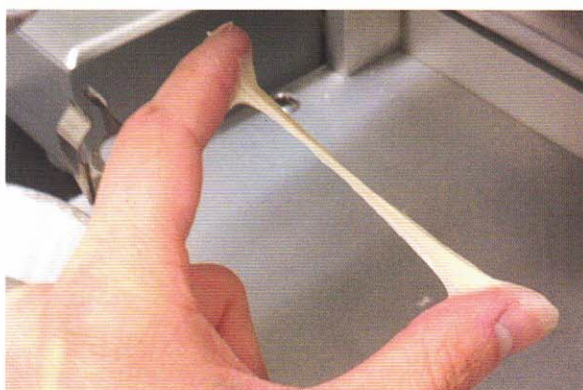
- analiza zmienności genetycznej źródeł cech jakościowych ziarna pszenicy i pszenżyta – zastosowanie markerów białkowych i molekularnych w selekcji,
- ocena jednorodności i tożsamości odmianowej oraz bioróżnorodności zbóż przy zastosowaniu metod elektroforetycznych, chromatograficznych i molekularnych,
- analiza zmienności cech jakościowych linii introgresywnych pszenicy i pszenżyta z wprowadzonymi fragmentami genomu dzikich gatunków z rodzajów *Triticum*, *Aegilops* i *Agropyron*,
- badanie wpływu interakcji genotypowo-środowiskowej na zmienność składu ilościowego białek zapasowych ziarna zbóż (pszenica, pszenżyto, żyto, jęczmień i owies),
- wykorzystanie metod reologicznych w mikroskali do oceny wartości wypiekowej na wczesnym etapie selekcji materiałów hodowlanych pszenicy i pszenżyta.

Metody:

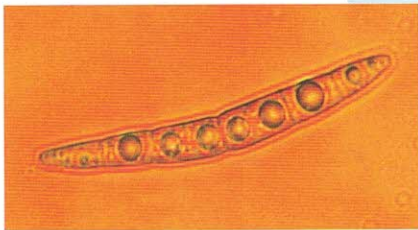
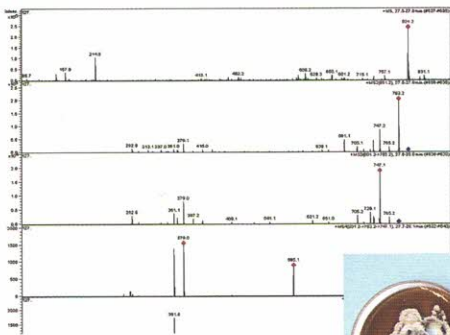
- elektroforetyczne: elektroforeza w żelu poliakrylamidowym w obecności siarczanu dodecylowego (SDS-PAGE), kwaśna elektroforeza w żelu poliakryloamidowym (A-PAGE), wysokosprawna elektroforeza kapilarna (wolnostrefowa, micelarna, żelowa, ogniskowania w punkcie izoelektrycznym),
- chromatograficzne: wysokosprawna i ultrasprawna chromatografia cieczowa (układ faz odwróconych, sączenia żelowego, jonowymienna),
- molekularne: PCR – identyfikacja genów markerami molekularnymi,
- biochemiczne: oznaczanie zawartości białka, skrobi, glutenu, liczby opadania i sedimentacji, oraz lepkości i zdolności amylolicznej ziarna zbóż (visco-amylograf),
- reologiczne: analizy deformacyjne ciasta i glutenu (teksturometr z przystawką Kieffer'a, Dough Inflation System, SMS), analiza miesienia ciasta (mikso- i farinograf), próbny wypiek.

Wybrane publikacje:

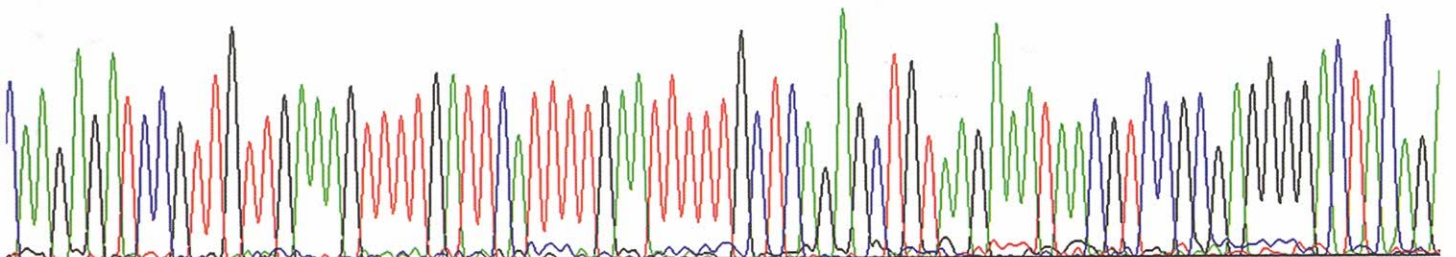
- SALMANOWICZ, B.P., LANGNER, M., FRANASZEK, S. (2014) . Charge-based characterisation of high-molecular-weight glutenin subunits from common wheat by capillary isoelectric focusing. *Talanta* 129: 9-14.
- SALMANOWICZ B.P., LANGNER M., WIŚNIEWSKA H., KWIATEK M., BŁASZCZYK L. (2013). Molecular, physicochemical and rheological characteristics of introgressive *Triticale/Triticum monococcum* ssp. *monococcum* lines with wheat 1D/1A chromosome substitution. *Int. J. Mol. Sci.*14: 15595-15614.
- SALMANOWICZ B.P., ADAMSKI T., SURMA M., KACZMAREK Z., KRYSKOWIAK K., KUCZYŃSKA A., BANASZAK Z., ŁUGOWSKA B., MAJCHER M, OBUCHOWSKI W. (2012). The relationship between grain hardness, dough mixing parameters and bread-making quality in winter wheat. *Int. J. Mol. Sci.* 13: 4186-4201.
- SALMANOWICZ B.P. (2010). CE determination of secaloindoline allelic forms in hexaploid triticale (*x Triticosecale* Wittmack). *J. Sep. Sci.* 33: 643-650.
- SALMANOWICZ B.P. (2010). Identification and characterization of high molecular weight secalins from triticale seeds by capillary electrophoresis. *Electrophoresis* 31: 2226-2235.
- SALMANOWICZ B.P., NOWAK J. (2009). Diversity of monomeric prolamins in triticale cultivars determined by capillary zone electrophoresis. *J. Agric. Food Chem.* 57:2119-2125.



Analizy składu bielma ziarniaków zbóż (pszenicy, żyta, pszenżyta) w powiązaniu z ich wartością wypiekową



350 360 370 380 390 400 410 420
 CAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTGATTCATTTTTGAATTTTTGCTCAGAGCTGTAAGAAATAACGTC CGCGAGGGGACTACGJ



ZAKŁAD GENETYKI PATOGENÓW I ODPORNOŚCI ROŚLIN

Kierownik: **prof. dr hab. Małgorzata Jędrzycka**
Z-ca kierownika: dr hab. Łukasz Stępień

Badania prowadzone w Zakładzie koncentrują się głównie na identyfikacji i charakterystyce sprawców chorób roślin uprawnych oraz poznaniu podstaw interakcji roślina-patogen na następujących modelach: (i) rzepak ozimy (*Brassica napus*) – *Leptosphaeria maculans*, *L. biglobosa* (sucha zgnilizna kapustnych), *Sclerotinia sclerotiorum* (zgnilizna twardzikowa), *Alternaria* spp. (czern kapustowatych) oraz *Plasmodiophora brassicae* (kiła kapusty); (ii) groch (*Pisum sativum*) – patogeny przenoszone z nasionami; (iii) różne gatunki łubinu (*Lupinus luteus*, *L. angustifolius*, *L. albus*, *L. mutabilis*) – *Glomerella cingulata/Colletotrichum lupini* (antraknoza) i *Diaporthe toxica* (brunatna plamistość łodyg); (iv) pszenica zwyczajna (*Triticum aestivum*) – patogeny rodzaju *Fusarium* (fuzarioza kłosa); (v) jęczmień ozimy (*Hordeum vulgare*) – *Ramularia collo-cygni* (ramularioza); (vi) wierzba wiciowa (*Salix viminalis*) – *Melampsora larici-epitea* (rdza). Celem badań jest także poznanie mechanizmów oddziaływań roślin i ich patogenów w układzie z grzybami nadpasożytniczymi z rodzajów *Trichoderma* i *Clonostachys*. Prace badawcze mające na celu identyfikację i mapowanie poszczególnych genów odporności u roślin prowadzone są przy zastosowaniu różnorodnych metod fitopatologicznych, genetycznych, cytogenetycznych oraz technik biologii molekularnej. Przedmiotem zainteresowania jest także udział niskocząsteczkowych bioaktywnych metabolitów wtórnych roślin i grzybów chorobotwórczych w interakcji tych organizmów oraz badania roli metabolitów wtórnych w reakcjach odpornościowych roślin. Identyfikacja nieznanych metabolitów oraz próby określenia roli tych związków w reakcji na stresy środowiskowe prowadzone są przy zastosowaniu technik ultrasprawnej chromatografii cieczowej (UPLC) i wysokosprawnej chromatografii cieczowej (HPLC) ze spektrometrią mas (MS).

W skład Zakładu wchodzi 3 zespoły badawcze: Zespół Fitopatologii Molekularnej, Zespół Interakcji Roślina-Mikroorganizm i Zespół Metabolomiki. Dwóch pracowników Zakładu wchodzi w skład międzyzakładowego Zespołu Ewolucji Funkcji Systemów Biologicznych.

Zespół Fitopatologii Molekularnej



Lider: prof. dr hab. Małgorzata Jędryczka

Skład: dr Joanna Kaczmarek, mgr inż. Witold Irzykowski, mgr inż. Paweł Serbiak (doktorant), Romana Wawrzyniak, Magdalena Właszczyk

Celem badawczym Zespołu jest opracowanie metod detekcji grzybów chorobotwórczych wobec roślin uprawnych w powietrzu, glebie i w tkankach roślin-gospodarzy, w celu identyfikacji gatunków i ras patogenów oraz wspomagania strategii ich zwalczania. Interesuje nas mechanizm przełamania odporności genetycznej roślin poprzez zmiany składu populacji patogenów oraz zestawu genów awirulencji. Badania nad etiologią i epidemiologią dotyczą chorób powodowanych przez patogeny z królestwa grzybów (*Fungi*), w tym grzyby nekrotroficzne (głównie z rodzajów: *Alternaria*, *Fusarium*, *Leptosphaeria* i *Sclerotinia*), jak też biotroficzne (*Melampsora*). Obecnie badaniami objęto także *Plasmodiophora brassicae* – przedstawiciela pierwotniaków (*Protista*).

Profil badawczy:

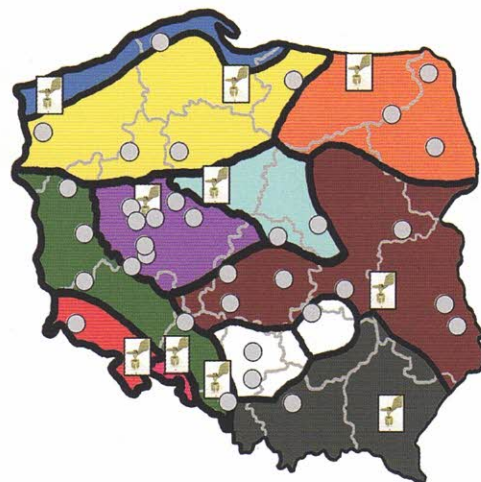
- izolacja i identyfikacja mykologiczna i molekularna grzybów chorobotwórczych wobec roślin uprawnych z roślin i środowiska,
- identyfikacja genów awirulencji i ocena polimorfizmu genetycznego patogenów,
- poszukiwanie źródeł odporności genetycznej roślin na choroby powodowane przez patogeny,
- mikroskopowa i molekularna detekcja aerobiologiczna inkulum pierwotnego patogenów.

Metody:

- identyfikacja chorób roślin uprawnych na podstawie objawów makroskopowych,
- izolacja i hodowla grzybów chorobotwórczych na podłożach mikrobiologicznych,
- doświadczalnictwo w warunkach polowych i biosty szklarniowe z zastosowaniem różnych technik inokulacyjnych,
- analiza mikroskopowa,
- ocena grup zgodności grzybniowej (MCG), identyfikacja genów awirulencji i typów kojarzeniowych,
- klasyczna i molekularna detekcja aeroplanktonu metodami aerobiologicznymi,
- analiza markerów molekularnych (RAPD, CAPS, ISSR, mikro- i makrosatelity), izolacja genomowego DNA, projektowanie starterów, reakcje PCR, Real-time PCR, elektroforeza w żelu agarozowym i w pulsującym polu elektrycznym PFGE)
- sekwencjonowanie fragmentów DNA.

Wybrane publikacje:

- PAUKSZTA D., JĘDRYCZKA M., BINKIEWICZ M. (2013). Mechanical properties of polypropylene composites filled with the straw of oilseed rape infested by the fungal pathogen *Sclerotinia sclerotiorum*. J. Compos. Mater. 47: 4061-4017.
- WACHOWSKA U., IRZYKOWSKI W., JĘDRYCZKA M., STASIULEWICZ-PALUCH A.D., GŁOWACKA K. (2013). Biological control of winter wheat pathogens with the use of antagonistic *Sphingomonas* bacteria under greenhouse conditions. BioControl Sci. Technol. 23: 1100-1122.
- ZHANG X., WHITE R.P., DEMIR E., JĘDRYCZKA M., LANGE R.M., ISLAM M., LI Z.Q., HUANG Y.J., HALL A.M., ZHOU G., WANG Z., CAI X., SKELSEY P., FITT B.D.L. (2013). *Leptosphaeria* spp., phoma stem canker and potential spread of *L. maculans* on oilseed rape crops in China. Plant Pathol. doi: 10.1111/ppa.12146
- DAWIDZIUK A., KACZMAREK J., JĘDRYCZKA M. (2012). The effect of winter weather conditions on the ability of pseudothecia of *Leptosphaeria maculans* and *L. biglobosa* to release ascospores. Europ. J. Plant Pathol. 134: 329-343.
- KACZMAREK J., JĘDRYCZKA M., COOLS H., FITT B.D.L., LUCAS J.A., LATUNDE-DADA A.O. (2012). Quantitative PCR analysis of abundance of airborne propagules of *Leptosphaeria* species in air samples from different regions of Poland. Aerobiologia 28: 199-212.
- PRZYBOROWSKI J.A., JĘDRYCZKA M., CISZEWSKA-MARCINIAK J., SULIMA P., WOJCIECHOWICZ K.M., ZENKTELER E. (2012). Evaluation of the yield potential and physicochemical properties of the biomass of *Salix viminalis* × *Populus tremula* hybrids. Ind. Crops Prod. 36: 549-554.



Lokalizacja pułapek wolumetrycznych oraz punktów oceny dojrzewania owocników grzybów *Leptosphaeria maculans* i *L. biglobosa* – wywołujących suchą zgniliznę kapustnych u rzepaku, wykorzystanych do opracowania modelu SimAsco w Systemie Prognozowania Epidemii Chorób (www.spec.edu.pl)



Wykrywanie obecności grzyba *Sclerotinia sclerotiorum* w płatkach rzepaku (zmiana zabarwienia pożywki na kolor żółty, spowodowana wydzielaniem kwasu szczawiowego)

Zespół Interakcji Roślina-Mikroorganizm



Lider: dr hab. Łukasz Stępień

Skład: prof. dr hab. Jerzy Chełkowski, dr Lidia Błaszczyk, mgr inż. Judyta Strakowska (doktorantka), mgr inż. Monika Urbaniak (doktorantka), mgr Karolina Górna

Wśród zainteresowań naukowych zespołu można wyróżnić dwa zasadnicze nurty. Jeden związany jest z patogenicznymi grzybami toksynotwórczymi (głównie z rodzaju *Fusarium*) infekującymi rośliny uprawne i zdolnymi do syntezy toksycznych metabolitów wtórnych – mikotoksyn. Głównym celem badań jest analiza genetycznych podstaw biosyntezy poszczególnych związków przez różne gatunki grzybów, a także poznanie elementów wpływających na aktywności tych szlaków metabolicznych. Z drugiej zaś strony, badania koncentrują się na grzybach z rodzajów *Trichoderma* i *Clonostachys*, o właściwościach nadpasożytniczych względem grzybów *Fusarium*. Celem tych badań jest poznanie molekularnych mechanizmów warunkujących zdolność grzybów antagonistycznych do rozkładu/detoksyfikacji mikotoksyn fuzaryjnych.

Profil badawczy:

- izolacja i identyfikacja mikologiczna i molekularna grzybów chorobotwórczych wobec roślin uprawnych,
- izolacja, identyfikacja i charakterystyka molekularna antagonistycznych grzybów z rodzajów *Trichoderma* i *Clonostachys*,
- analiza toksynotwórczości grzybów *Fusarium* – identyfikacja genów z poszczególnych szlaków metabolicznych oraz analiza toksyn syntetyzowanych w kulturach *in vitro*,
- ocena aktywności enzymatycznych poszczególnych szczepów grzybów antagonistycznych,
- analiza szybkości i intensywności transformacji mikotoksyn fuzaryjnych przez szczepy antagoni-styczne w hodowlach płynnych,
- identyfikacja genów i enzymów biorących udział w biotransformacji mikotoksyn fuzaryjnych.

Metody:

- identyfikacja chorób roślin uprawnych na podstawie objawów makroskopowych,
- izolacja grzybów z próbek środowiskowych i prowadzenie hodowli ich kultur na pożywkach stałych i płynnych,
- analiza mikroskopowa,
- analiza markerów RAPD, SCAR, AFLP, SSR oraz markerów filogenetycznych – izolacja genomowego DNA i RNA, reakcje PCR, RT-PCR,
- klonowanie i sekwencjonowanie fragmentów DNA,
- analizy biochemiczne aktywności enzymatycznych.

Wybrane publikacje:

- STĘPIEŃ Ł. (2014). The use of *Fusarium* secondary metabolite biosynthetic genes in chemotypic and phylogenetic studies. *Crit. Rev. Microbiol.* 40: 176-185
- BŁASZCZYK L., SIWULSKI M., SOBIERALSKI K., FRUŻYŃSKA-JÓŹWIĄK D. (2013). Diversity of *Trichoderma* spp. causing *Pleurotus* green mould diseases in Central Europe. *Folia Microbiol.* 58: 325-33.
- JELEŃ H., BŁASZCZYK L., CHEŁKOWSKI J., ROGOWICZ K., STRAKOWSKA J. (2013). Formation of 6-n-pentyl-2H-pyran-2-one (6-PAP) and other volatiles by different *Trichoderma* species. *Mycol. Prog.* doi: 10.1007/s11557-013-0942-2.
- STĘPIEŃ Ł., JESTOI M., CHEŁKOWSKI J. (2013). Cyclic hexadepsipeptides in wheat field samples and esyn1 gene divergence among enniatin producing *Fusarium avenaceum* strains. *World Mycotoxin J.* 6: 399-409.
- STĘPIEŃ Ł., KOCZYK G., WAŚKIEWICZ A. (2013). Diversity of *Fusarium* species and mycotoxins contaminating pineapple. *J. Appl. Genet.* 54: 367-380.
- STĘPIEŃ Ł., WAŚKIEWICZ A. (2013). Sequence divergence of the enniatin synthase gene in relation to production of beauvericin and enniatins in *Fusarium* species. *Toxins* 5: 537-55
- WAŚKIEWICZ A., STĘPIEŃ Ł., WILMAN K., KACHLICKI P. (2013). Diversity of pea-associated *F. proliferatum* and *F. verticillioides* populations revealed by *FUM1* sequence analysis and fumonisin biosynthesis. *Toxins* 5: 488-503.
- BŁASZCZYK L., POPIEL D., CHEŁKOWSKI J., KOCZYK G., SAMUELS G. J., SOBIERALSKI K., SIWULSKI M. (2011). Species diversity of *Trichoderma* in Poland. *J. Appl. Genet.* 52: 233-243.
- STĘPIEŃ Ł., KOCZYK G., WAŚKIEWICZ A. (2011). FUM cluster divergence in fumonisins-producing *Fusarium* species. *Fungal Biol.* 115: 112-123.



Izolacja grzybów mikroskopowych z nasion grochu (*Pisum sativum*)



Test antagonistyczny: *Trichoderma atroviride* i *Trichoderma gamsii* – *Fusarium culmorum*

Zespół Metabolomiki



Lider: prof. dr hab. Piotr Kachlicki

Skład: dr Anna Piasecka, mgr inż. Magdalena Biegańska, mgr Mariusz Czyżniejewski (doktorant), Barbara Kalemba

Zespół specjalizuje się w badaniach aktywnych biologicznie metabolitów wtórnych roślin oraz ich patogenów grzybowych, a także udziału tych związków w procesach infekcji i rozwoju choroby. Ponadto przedmiotem badań jest udział metabolitów wtórnych w odpowiedzi roślin na stresy środowiskowe (susza, mróz). Celem tych prac jest identyfikacja związków niskocząsteczkowych wytwarzanych przez badane organizmy przy zastosowaniu metod spektrometrii mas i NMR oraz oznaczanie ich ilościowej zawartości przy zastosowaniu metod wysokosprawnej chromatografii cieczowej. We współpracy z innymi zespołami IGR PAN wyniki tych eksperymentów są integrowane z wynikami doświadczeń fizjologicznych, fitopatologicznych i genetycznych w celu poszukiwania korelacji między różnymi procesami odpornościowymi roślin. W ostatnich latach badaniami objęto między innymi: glukozyzyny u rodzaju *Brassica*, flawonoidy i inne związki fenolowe u roślin strączkowych (*Lupinus* spp., *Medicago truncatula*, *Pisum sativum*), jęczmienia (*Hordeum vulgare*) i traw pastewnych kompleksu *Lolium-Festuca* oraz u *Arabidopsis thaliana*, a także metabolity wtórne grzybów chorobotwórczych *Leptosphaeria* spp., *Fusarium* spp., *Pyrenophora* spp., *Colletotrichum* spp., *Ramularia collo-cygni*.

Profil badawczy:

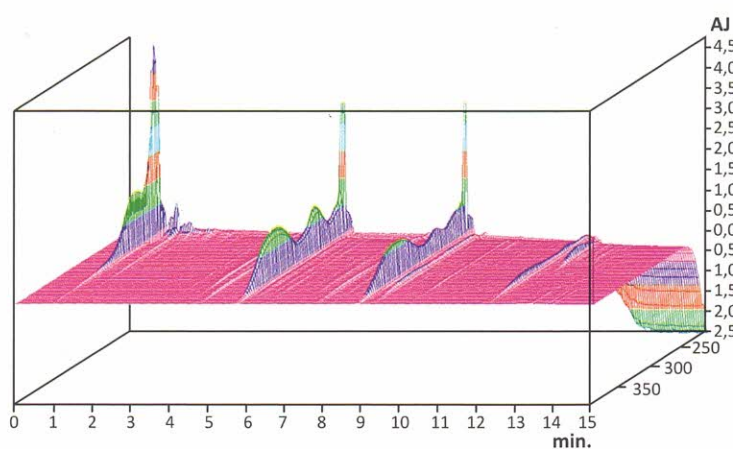
- identyfikacja metabolitów wtórnych roślin i grzybów chorobotwórczych,
- analiza ilościowa związków niskocząsteczkowych,
- badania aktywności biologicznej metabolitów wtórnych w interakcji roślina-patogen oraz w odpowiedzi roślina na stresy abiotyczne.

Metody:

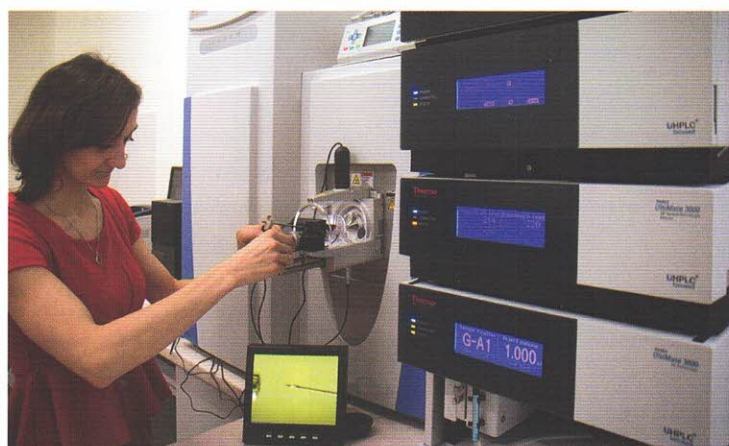
- metody spektrometrii mas i spektroskopii NMR do analizy strukturalnej metabolitów wtórnych,
- chromatografia preparatywna metabolitów wtórnych,
- wysokosprawna i ultrasprawna chromatografia cieczowa.

Wybrane publikacje:

- WOJAKOWSKA A., PIASECKA A., GARCIA-LOPEZ P.M., ZAMORA-NATERA F., KRAJEWSKI P., MARCZAK L., KACHLICKI P., STOBIECKI M. (2013). Structural analysis and profiling of phenolic secondary metabolites of Mexican lupine species using LC-MS techniques. *Phytochemistry* 92: 71-86.
- WOJAKOWSKA A., MUTH D., NAROŻNA D., MĄDRZAK C., STOBIECKI M., KACHLICKI P. (2013). Changes of phenolic secondary metabolite profiles in the reaction of narrow leaf lupin (*Lupinus angustifolius*) plants to infections with *Colletotrichum lupini* fungus or treatment with its toxin. *Metabolomics* 9: 575-589.
- OZAROWSKI M., MIKOLAJCZAK P.L., BOGACZ A., GRYSZCZYŃSKA A., KUJAWSKA M., JODYNIS-LIEBERT J., PIASECKA A., NAPIE-CZYŃSKA H., SZULC M., KUJAWSKI R., BARTKOWIAK-WIECZOREK J., CICHOCKA J., BOBKIEWICZ-KOZŁOWSKA T., CZERNY B., MROZIKIEWICZ P.M. (2013). *Rosmarinus officinalis* L. leaf extract improves memory impairment and affects acetylcholinesterase and butyrylcholinesterase activities in rat brain. *Fitoterapia* 91: 261-271.
- SIGER A., CZUBIŃSKI J., DWIECKI K., KACHLICKI P., NOGALA-KALUCKA M. (2013). Identification and antioxidant activity of sinapic acid derivatives in *Brassica napus* L. seed meal extract. *Eur. J. Lipid Sci. Techn.* 115: 1130-1138.
- STOBIECKI M., KACHLICKI P. (2013). Liquid chromatography mass spectrometry analysis of flavonoids. W: *The Handbook of Plant Metabolomics – Metabolite Profiling and Networking Molecular Plant Biology* (W. Weckwerth and G. Kahl, Editors), Wiley-VCH, Weinheim, ISBN: 978-3-527-32777-5, str. 197-213.
- STOBIECKI M., STASZKÓW A., PIASECKA A., GARCIA-LOPEZ P.M., ZAMORA-NATERA F., KACHLICKI P. (2010). LC-MSMS Profiling of Flavonoid Conjugates in Wild Mexican Lupine *Lupinus reflexus*. *J. Nat. Prod.* 73: 1254-1260.
- JASIŃSKI M., KACHLICKI P., RODZIEWICZ P., FIGLEROWICZ M., STOBIECKI M. (2009). Changes in the profile of flavonoid accumulation in *Medicago truncatula* leaves during infection with fungal pathogen *Phoma medicaginis*. *Plant Physiol. Biochem.* 47: 847-853.



Rozdział metabolitów wtórnych z metanolego ekstraktu z liści jęczmienia (*Hordeum vulgare*) przy użyciu UPLC z fotodiodowym detektorem (PDA)



Spektrometr masowy wysokorozdzielczy Q-Exacte Orbitrap w połączeniu z nanoLC do analiz proteomicznych

ZAKŁAD GENOMIKI

Kierownik: prof. dr hab. Wojciech Świącicki

Z-ca kierownika: prof. dr hab. Barbara Naganowska

Obszarem badań realizowanych w Zakładzie Genomiki są analizy zmienności genomów roślinnych pod względem struktury i funkcji, przy użyciu różnych metod biologii oraz genetyki i cytogenetyki molekularnej. Celem prac dotyczących roślin strączkowych jest poznanie struktury genomów przedstawicieli trzech rodzajów – *Lupinus*, *Pisum* i *Lathyrus*. Badania grochu obejmują mapowanie genetyczne nowych genów oraz weryfikację uszeregowania loci w wybranych grupach sprzężeń. Uzyskane dane są wykorzystywane do generowania sekwencyjnie zdefiniowanych markerów molekularnych sprzężonych z cechami użytkowymi. Badania tego gatunku obejmują również określenie zakresu zmienności i sposobu dziedziczenia ilościowych cech użytkowych. Badania genomów gatunków z rodzaju *Lathyrus*, prowadzone na poziomie fenotypowym i molekularnym, uzupełniane są o analizy biochemiczne zawartości substancji antyżywnościowych. Na podstawie wielocechowej metody statystycznej określany jest stopień podobieństwa wewnątrz- i międzygatunkowego genomów tego rodzaju. Poszerzone badania, których obiektem jest łubin wąskolistny (*Lupinus angustifolius*), obejmują mapowanie genetyczne, fizyczne i cytogenetyczne. Dotyczą poznania sekwencji oraz analizy ekspresji genów uczestniczących w ważnych procesach życiowych (np. nodulacja, kwitnienie, synteza związków chemicznych) lub warunkujących cechy użytkowe (np. odporność na patogeny). Prowadzone są również porównawcze analizy genomu *L. angustifolius* z dostępnymi w bazach danych sekwencjami genomów innych roślin z rodziny Fabaceae, ukierunkowane na adnotację sekwencji kodujących oraz identyfikację regionów syntenicznych. Przedmiotem prac jest także łubin biały (*L. albus*), którego badania dotyczą m.in. genotypowania przez sekwencjonowanie oraz mapowania genetycznego. Cytogenetyczne mapowanie porównawcze różnych gatunków łubinów ma na celu wyjaśnienie ewolucyjnych przemian chromosomowych w obrębie rodzaju *Lupinus*. Badania zbóż obejmują analizy genomów mieszańców międzygatunkowych i międzyrodzajowych, uzyskanych poprzez krzyżowanie gatunków z rodzajów *Triticum*, *Aegilops* i *Agropyron* z uprawnymi formami pszenicy i pszenżyta. Do określenia składów chromosomowych badanych form stosowane są techniki cytogenetyki molekularnej polegające na hybrydyzacji sond molekularnych z DNA w chromosomach *in situ* podczas mitozy i mejozy. Celem tych prac jest poszerzenie bioróżnorodności pszenicy (*Triticum aestivum*), pszenżyta (*X Triticosecale*) i żyta (*Secale cereale*) w celu podniesienia wartości użytkowej oraz tolerancji na stresy biotyczne i abiotyczne nowych odmian.

W skład Zakładu Genomiki wchodzi trzy zespoły badawcze: Zespół Genomiki Strukturalnej i Funkcjonalnej Roślin Strączkowych, Zespół Genomiki Porównawczej Roślin Strączkowych oraz Zespół Genomiki Zbóż.

Zespół Genomiki Strukturalnej i Funkcjonalnej Roślin Strączkowych



Lider: prof. dr hab. Barbara Naganowska

Skład: prof. dr hab. Bogdan Wolko, dr Michał Książkiewicz, dr Karolina Susek, mgr Wojciech Bielski (doktorant), mgr inż. Anna Szczepaniak (doktorantka), mgr Sandra Rychel (doktorantka), mgr Katarzyna Wyrwa (doktorantka)

Zespół specjalizuje się w badaniach z zakresu genomiki funkcjonalnej i strukturalnej łąbinów. Gatunkiem referencyjnym dla tej grupy roślin jest łąbin wąskolistny (*Lupinus angustifolius*). Prace obejmują generowanie markerów molekularnych, mapowanie genetyczne i cytogenetyczne w celu utworzenia zintegrowanej mapy genomu *L. angustifolius*, a także identyfikację oraz analizę struktury i funkcji genów związanych z istotnymi procesami życiowymi i z ekspresją ważnych cech użytkowych. Badane są geny uczestniczące w procesie indukcji kwitnienia, w specyficznym dla grupy roślin strączkowych procesie symbiotycznego wiązania azotu atmosferycznego, geny związane z syntezą enzymów szlaku fenylopropanoidów i kwasów tłuszczowych oraz z odpornością na grzyby patogeniczne. Ponadto prowadzone są analizy porównawcze sekwencji wybranych regionów genomu *L. angustifolius*, bogatych w geny, z innymi gatunkami Fabaceae w celu określenia poziomu syntenii między analizowanymi genomami. Do prac został włączony również łąbin biały (*L. albus*), którego badania dotyczą genotypowania przez sekwencjonowanie i mapowania genetycznego. W celu określenia ewolucyjnych przemian chromosomowych w obrębie rodzaju *Lupinus* zostało podjęte cytogenetyczne mapowanie genomu różnych gatunków łąbinów.

Profil badawczy:

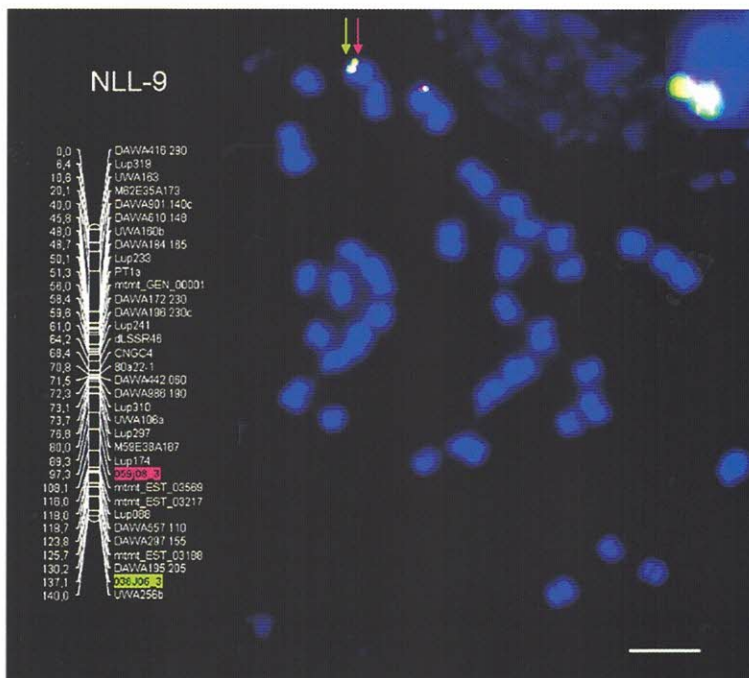
- analiza struktury i organizacji regionów genomu łąbinu wąskolistnego zawierających geny związane z ważnymi cechami użytkowymi,
- określanie liczby kopii genów w genomie,
- filogenetyka molekularna wybranych przedstawicieli z rodzaju *Lupinus*, ocena syntenii w obrębie rodzaju oraz pomiędzy łąbinami a innymi gatunkami roślin strączkowych,
- cytogenetyczny wgląd w strukturę genomu łąbinu wąskolistnego, żółtego i białego,
- analiza zmienności genetycznej łąbinu białego,
- generowanie markerów molekularnych sprzężonych z cechami o znaczeniu rolniczym oraz ocena przydatności tych markerów do selekcji pożądanych genotypów w pracach hodowlanych.

Metody:

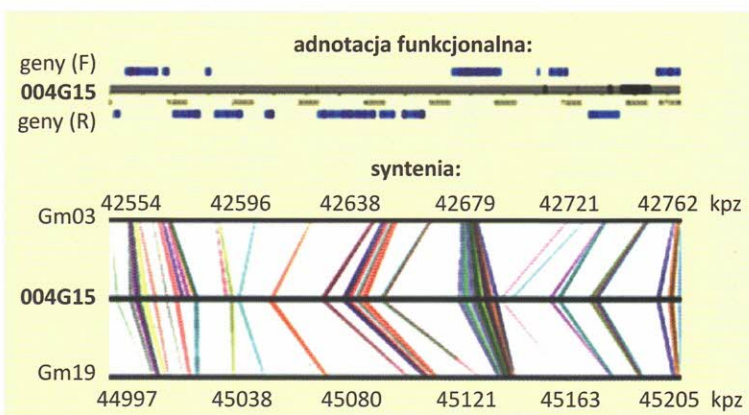
- selekcja klonów BAC z biblioteki genomu jądrowego *L. angustifolius* metodą hybrydyzacji sond z makromacierzami,
- restrykcyjny "fingerprinting" insertów klonów BAC i składanie kontigów,
- adnotacja funkcjonalna sekwencji klonów BAC,
- generowanie sekwencyjnie zdefiniowanych markerów molekularnych na podstawie sekwencji klonów BAC i znanych sekwencji gatunków pokrewnych,
- mapowanie genetyczne z wykorzystaniem programów komputerowych,
- mapowanie cytogenetyczne klonów BAC w chromosomach metodą BAC-FISH,
- genotypowanie przez sekwencjonowanie (GBS),
- Droplet Digital PCR.

Wybrane publikacje:

- KSIĄŻKIEWICZ M., WYRWA K., SZCZEPANIAK A., RYCHEL S., MAJCHERKIEWICZ K., PRZYSIECKA Ł., KARLOWSKI W., WOLKO B., NAGANOWSKA B. (2013). Comparative genomics of *Lupinus angustifolius* gene-rich regions: BAC library exploration, genetic mapping and cytogenetics. *BMC Genomics* 14: 79.
- WOLKO B., CLEMENTS J.C., NAGANOWSKA B., NELSON M.N., YANG H. (2011). *Lupinus*. In: *Wild Crop Relatives: Genomic and Breeding Resources. Legume Crops and Forages*. Chittaranjan Kole (ed.). Springer-Verlag Berlin Heidelberg 2011, pp. 153-206.
- LEŚNIEWSKA K., KSIĄŻKIEWICZ M., NELSON M.N., MAHÉ F., AĎNOUCHE A., WOLKO B., NAGANOWSKA B. (2011). Assignment of 3 genetic linkage groups to 3 chromosomes of narrow-leaved lupin. *J. Hered.* 102: 228-236.
- STRZALKA W., KACZMAREK A., NAGANOWSKA B., ZIEMIENOWICZ A. (2010). Identification and functional analysis of PCNA1 and PCNA-like1 genes of *Phaseolus coccineus*. *J. Exp. Bot.* 61: 873-888.
- NELSON M.N., MOOLHUIJZEN P.M., BOERSMA J.G., CHUDY M., LEŚNIEWSKA K., BELLGARD M., OLIVER R.P., ŚWIĘCICKI W., WOLKO B., COWLING W.A., ELLWOOD S.R. (2010). Aligning a new reference genetic map of *Lupinus angustifolius* with the genome sequence of the model legume, *Lotus japonicus*. *DNA Res.* 17: 73-83.
- KACZMAREK A., NAGANOWSKA B., WOLKO B. (2009). Karyotyping of the narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.) by using FISH, PRINS and computer measurements of chromosomes. *J. Appl. Genet.* 50: 77-82.



Lokalizacja genetyczna i fizyczna markerów molekularnych w grupie sprzężeń mapy genetycznej łubinu wąskolistnego



Wizualizacja syntenii pomiędzy sekwencją klonu BAC z łubinu wąskolistnego reprezentującego region genomu bogaty w geny a sekwencjami chromosomów soi. Książkiewicz i in., *BMC Genomics* 2013, 14:79

Zespół Genomiki Porównawczej Roślin Strączkowych



Lider: dr Magdalena Gawłowska

Skład: prof. dr hab. Wojciech Świącicki, prof. dr hab. Wojciech Rybiński, dr Magdalena Kroc, mgr inż. Barbara Górynowicz, mgr Katarzyna Kamel, mgr Michał Knopkiewicz, mgr Mateusz Wilczura, inż. Czesława Nawrot

Obiektami badawczymi są rośliny strączkowe, przede wszystkim groch, łubin i lędzian, jako źródło białka w żywieniu ludzi i zwierząt. Członkowie zespołu są kuratorami krajowych kolekcji tych gatunków i międzynarodowych baz danych. Prace Zespołu dotyczą mapowania genetycznego oraz poszukiwania loci cech użytkowych i ich markerów przydatnych w selekcji. Mapy wykorzystywane są w analizach porównawczych genomów gatunków z rodziny Fabaceae. Lokalizowane są zarówno nowe geny, selekcjonowane podczas badań zasobów kolekcyjnych, jak i loci cech ilościowych np. elementów struktury plonu, składu chemicznego nasion (w tym związki antyżywniowe – alkaloidy, oligosacharydy, β -ODAP), odporności na choroby (*Fusarium* spp., *Colletotrichum* spp., *Ascochyta* spp.) i przebiegu procesów fizjologicznych. W wytwarzanym materiale dąży się do piramidyacji genów cech użytkowych. W realizowanych projektach dotyczących identyfikacji i analizy funkcjonalnej genów cech użytkowych wykorzystuje się nowoczesne techniki np. sekwencjonowanie nowej generacji (RNA-seq) i real-time PCR.

Profil badawczy:

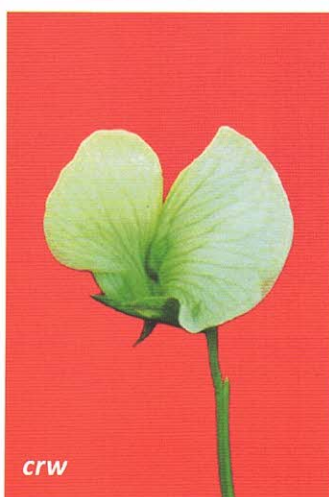
- analiza zmienności fenotypowej i molekularnej gatunków z rodzajów *Lathyrus*, *Lupinus* i *Pisum* w kolekcjach zasobów genowych,
- lokalizacja nowych genów i konstruowanie map genetycznych dla przedstawicieli *Lupinus* spp. i *Pisum* spp.,
- charakterystyka i mapowanie loci cech ilościowych u wybranych gatunków,
- mapowanie porównawcze genomów uprawnych roślin strączkowych z gatunkami modelowymi.

Metody:

- metody molekularne w grochu i łubinie, w tym RNA-seq i real-time PCR,
- analizy sprzężeń i crossing-over w mapowaniu genów i loci cech ilościowych,
- chromatografia gazowa w oznaczaniu zawartości alkaloidów,
- testy fitopatologiczne dla patogenów grzybowych,
- metody statystyczne w analizie korelacji cech plonotwórczych i warunków środowiska.

Wybrane publikacje:

- KNOPKIEWICZ M., GAWŁOWSKA M., ŚWIĘCICKI W. (2014). The application of High Resolution Melting in the Analysis of Simple Sequence Repeat and Single Nucleotide Polymorphism Markers in a Pea (*Pisum sativum* L.) Population. Czech J. Genet. Plant Breed., 50 (2): 151-156.
- KROC M., KOCZYK G., ŚWIĘCICKI W., KILIAN A., NELSON M.N. (2014). New evidence of ancestral polyploidy in the Genistoid legume *Lupinus angustifolius* L. (narrow-leaved lupin). TAG 127: 1237-1249.
- KRAJEWSKI P., BOCIANOWSKI J., GAWŁOWSKA M., KACZMAREK Z., PNIEWSKI T., ŚWIĘCICKI W., WOLKO B. (2012). QTL for yield components and protein content: a multienvironment study of two pea (*Pisum sativum* L.) populations. Euphytica 183: 323-336.
- ŚWIĘCICKI W.K., SURMA M., KOZIARA W., SKRZYPCZAK G., SZUKAŁA J., BARTKOWIAK-BRODA I., ZIMNY J., BANASZAK Z., MARCINIAK K. (2011). Nowoczesne technologie w produkcji roślinnej – przyjazne dla człowieka i środowiska. Polish J. Agron. 7: 102-112.
- SZOT B., RYBIŃSKI W. (2011). Plant physical characteristics in breeding and varietal evaluation. Encyclopedia of Agrophysics, (red. J. Gliński, J. Horabik i J. Lipiec). Springer, ISBN 978-90-481-3584-4, pp. 610-621.
- JING R., AMBROSE M.A., FLAVELL A.J., SMYKAL P., HYBL M., MONREAL Á.R., SALDANA C.C., DUC G., SOEST L.VAN, ŚWIĘCICKI W.K., PEREIRA G., VISHNYAKOVA M., ELLIS, T.H.N. (2010). Genetic Diversity in European *Pisum* Germplasm collections. Theor. Appl. Genet. 125: 368-380.
- NELSON M. N., MOOLHUIJZEN P. M., BOERSMA J. G., CHUDY M., LEŚNIEWSKA K., BELLGARD M., OLIVER R. P., ŚWIĘCICKI W., WOLKO B., COWLING W. A., ELLWOOD S.R. (2010). Aligning a new reference genetic map of *Lupinus angustifolius* L. with the genome sequence of the model legume, *Lotus japonicus*. DNA Res. 17(2): 73-83.



Fenotyp nowych genów zlokalizowanych na chromosomach *Pisum* (coch>het – heterofylus, And – Anthocyanin dots, fa2 – fasciata, crw – cream wings)

Zespół Genomiki Zbóż



Lider: prof. dr hab. Halina Wiśniewska

Skład: dr inż. Michał Kwiatek, mgr Maciej Majka (doktorant), mgr inż. Jolanta Belter, Grażyna Cicha, Joanna Maszner

Zespół zajmuje się teoretycznymi i praktycznymi aspektami tworzenia mieszańców międzygatunkowych i międzyrodzajowych zbóż, jak również form substytucyjnych, substytucyjno-translokacyjnych i introgresywnych w obrębie pszenżyta (*X Triticosecale*), pszenicy (*Triticum aestivum*) oraz żyta (*Secale cereale*). Celem badań jest poznanie struktury genomu uprawnych form wymienionych gatunków zbóż oraz mieszańców międzyrodzajowych tych form z gatunkami dzikimi, takimi jak: kozińce (*Aegilops* spp.) i perz (*Agropyron* spp.). Głównymi kierunkami prowadzonych prac są: (i) porównanie struktury genomów wchodzących w skład pszenicy, pszenżyta oraz żyta; (ii) poznanie procesu ewolucji genomów wybranych gatunków plemienia *Triticeae* oraz (iii) określenie organizacji strukturalnej miejsc translokacji chromosomowych. Badania koncentrują się również nad poszerzeniem zmienności genetycznej wymienionych gatunków zbóż poprzez introgresję nowych genów istotnych dla procesu doskonalenia wartości użytkowej oraz tolerancji na biotyczne i abiotyczne czynniki środowiska.

Profil badawczy:

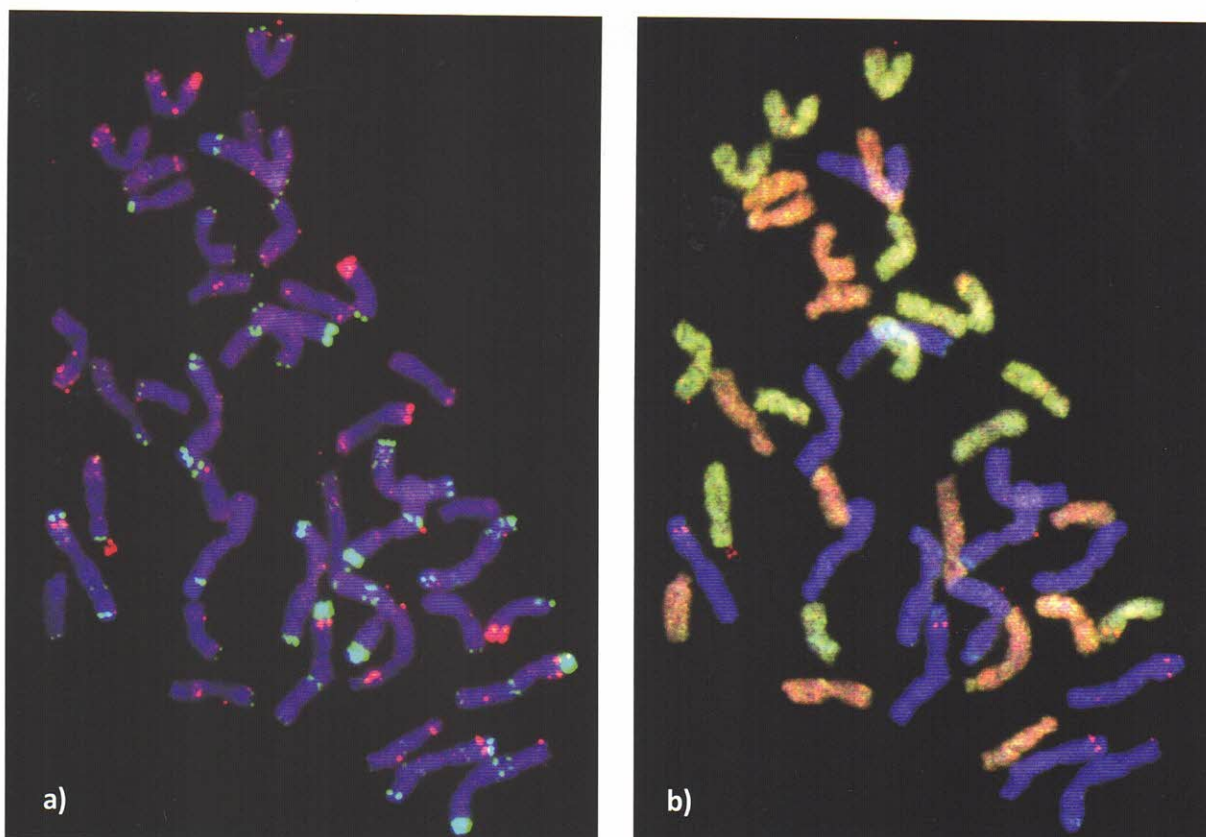
- badania nad introgresją genów odporności na grzyby patogeniczne pochodzących z gatunków *Aegilops* spp. i *Agropyron* spp. do pszenicy i pszenżyta,
- analiza struktury chromosomów gatunków z rodzaju *Aegilops*,
- badanie syntezy, stabilności cytogenetycznej i składu wtórnych form pszeniczno-żytnich z introgresją chromatyny *Triticum monococcum*,
- identyfikacja molekularna genów odporności na rdzę brunatną, mączniaka prawdziwego i faliwość podstawy źdźbła u pszenicy i pszenżyta,
- poszukiwanie, tworzenie, ocena i gromadzenie źródeł odporności na fuzariozę kłosów u pszenicy i pszenżyta.

Metody:

- metody cytogenetyki molekularnej (GISH, FISH),
- markery molekularne (SRR, STS) i izoenzymatyczne (endopeptydazy),
- kultury pylnikowe,
- klonowanie w wektorach plazmidowych,
- testy inokulacyjne w warunkach polowych i ocena badanych genotypów (markery fenotypowe).

Wybrane publikacje:

- WIŚNIEWSKA H., KWIATEK M., KULAK-KSIĄŻCZYK S., APOLINARSKA B. (2013). Introgression of A- and B-genome chromatin into tetraploid rye (*Secale cereale* L.). *J. Appl. Genet.* 34: 435-440.
- SALMANOWICZ B.P., LANGNER M., WIŚNIEWSKA H., APOLINARSKA B., KWIATEK M., BŁASZCZYK L. (2013). The molecular, physicochemical and rheological characteristics of introgressive *Triticale/Triticum monococcum* ssp. *monococcum* lines with a wheat 1D/1A chromosome substitution. *Int. J. Mol. Sci.* 14: 15595-15614.
- KWIATEK M., WIŚNIEWSKA H., APOLINARSKA B. (2013). Cytogenetic analysis of *Aegilops* chromosomes, potentially usable in triticale (*X Triticosecale* Witt.) breeding. *J. Appl. Genet.* 54: 147-155.
- GÓRAL T., WIŚNIEWSKA H., OCHODZKI P., WALENTYN-GÓRAL D., KWIATEK M. (2013). Reaction of winter triticale breeding lines to *Fusarium* head blight and accumulation of *Fusarium* metabolites in grain in two environments under drought conditions. *Cereal Res. Commun.* 41: 106-115.
- KWIATEK M., BŁASZCZYK L., WIŚNIEWSKA H., APOLINARSKA B. (2012). *Aegilops-Secale* amphiploids: chromosome categorisation, pollen viability and identification of fungal disease resistance genes. *J. Appl. Genet.* 53: 37-40.
- KSIĄŻCZYK T., APOLINARSKA B., KULAK-KSIĄŻCZYK S., WIŚNIEWSKA H., STOJAŁOWSKI S., ŁAPIŃSKI M. (2011). Identification of the chromosome complement and the spontaneous 1R/1V translocations in allotetraploid *Secale cereale* × *Dasyphyrum villosum* hybrids through cytogenetic approaches. *J. Appl. Genet.* 52: 305-391.



Chromosomy mitotyczne roślin mieszańcowych *Ae. ovata* × *S. cereale* badane metodą (a) FISH z sondami pSc119.2 (kolor zielony) i pAs1 (kolor czerwony) oraz (b) mcGISH pozwalającą wyróżnić genomy: U (kolor czerwony), M (kolor zielony) i R (kolor niebieski)

ŚRODOWISKOWE STUDIUM DOKTORANCKIE

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk jest członkiem Konsorcjum Placówek Naukowych Polskiej Akademii Nauk Środowiska poznańskiego, które wspólnie prowadzi Środowiskowe Studium Doktoranckie, afiliowane przy Instytucie Chemii

Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk. W Instytucie prace doktorskie realizuje 15-20 doktorantów. Co roku 3-4 doktorantów uzyskuje stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie agronomia.



Doktoranci: Joanna Ceraży, Joanna Chojnicka, Agata Cieśla, Jagoda Czarnecka, Marcin Czyż, Mariusz Czyżniejewski, Sławomir Franaszek, Mariusz Majka, Karolina Malec, Dawid Perlikowski, Marcin Pyrski, Sandra Rychel, Paweł Serbiak, Judyta Strakowska, Anna Szczepaniak, Monika Urbaniak, Katarzyna Wyrwa

ADMINISTRACJA

Sekretariat



Sekretariat dyrektora: mgr Joanna Klaus
Sekretariat naukowy: dr Anna Stachowiak-Szrejbrowska
Kadry: Magdalena Błoch-Przybylska
Zamówienia publiczne: mgr Małgorzata Abramczyk

Dział finansowo-księgowy



Główna księgowa: mgr Bogumiła Szymańska
Skład: mgr Aneta Gaczyńska, mgr Mirosława Kozak, mgr inż. Anna Wojciechowska, Dorota Biernat, Urszula Zawal

Dział gospodarczo-techniczny



Kierownik: Andrzej Giełda

Skład: mgr Anna Galińska, Bogdan Kłós, Tomasz Krysiak, Jan Piechowiak, Ewa Soból, Paweł Szczepaniak

Pole doświadczalne w Cerekwicy



Kierownik: Maria Paczkowska

Skład: Alicja Bartnik, Agnieszka Cofta, Waldemar Kryk

Dział zaopatrzenia



Kierownik: Krzysztof Kobla

Skład: mgr inż. Olgierd Reimann, Marek Kniat, Krystyna Knychala, Jolanta Roszyk, Barbara Skrzypczak, Regina Witkowska

Biblioteka

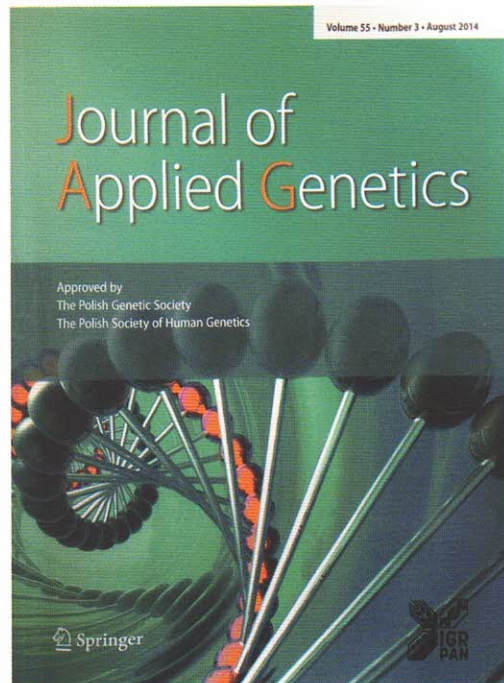


Kierownik: mgr Barbara Sadowska

Skład: Violetta Kędzierska

WYDAWNICTWO

W 1960 roku Profesor Stefan Barbacki założył, przy ówczesnym Zakładzie Hodowli Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu, pierwsze polskie czasopismo genetyczne wydawane w języku angielskim - *Genetica Polonica*. Do roku 1964 było ono poświęcone wyłącznie problematyce roślinnej. W 1995 roku czasopismo zmieniło nazwę na *Journal of Applied Genetics (JAG)*. W 2004 roku dyrekcja Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk – właściciela czasopisma – podpisała z Zarządkiem Polskiego Towarzystwa Genetycznego oraz Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka porozumienie o współpracy a na okładce czasopisma od nr 3/2004 r. pojawiła się informacja, że jest ono popierane przez oba Towarzystwa. Od 2011 roku czasopismo wydawane jest na platformie niemieckiego wydawnictwa Springer. Dzięki staraniom profesora Marka Świtońskiego, redaktora naczelnego JAG od 2000 roku, oraz redaktorów działowych czasopismo wypracowało współczynnik wpływu (IF) wynoszący za 2013 rok 1,902.



Dostęp on-line przez Wirtualną Bibliotekę Nauki
<http://wbn.edu.pl/index-springer.html> lub
<http://www.springer.com/life+sciences/journal/13353>

LOKALNY PUNKT KONTAKTOWY DS. PROGRAMÓW RAMOWYCH UNII EUROPEJSKIEJ

Lokalny Punkt Kontaktowy ds. Programów Ramowych Unii Europejskiej działa w IGR PAN od 1 stycznia 2013 roku. Punkt prowadzony jest przez Sekretarza Naukowego IGR PAN – dr Annę Stachowiak-Szrejbrońską. Należy on do sieci 12 punktów kontaktowych, działających w głównych jednostkach naukowo-badawczych na terenie Wielkopolski i Ziemi Lubuskiej, koordynowanych przez Regionalny Punkt Kontaktowy ds. Programów Ramowych UE. Celem LPK jest prowadzenie działań informacyjno-szkoleniowych na rzecz zwiększenia uczestnictwa w 7. Programie Ramowym (2007-2013) i Horyzoncie 2020 (2014-2020). Własne doświadczenie w pozyskiwaniu i realizowaniu projektów współfinansowanych

ze środków Unii Europejskiej oraz indywidualna analiza poszczególnych przypadków pozwala skutecznie pomagać naukowcom w pozyskiwaniu środków unijnych na prowadzenie badań naukowych.



SUKCESY INSTYTUTU GENETYKI ROŚLIN PAN

Utworzenie Zakładu Zintegrowanej Biologii Roślin

W lutym 2014 roku Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu podpisał z Komisją Europejską umowę na realizację 5-letniego projektu dotyczącego utworzenia Katedry Europejskiej Przestrzeni Badawczej. Projekt zatytułowany „The creation of the Department of Integrative Plant Biology” (Utworzenie Zakładu Zintegrowanej Biologii Roślin, akronim BIO-TALENT) finansowany jest w ramach pilotażowego konkursu 7. Programu Ramowego (FP7-ERA Chairs-Pilot Call-2013). Jest to jedyny tego typu projekt w Polsce.

Projekt finansuje zatrudnienie wybitnego naukowca (ERA Chair holder) wraz z międzynarodowym zespołem. Celem projektu jest podniesienie poziomu naukowego oraz zwiększenie intensywności współpracy międzynarodowej i międzysektorowej, a zatem poprawa widoczności Instytutu zarówno w kraju, jak też za granicą.

W Zakładzie Zintegrowanej Biologii Roślin zatrudnionych będzie 8 osób: kierownik, 4 naukowców na różnych etapach kariery naukowej oraz 2 doktorantów, z których co najmniej jeden będzie wykonywał badania w formie doktoratu przemysłowego. Ponadto przez trzy ostatnie lata trwania projektu zatrudniony zostanie broker innowacji, którego zadaniem, będzie pomoc w komercjalizacji wyników badań uzyskanych przez pracowników Instytutu.

Budżet projektu: 2 396 248 Euro

Wkład Unii Europejskiej: 1 935 839 Euro

Główne cele projektu:

- aktualizacja polityki w dziedzinie badań i współpracy wewnętrznej i zewnętrznej;
- inwestycja w kapitał ludzki poprzez zatrudnianie doświadczonych naukowców i tworzenie nowej generacji europejskich naukowców;

Projekt POLAPGEN-BD

Instytut Genetyki Roślin Polskiej PAN jest koordynatorem projektu POLAPGEN-BD realizowanego przez konsorcjum, w skład którego wchodzi 10 jednostek naukowych oraz dwie firmy hodowlane. Projekt finansowany jest w ramach Działania 1.3, poddziałania 1.3.1 Programu Operacyjnego Innowacyjna Gospodarka 2007-2013, w obszarze tematycznym „Postęp

- wzmocnienie doskonałości naukowej;
- poprawienie zdolności do prowadzenia nowoczesnych badań poprzez zakup najnowszych urządzeń i oprogramowania;
- zwiększenie widoczności Instytutu oraz współpracy międzynarodowej i międzysektorowej;
- zwiększenie współczynnika sukcesu w uzyskiwaniu projektów finansowanych w ramach programu „Horizont 2020”.

Główne cele projektu BIO-TALENT będą realizowane przez następujące cele szczegółowe:

- poprawa organizacji badań i zarządzania nimi;
- wzmocnienie kapitału ludzkiego;
- podniesienie kompetencji naukowych kadry IGR PAN;
- skuteczne wprowadzenie w życie interdyscyplinarnego podejścia do badań naukowych;
- stworzenie silnej sieci powiązań z najlepszymi ośrodkami naukowymi w kraju i na świecie;
- podjęcie współpracy z partnerami z sektora publicznego;
- organizacja seminariów i spotkań dla szerokiego zakresu odbiorców (naukowcy, hodowcy, przedstawiciele przemysłu, władze regionalne);
- lepsza integracja z Europejską Przestrzenią Badawczą poprzez wzmocnienie istniejących powiązań oraz nawiązanie nowych kontaktów z wiodącymi Europejskimi ośrodkami prowadzącymi badania z zakresu genetyki i genomiki roślin, odporności na stresy oraz bioinformatyki;
- zwiększenie uczestnictwa Instytutu w projektach konsorcjalnych finansowanych ze środków Unii Europejskiej.

biologiczny w rolnictwie i ochrona środowiska”. Idea projektu powstała w wyniku wielu dyskusji z naukowcami i hodowcami na temat obserwowanego coraz większego przesuszenia środowiska przyrodniczego w Polsce, szczególnie na Niżu Polskim, co przejawia się coraz większymi deficytami wody w glebie. Przedmiotem projektu jest zatem odporność zbóż na suszę,

a jego głównym celem – dostarczenie narzędzi, które umożliwiłyby prowadzenie hodowli w kierunku form odpornych na niedobór wody, co w konsekwencji powinno doprowadzić do przyspieszenia postępu biologicznego w rolnictwie i zwiększenia konkurencyjności polskich firm hodowlanych. Prowadzone w ramach projektu badania i powstałe w ich wyniku opracowania dotyczą głównie jęczmienia jarego, który ma największe znaczenie wśród zbóż jarych. Podstawą do opracowania nowych narzędzi biotechnologicznych dla hodowli była zarówno wiedza już posiadana, jak i zdobywana w trakcie realizacji projektu, dotycząca kształtowania się cech morfologicznych, anatomicznych, fizycznych i fizjologicznych u roślin jęczmienia jarego rosnących w warunkach kontrolnych i poddanych stresowi suszy, w powiązaniu z analizą odpowiedzi roślin na stres suszy na poziomie molekularnym. Ponadto utworzony został katalog form jęczmienia (odmian i linii mogących stanowić materiał wyjściowy do hodowli), zawierający informacje o cechach, genach i parametrach determinujących odporność na suszę.

W wyniku realizacji projektu POLAPGEN-BD Instytut Genetyki Roślin PAN został laureatem programu Symbol 2013 prowadzonego przez redakcję Monitora Rynkowego w Dzienniku Gazeta Prawna i otrzymał tytuł oraz certyfikat Euro Symbolu Innowacji 2013.



System Prognozowania Epidemii Chorób (SPEC)

W 1998 roku, w ramach projektu IMASCO-RE, finansowanego przez Komisję Europejską w 4. Programie Ramowym, zespół z Pracowni Genetyki Odporności IGR PAN, tworzący obecnie Zespół Fitopatologii Molekularnej, zakupił pułapkę wolumetryczną typu Hirsta. Od tego czasu w IGR PAN prowadzone są badania dotyczące terminu i stężenia zarodników grzybów rodzaju *Leptosphaeria* wywołujących suchą zgnilizną kapustnych u rzepaku. Badania z zakresu epidemiologii zostały po siedmiu latach wdrożone do praktyki rolniczej w formie Systemu Prognozowania Epidemii Chorób (SPEC). Jest to pierwsze w Polsce, systematycznie wykonywane badanie stężenia zarodników grzybów *L. maculans* i *L. biglobosa* w powietrzu, w różnych regionach geograficznych kraju. Monitoring prowadzony jest co roku, w okresie największego zagrożenia chorobowego, tj. wiosną od początku marca do końca maja oraz jesienią od początku września do końca listopada. System działa nieprzerwanie od września 2004



roku i obejmuje obszar całej Polski. Celem systemu jest wspomaganie rolników w podejmowaniu decyzji dotyczącej ochrony chemicznej rzepaku ozimego przed suchą zgnilizną kapustnych oraz optymalizacja zabiegów fungicydowych w tej uprawie. Informacje o obecności i stężeniu inokulum pierwotnego patogenów służą wspieraniu decyzji o ochronie roślin, poprzez zalecanie terminu zastosowania zabiegów w zależności od ryzyka porażenia roślin, uwarunkowanego obecnością i stężeniem zarodników. Monitoring aerobiologiczny prowadzony jest obecnie w dziewięciu punktach badawczych znajdujących się w różnych regionach uprawy rzepaku w Polsce. Aktualne dane są bezpłatnie przekazywane rolnikom.

Koszty działania systemu ponosi komercyjna firma DuPont Poland, która wraz z IGR PAN jest współwłaścicielem całego Systemu, a także znaku towarowego SPEC, zastrzeżonego od 2013 roku na terenie Polski oraz całej Unii Europejskiej.

System SPEC kierowany jest przede wszystkim do rolników oraz służb państwowych i firm zajmujących się doradztwem rolniczym, a także do dystrybutorów środków ochrony roślin i innych osób działających w sektorze rolniczym. Wyniki badań przekazywane są za pomocą edukacyjnej strony internetowej (www.spec.edu.pl) i komercyjnej strony internetowej (www.dupont.pl), a także za pośrednictwem poczty elektronicznej i wiadomości tekstowych SMS. Prognozy oraz dane podsumowujące upływający sezon są także prezentowane w prasie rolniczej. Do września 2014 roku na edukacyjną stronę internetową systemu SPEC odnotowano ponad 33 tys. wejść. Strona ta jest

dostępna w dziesięciu językach europejskich (polski, angielski, niemiecki, francuski, rosyjski, ukraiński, białoruski, litewski, szwedzki oraz czeski), a także w j. chińskim. Na komercyjną podstronę SPEC na stronie firmy DuPont odnotowano 82 tys. wejść. Do rolników, producentów rzepaku, dystrybutorów środków ochrony roślin oraz doradców rolnych i innych osób zainteresowanych wynikami badań wysłano około 55 tys. wiadomości email oraz prawie 87 tys. wiadomości tekstowych SMS zawierających komunikaty o aktualnym stężeniu inokulum patogenów w powietrzu danego regionu. Z rolnikami nawiązywany jest także kontakt bezpośredni na targach branżowych oraz Dniach Pola. Obok dwóch systemów działających w USA, SPEC jest na świecie trzecim co do wielkości systemem wspierania decyzji, wykorzystującym metody aerobiologiczne. W 2013 roku uzyskał wyróżnienie Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi.

Human Resources Excellence in Research

W dniu 20 stycznia 2014 r. Instytut Genetyki Roślin PAN został wyróżniony przez Komisję Europejską prestiżowym znakiem „Human Resources Excellence in Research” (HR Excellence in Research). Wyróżnienie to oznacza, iż Instytut spełnia zalecenia zawarte w Europejskiej Karcie Naukowca oraz Kodeksie postępowania przy rekrutacji pracowników naukowych (tzw. Karta i Kodeks).

Karta opisuje prawa, zakres obowiązków i uprawnienia jakim podlegają naukowcy, jak również zatrudniające ich instytucje oraz podmioty zapewniające środki na finansowanie badań naukowych. Natomiast Kodeks reguluje zasady rekrutacji pracowników, których instytucje powinny przestrzegać, zapewniając równe traktowanie wszystkich pracowników.

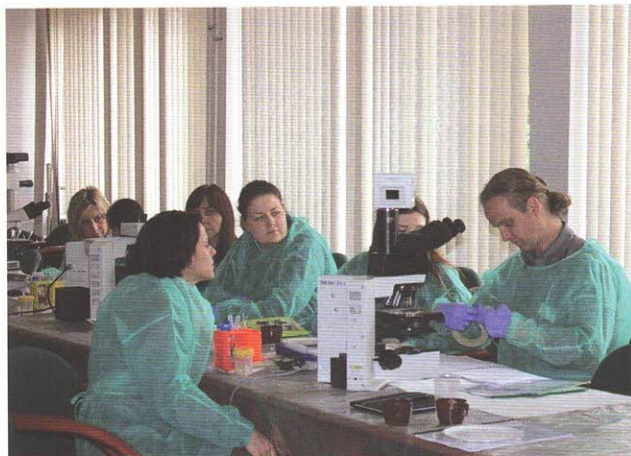
Przyznawanie znaku HR Excellence in Research jest jednym z działań Komisji Europejskiej w ramach strategii Human Resources Strategy for Researchers, skierowanej na zwiększanie atrakcyjności warunków pracy naukowców w Unii Europejskiej. Komisja Europejska promuje takie instytucje wśród środowiska

naukowego, które zapewniają naukowcom najlepsze warunki pracy i rozwoju. Dotychczas prawo do wykonywania znaku HR Excellence in Research Komisja Europejska przyznała 170 instytucjom naukowym z 23 krajów w Europie, w tym w Polsce – Fundacji na Rzecz Nauki Polskiej, Instytutowi Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN oraz Międzynarodowemu Instytutowi Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie.



HR EXCELLENCE IN RESEARCH

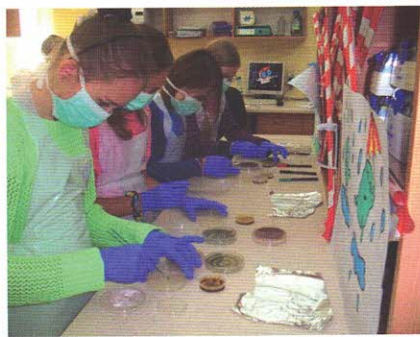
DZIAŁALNOŚĆ PROMUJĄCA NAUKĘ



Warsztaty Mykologiczne, 12-14 marca 2013



Warsztaty Mykologiczne, 18 lutego 2014



Międzynarodowy Dzień Fascynującego Świata Roślin, 15-16 maja 2013



Noc Biologów, 10 stycznia 2014





Noc Biologów, 10 stycznia 2014

LISTA KONTAKTOWA

Nazwisko i Imię	Numer telefonu po dodaniu prefiksu (+48 61) 6550	Adres e-mail
Abramczyk Małgorzata	282	mabr@igr.poznan.pl
Adamski Tadeusz	270, 221	tada@igr.poznan.pl
Anioła Alina	221, 239	aani@igr.poznan.pl
Augustyniak Adam	214	–
Babula-Skowrońska Danuta	214, 237	dbab@igr.poznan.pl
Beczek Katarzyna	272	–
Belter Jolanta	244	–
Biegańska Magdalena	254, 218	mbie@igr.poznan.pl
Bielski Wojciech	245	–
Biernat Dorota	257	dbie@igr.poznan.pl
Błaszczyk Lidia	279, 219	lgol@igr.poznan.pl
Błoch-Przybylska Magdalena	258	mblo@igr.poznan.pl
Borucka Bernadeta	302	bbor@igr.poznan.pl
Cerazy Joanna	256	jcer@igr.poznan.pl
Chełkowski Jerzy	286	jche@igr.poznan.pl
Chojnicka Joanna	276	jcho@igr.poznan.pl
Cicha Grażyna	244	–
Czarnecka Jagoda	218	jcza@igr.poznan.pl
Czyż Marcin	251	mczy@igr.poznan.pl
Czyżniewski Mariusz	254	mczyz@igr.poznan.pl
Ćwiek Hanna	234	hcwi@igr.poznan.pl
Dawidziuk Adam	217	adaw@igr.poznan.pl
Dziubałka Magdalena	272	mdzi@igr.poznan.pl
Fedorowicz-Strońska Olga	214	ofed@igr.poznan.pl
Franaszek Sławomir	226	sfra@igr.poznan.pl
Frohberg Wojciech	234	–
Gaczyńska Aneta	261	agac@igr.poznan.pl
Galińska Anna	208	–
Gawłowska Magdalena	291, 203	mgaw@igr.poznan.pl
Giełda Andrzej	280	agie@igr.poznan.pl
Głowacka Katarzyna	256	kglo@igr.poznan.pl
Górna Karolina	219	kwil@igr.poznan.pl
Górny Andrzej	273, 272	agor@igr.poznan.pl
Górynowicz Barbara	291	bgom@igr.poznan.pl
Gruszczyński Zbigniew	243	zbigniewgru@interia.pl
Holewińska Renata	221, 239	rhol@igr.poznan.pl
Irzykowski Witold	229, 248	wirz@igr.poznan.pl
Jaszczyk Wojciech	284	wjas@igr.poznan.pl
Jeżowski Stanisław	240	sjez@igr.poznan.pl
Jędrzycka Małgorzata	248	mjed@igr.poznan.pl
Kachlicki Piotr	264	pkac@igr.poznan.pl
Kaczmarek Joanna	248	jkac@igr.poznan.pl
Kaczmarek Małgorzata	214, 237	mrum@igr.poznan.pl
Kaczmarek Zbigniew	287	zkacz@igr.poznan.pl
Kaczmarek Zygmunt	267	zkac@igr.poznan.pl
Kalemba Barbara	254	–

Nazwisko i Imię	Numer telefonu po dodaniu prefiksu (+48 61) 6550	Adres e-mail
Kamel Katarzyna	291, 203	kkam@igr.poznan.pl
Kędzierska Violetta	213, 206	–
Kiełbowicz-Matuk Agnieszka	218	akie@igr.poznan.pl
Kiziak Paulina	291, 203	–
Klaus Joanna	255	office@igr.poznan.pl
Kłós Bogdan	207	–
Kniat Marek	210, 200	–
Knopkiewicz Michał	292, 203	mkno@igr.poznan.pl
Knychąła Krystyna	215	–
Kobla Krzysztof	262	kkob@igr.poznan.pl
Koczyk Grzegorz	290	gkoc@igr.poznan.pl
Kosmala Arkadiusz	285	akos@igr.poznan.pl
Kozak Mirosława	295	–
Krajewski Paweł	238	pkra@igr.poznan.pl
Kroc Magdalena	291, 203	mkro@igr.poznan.pl
Krysiak Tomasz	208	–
Krystkowiak Karolina	224, 289	kkry@igr.poznan.pl
Książczyk Tomasz	293	tksi@igr.poznan.pl
Książkiewicz Michał	245	mksi@igr.poznan.pl
Kuczyńska Anetta	224, 289	akuc@igr.poznan.pl
Kwasizur Anna	282	akwa@igr.poznan.pl
Kwiatek Michał	220	mkwi@igr.poznan.pl
Langner Monika	226, 265	mlan@igr.poznan.pl
Majka Maciej	220	mmaj@igr.poznan.pl
Malec Karolina	251	kmal@igr.poznan.pl
Markiewicz Augustyn	–	amark@up.poznan.pl
Maszner Joanna	294	–
Mikołajczak Krzysztof	246	kmik@igr.poznan.pl
Mikulski Wojciech	263	–
Naganowska Barbara	231	bnag@igr.poznan.pl
Nawrot Czesława	253, 292	cnaw@igr.poznan.pl
Ogrodowicz Piotr	246	pogr@igr.poznan.pl
Ornatowski Szymon	256	sornatow@gmail.com
Pawłowicz Izabela	288	ipaw@igr.poznan.pl
Perlikowski Dawid	276	dper@igr.poznan.pl
Piasecka Anna	254	akar@igr.poznan.pl
Piechowiak Jan	208	–
Pniewski Tomasz	251	tpni@igr.poznan.pl
Popiel Delfina	217	dpop@igr.poznan.pl
Pudelska Hanna	222, 236	hpud@igr.poznan.pl
Pyrski Marcin	251	mpyr@igr.poznan.pl
Ratajczak Dominika	272	dwas@igr.poznan.pl
Reimann Olgierd	243	orei@igr.poznan.pl
Rorat Tadeusz	216	tror@igr.poznan.pl
Roszyk Jolanta	215	–
Rybiński Wojciech	252	wryb@igr.poznan.pl

Nazwisko i Imię	Numer telefonu po dodaniu prefiksu (+48 61) 6550	Adres e-mail
Rychel Sandra	245	sryc@igr.poznan.pl
Sadowska Barbara	213	library@igr.poznan.pl
Salmanowicz Bolesław	232	bsal@igr.poznan.pl
Sawikowska Aneta	223	asaw@igr.poznan.pl
Serbiak Paweł	233	pser@igr.poznan.pl
Skrzypczak Barbara	210, 215	–
Stachowiak-Szrejbrowska Anna	228	asta@igr.poznan.pl
Strakowska Judyta	279	jstr@igr.poznan.pl
Soból Ewa	208	–
Stasiak Joanna	302	polapgen@igr.poznan.pl
Stępień Łukasz	219, 279	lste@igr.poznan.pl
Surma Maria	241	msur@igr.poznan.pl
Susek Karolina	228	ksus@igr.poznan.pl
Szczepaniak Anna	245	aszc@igr.poznan.pl
Szczepaniak Paweł	208	–
Szcześniak Teresa	251	–
Szefler-Piątka Romana	215	–
Szymańska Bogumiła	259	bszy@igr.poznan.pl
Ślusarkiewicz-Jarzina Aurelia	236, 222	ajar@igr.poznan.pl
Święcicki Wojciech	263	wswi@igr.poznan.pl
Tomaszewska Magdalena	272	–
Trzeciak Renata	221, 239	rtrz@igr.poznan.pl
Urbaniak Monika	219	murb@igr.poznan.pl
Wawrzyniak Romana	247	–
Wilczura Mateusz	291, 203	mwil@igr.poznan.pl
Wiśniewska Halina	235	hwis@igr.poznan.pl
Witkowska Regina	215	–
Właszczuk Magdalena	247	–
Wojciechowska Anna	212	awoj@igr.poznan.pl
Wolko Bogdan	255, 225	bwol@igr.poznan.pl
Wyrwa Katarzyna	245	kwyr@igr.poznan.pl
Zawal Urszula	261	uzaw@igr.poznan.pl
Zisis Dimitrios	234	dzis@igr.poznan.pl
Zwierzykowski Włodzimierz	293	wzwi@igr.poznan.pl
Zwierzykowski Zbigniew	230	zzwi@igr.poznan.pl
Centrala	200, 210	
Pole Doświadczalne w Cerekwicy	61 8144941	
Biblioteka	213	
Czytelnia	204	



Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk

ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

tel. (+48 61) 65 50 200, 65 50 255

faks (+48 61) 65 50 301

e-mail: office@igr.poznan.pl

www.igr.poznan.pl

ISBN 978-83-64246-22-7